

Scientific research Article / tutkimus; **N- haploryhmä Kiinan kautta mm. Pohjois-Eurooppaan ja Suomeen**, jossa suurin esiintymistiheys n. 60%(yDNA).

Suomensukuisten kantaisien **N1c mutaatio (TaT M46) + autosomaliset muutokset 30.000 /34.000 - 14,000 eaa.** (migraatiota mm. Amerikan mantereelle).

Teksti google käänös, lisäykset + tulkinnat Seppo Liukko 21.06.2013 .

Pages 1 / 20

N- haploryhmä Kiinan kautta mm. Eurooppaan ja Suomeen jossa suurin esiintymistiheys (miestn yDNA)

N1c mutaatio (TaT M46) +autosomaliset muutokset

Siperian 30.000 /34.000 - 14,000 eaa. aikana
(migraatiota mm. Amerikan mantereelle)

Suomensukuisten heimojen alku N1C

N1C - ajoitus 12.000 -14.000 eaa.

N1c periytyy N-M231 * ja N1-LYY22g jopa 25.000 eaa. ajoilta Kiina- Siperia

ks. [Seppo Liukko omat STR+SNPs](#)

KARTTA +TUTKIMUS: N –Ryhmä Aasiasta Siperiaan, Eurooppaan, SUOMEEN ja Baltiaan ja sieltä myöhempää siirtymää mm. Ruotsiin ja Saksaan jne.

Lähde /Souce.

http://translate.googleusercontent.com/translate_c?depth=1&hl=fi&rurl=translate.google.fi&sl=ru&tl=fi&u=http://forum.molgen.org/index.php/topic,5771.msg189510.html%3FPHPSESSID%3Dktj28hp08fomca747g3g273eb1&usg=ALkJrhjen5CzACH5i9-Iq1OICvsap4AhQ#new

Google käänös □

[Nimissin](#) ✎

[Genetic Näyttö Itä-Aasian Alkuperä ja kivikauden Northward Migration](#)

«: 20.6.2013 kello 07:58:57» Artikla ryhmä kiinalaisia Tekijät Genetic Näyttö Itä-Aasian **Alkuperä ja kivikauden Pohjoiseen muutto Y-kromosomi Haplogroup N julkaisu:**

<http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0066102>

Plussat. Suuri maantieteellinen kattavuus. Suuri otos n = 360. Miinukset. STR haplotypes bikini-muodossa (7 loci). Käyttö laskelmien TMRCA "väestö-nopeus" mutaatioita 0,00069 **mitätöi aikajärjestyksessä päätelmät** (ks. SL- Seppo Liukko tarkentavat mm. ikäämisperusteiden lisäykset).

TUTKIMUS ARTIKLA

Genetic Näyttö Itä-Aasian Alkuperä ja kivikauden Pohjoiseen muutto Y-kromosomi Haplogroup N
(HUOM. lisäykset / kommentit Seppo Liukko 21.6.2013)

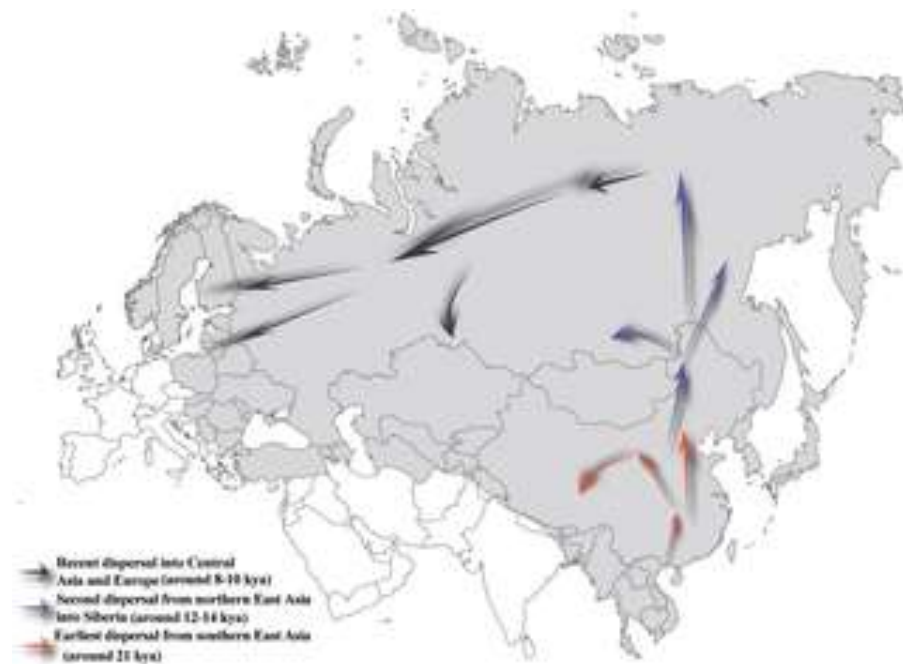
Scientific research Article / tutkimus; **N- haploryhmä Kiinan kautta mm. Pohjois-Eurooppaan ja Suomeen**, jossa suurin esiintymistiheys n. 60%(yDNA).

Suomensukuisten kantaisien **N1c mutaatio (TaT M46) + autosomaliset muutokset 30.000 /34.000 - 14,000 eaa.** (migraatiota mm. Amerikan mantereelle).

Teksti google käännös, lisäykset + tulkinnat Seppo Liukko 21.06.2013 .

Pages 2 / 20

ks. No > N-ryhmän leviämiskartta ko. tutkimuksen perusteella



Abstrakti

Y-kromosomi Haploryhmä N-M231 (Hg N) jaetaan laajalti Itä- ja Keski-Aasiassa, Siperiassa, sekä Itä- ja Pohjois-Euroopassa.

Aiemmat tutkimukset ehdotti vastapäivään esihistoriallisia muuttoliike Hg N Itä-Aasiasta Itä- ja Pohjois-Euroopassa. Kuitenkin juuri tämän Y-kromosomin linjaa ja sen yksityiskohtainen leviämistä rakenteessa koko Itä-Aasia ovat vielä epäselviä. Analysoimme Haploryhmä profiileja ja phylogeographic malleja 1570 Hg N yksilöitä 20826 miehillä 359 väestön koko Euraasiassa. Ensin genotyyppi 6371 urokset 169 väestön Kiinassa ja Kambodžassa, ja kertyviä tietoja 360 Hg N yksilöitä, ja yhdistää sitten julkaistua tietoa 1210 Hg N yksilöitä Japani, Kaakkois-Aasian, Siperian, Euroopan ja Keski-Aasian väestöstä.

Tulokset osoittivat, että osa-haplogroups Hg N on selvä maantieteellinen jakauma. Korkein Y-STR monimuotoisuus esi Hg N sub-haplogroups havaittiin eteläosassa Manner Itä-Aasiassa, ja edelleen phylogeographic analyysit tukee alkuperää Hg N Etelä-Kiinassa.

Yhdessä aiemmat tiedot, ehdotamme, että varhainen pohjoiseen leviämisen Hg N alkoi Etelä-Kiinassa noin 21000 vuotta sitten (KYA), laajenee Pohjois-Kiinassa 12-18 kya **ja saavuttaa edelleen pohjoiseen Siperiaan noin 12-14 kya ennen väestön kasvu ja länteen suuntautuvan Keski-Aasiaan ja Itä / Pohjois-Euroopassa noin 8,0-10,0 kya.**

Tämä pohjoiseen muutttoa Hg N myös sama vetäytyvät jäätiköiden jälkeen viimeisen jääkauden Suurin (22-18 kya) Manner-Aasiassa.

Scientific research Article / tutkimus; **N- haploryhmä Kiinan kautta mm. Pohjois-Eurooppaan ja Suomeen**, jossa suurin esiintymistiheys n. 60%(yDNA).

Suomensukuisten kantaisien **N1c mutaatio (TaT M46) + autosomaaliset muutokset 30.000 /34.000 - 14,000 eaa.** (migraatiota mm. Amerikan mantereelle).

Teksti google käänös, lisäykset + tulkinnat Seppo Liukko 21.06.2013 .

Pages 3 / 20

Lainaus: Shi H, Qi X, Zhong H, Peng Y, Zhang X, et al. (2013) Genetic Näyttö Itä-Aasian Alkuperä ja kivikauden Pohjoiseen muutto Y-kromosomi Haplogroup N. PLoS ONE 8 (6): e66102. doi: 10.1371/journal.pone.0066102

Editor: Toomas Kivisild, University of Cambridge, Iso-Britannia

Vastaanotettu: 03 maaliskuu 2013, **Hyväksytyt:** May 2, 2013 **Julkaistu:** 20 kesäkuu 2013

Copyright: © 2013 Shi et al. Tämä on avoin pääsy artikkeli jaettu ehtojen mukaisesti Creative Commons Nimeä-lisenssi, joka sallii vapaan käytön, jakelu, ja lisääntyminen tahansa mediassa, kunhan alkuperäinen tekijä ja lähde hyvitetään.

Rahoitus: Tämä tutkimus tukee National 973 Program Kiinan (2012CBA01303 HS; 2012CB518202 to XQ), National Natural Science Foundation of China (91131001 ja 31071101 HS, 91231203 BS) ja Natural Science Foundation of Yunnanin maakunnassa (2009CD107 ja 2010CI044 HS). Rahoittajat ei ollut roolia tutkimuksen suunnittelu, tietojen kerääminen ja analysointi, päätös julkaista tai valmistamista käsikirjoituksen.

Kilpailevat intressit: Kirjoittajat ovat ilmoittaneet, etteivät ole kilpailevia **intressejä** olemassa.

Käyttöönotto

Viime vuosina laajoja tutkimuksia Y-kromosomi suvusta Itä-Aasian väestö on tehty ja todettu, että määräävässä asemassa haplogroups O-M175, D-M174, C-M130, ja N-M231 Itä-Aasian väestöstä kaikilla on Etelä alkuperä [1] - [8] .

Nämä keskuudessa Aasian Y-kromosomi suvusta, D-M174 edustaa Ensimmäiset pohjoiseen muuttoliike, alkaen eteläosassa Itä-Aasiassa Mikä on nyt Manner Kaakkois-Aasiassa ja Etelä-Kiinassa noin 50-60 kya [5] .

Pohjoiseen muuttoa C-M130 tapahtui noin 40 kya jälkeen rannikko reitti ylös Manner-Kiinassa, sitten päästä edelleen pohjoiseen Siperiaan noin 15 kya ja lopulta tiensä Pohjois-Amerikkaan[8] - [11]

(SL-lisäys: yhdessä suomensukuisten yDNA N- ja mtDNA U- haploryhmien KANSSA).

Laajentuminen pohjoiseen O-M175 sisällä Aasian mantereella (noin 25-30 kya) teki suurimman vaikutuksen nykyisen Itä-Aasian Y kromosomi profiilit, heijastuu ylivoima O-M175 suvusta (vaihtelevat kaikkialla 18-75%) Itä- Aasiassa, ja sekä Manner ja saarella Kaakkois-Aasiassa [4] . HUOM mutaatio N- M231 + autosomal = suomensukuinen (SL- määritelmä)

Sitä vastoin N-M231, kuten sisar-haaran O-M175, on suhteellisesti vähemmän yleisiä Itä-Aasian väestön (keskimäärin noin 6%) (taulukko 1), mutta on paljon laajempi maantieteellinen jakautuminen Eurasia verrattuna muihin Y-kromosomi haplogroups [3] , [7] , [12] - [29] .

Scientific research Article / tutkimus; **N- haploryhmä Kiinan kautta mm. Pohjois-Eurooppaan ja Suomeen**, jossa suurin esiintymistiheys n. 60%(yDNA).

Suomensukuisten kantaisien **N1c mutaatio (TaT M46) + autosomaaliset muutokset 30.000 /34.000 - 14,000 eaa.** (migraatiota mm. Amerikan mantereelle).

Teksti google käänös, lisäykset + tulkinnat Seppo Liukko 21.06.2013 .

Pages 4 / 20

Rootsi et ai. (2007) ehdotti, että Hg N sukujuuret hajallaan Itä-Aasiasta Luoteis-Eurooppaan jälkeen vasta-myötäpäivään muuttoväylänä ja arveltu, että alkuperäinen kotimaa Hg N todennäköisesti jäljittää Kaakkois-Aasiassa, ja jakanut O-M175 noin 34 kya . Kuitenkin johtuen rajallinen väestön tutkittu N-M231 Itä-Aasian ja Kaakkois-Aasiassa, Hg N: n oletetun keskustassa alkuperä ja kronologia dispersals edelleen epäselvä.

Region	Populations	Size	N-M231	N%	References
Europe	South Europeans	1579	0	0	Rootsi,et al, 2007; Capelli,et al.2007; King,et al.2008; Martinez,et al.2007
	West Europeans	361	0	0	Rootsi,et al, 2007; Gusmao,et al.2008; Lopez-Parras,et al.2009
	North Europeans	3595	1267	35.24	Rootsi,et al, 2007; Mirabal,et al.2009; Balanovsk,et al.2008; Lappalainen, et al. 2006; 2008
	East Europeans	2508	510	20.33	Derenko,et al, 2007; Rootsi,et al, 2007
	Caucasus (pooled)	1404	3	0.21	Rootsi,et al, 2007
West Asia	Turks	523	20	3.82	Rootsi,et al, 2007
	Iranians	185	0	0	Derenko,et al, 2007; Rootsi, et al, 2007
	West Asians	668	23	3.44	Cinnioglu,et al.2004; Regueiro,et al.2006
North Asia	Siberians	3381	1294	38.27	Derenko,et al, 2007; Rootsi,et al, 2007; Sengupta,et al.2006; Hammer,et al.2006
Central Asia	Central Asians	824	53	6.43	Derenko,et al, 2007; Rootsi,et al, 2007; Zhong, et al. 2011
East Asia	Koreans	297	10	3.37	Hammer,et al.2006; Derenko,et al, 2007; Rootsi,et al, 2007; Zhong, et al. 2011; present study
	Japanese	877	16	1.82	Rootsi,et al, 2007; Hammer,et al.2006; Nonaka,et al.2007
	Altai (Northeastern China)	874	78	8.92	Hammer,et al.2006; Derenko,et al, 2007; Rootsi,et al, 2007; Zhong, et al. 2011; present study
	Altai (Northwestern China)	377	13	3.45	present study
	Tibetans	2459	147	5.98	Rootsi, et al, 2007; present study
	Northern Han	947	69	7.29	Rootsi,et al, 2007; Zhong, et al. 2011; present study
	Southern Han	1114	82	7.36	Hammer,et al.2006; Rootsi,et al, 2007; Zhong, et al. 2011; present study
	Taiwan Aborigines	139	1	0.72	Hammer,et al.2006; Rootsi,et al, 2007
	Taiwan Chinese	110	6	5.45	Rootsi,et al, 2007
	Tibeto-Burmans (Southwestern China)	409	57	13.94	Rootsi,et al, 2007; Zhong, et al. 2011; present study
	Hmong-Mieng (Southwestern China)	477	6	1.26	Rootsi,et al, 2007; Zhong, et al. 2011; present study
	Daic people (Southwestern China)	528	17	3.22	Rootsi,et al, 2007; Zhong, et al. 2011; present study
	Austro-Asiatic people (Southwestern China)	155	16	10.32	Zhong, et al. 2011; present study
	Southeast Asia	Cambodians	371	1	0.27
Laotians		803	4	0.50	Cai,et al, 2011; He,et al, 2012
Vietnamese		285	4	1.40	Rootsi,et al, 2007; He,et al, 2012
Thai		17	0	0	He,et al, 2012
Indonesian		2291	2	0.09	Rootsi,et al, 2007; Karafet,et al, 2010
Malaysians		72	0	0	Rootsi,et al, 2007; Karafet,et al, 2010
Filipinos		135	0	0	Rootsi,et al, 2007; Karafet,et al, 2010
Southeast Asians	230	3	1.30	Hammer,et al.2006	
South Asia	South Asians	2505	2	0.08	Rootsi,et al, 2007; Sengupta,et al.2006; Gayden,et al.2007
Oceania	Oceanians	646	0	0	Rootsi,et al, 2007

doi:10.1371/journal.pone.0066102.t001

Taulukko 1. Jakautuminen Hg N Euraasian väestön. doi: 10.1371/journal.pone.0066102.t001

Scientific research Article / tutkimus; **N- haploryhmä Kiinan kautta mm. Pohjois-Eurooppaan ja Suomeen**, jossa suurin esiintymistiheys n. 60%(yDNA).

Suomensukuisten kantaisien **N1c mutaatio (TaT M46) + autosomaaliset muutokset 30.000 /34.000 - 14,000 eaa.** (migraatiota mm. Amerikan mantereelle).

Teksti google käänös, lisäykset + tulkinnat Seppo Liukko 21.06.2013 .

Pages 5 / 20

Tässä tutkimuksessa, me analysoidaan systemaattisesti Hg N profiileja Itä-Aasiassa ja Kaakkois-Aasiassa väestö (yhteensä 6371 urokset 169 maantieteellisten populaatiot) alkuperän jäljittämiseksi ja esihistoriallisia muuttovirtoja Hg N linjaa.

Materiaalit ja menetelmät

Näytteet

Yhteensä 6371 liity urokset 169 populaatiot Itä-Aasiassa ([kuva 1](#) ja [taulukko S1](#)) ja palvelukseen pyydettiin allekirjoittamaan kirjallinen lupa varten Käyttö näytteitä tässä tutkimuksessa. Pöytäkirja Tämän tutkimuksen hyväksyi Institutional Review Board Kunming Institute of eläintieteen, Kiinan tiedeakatemia (hyväksyntä tunnus, SWYX-2012008).

Lisäksi vertailla väestörakenne Y-kromosomin Hg N keskuudessa maantieteellinen populaatiot, me haetaan myös aiemmin julkaistu tieto 1210 Hg N **Yksilöt eri maantieteellisillä alueilla (Y-SNP ja Y-STR)** [\[3\]](#) , [\[12\]](#) , [\[13\]](#) , [\[16\]](#) , [\[19\]](#) , [\[28\]](#) , [\[29\]](#) .



Kuva 1. Maantieteellinen sijainti 169 tutkituissa populaatioissa.

Scientific research Article / tutkimus; **N- haploryhmä Kiinan kautta mm. Pohjois-Eurooppaan ja Suomeen**, jossa suurin esiintymistiheys n. 60%(yDNA).

Suomensukuisten kantaisien **N1c mutaatio (TaT M46) + autosomaaliset muutokset 30.000 /34.000 - 14,000 eaa.** (migraatiota mm. Amerikan mantereelle).

Teksti google käännös, lisäykset + tulkinnat Seppo Liukko 21.06.2013 .

Pages 6 / 20

Väestön tiedot on esitetty taulukossa S1.

doi: 10.1371/journal.pone.0066102.g001

Y-kromosomi Marker genotyypin

Mukaan Hierarkkinen genotyypin strategian **M231** oli kirjoitettu ja ensimmäinen näytteitä **M231-positiivisille** henkilöille tehtiin sitten vielä alatyypityksen mukaan korkean resoluution **Y kromosomi haploryhmä puu**, jotta ne voitaisiin myöntää erityisiä haplotype [\[30\]](#) .

Y-kromosomi bi-alleeli markkereita (LLY22g, M128, P43 ja M46 (TAT)) olivat genotyypitettiin Snapshot menetelmällä (Applied Biosystems, USA).

Lisäksi seitsemän yleisesti käytetty Y-STR merkit: **DYS19, DYS389I, DYS389II, DYS390, DYS391, DYS392, ja DYS393**were myös kirjoitetaan fluoresenssi-merkitty pohjamaalit ABI 3130XL Genetic Analyzer (Applied Biosystems, USA). Y-STR nimikkeistön SEURAAVAA aiemmin ehdottanut järjestelmää [\[31\]](#) .

Data Analysis

Visualisoi maantieteelliset jakaumat Hg N ja sen osa-suvusta, Golden Software Surfer 10,0 (Golden Software Inc., USA) kanssa Kriging Algoritmi käytettiin rakentaa Contour kartta ja käytetyt tiedot on lueteltu [taulukossa S3](#) .Mediaani-liittymällä Networks STR muunnelmia Y-kromosomi haplogroups rakennettiin käyttämällä VERKKO 4.6 (Fluxus Engineering) [\[32\]](#) kanssa yhtä Painot Across loci.

Kunkin Y-kromosomi Haploryhmä / sub-Haploryhmä (määritelty Y-SNP), Me Arvioitu sen ikä on Y-STR vaihtelut käyttäen Julkaistu menetelmä [\[27\]](#) , [\[33\]](#) , [\[34\]](#) . Tehokas mutaationopeus 0,0069 käytettiin [\[34\]](#) .Geneettinen monimuotoisuus eri maantieteellisillä mukaisen asukasluvun Hg N ja sen osa-haplogroups laskettiin STR Data by genalex 6,5 [\[35\]](#) .

Analysointiin Y-kromosomi STR alleelit, DYS389II nimettiin DYS389b vähentämisen jälkeen DYS389I, koska PCR-tuote DYS389II sisältää sekä DYS389II ja DYS389I loci.

Tulokset

Olemme systemaattisesti lävitse yhteensä 6371 liity urokset 169 populaatiot Kiinassa ja Kambodžassa ([kuva 1](#) ja [taulukko S1](#)).

Genotyypin Y-kromosomi bi-alleeli merkki M231 tunnistimme 390 urosta (6,12%) kuuluvat tähän Hg N linjaa.

Typologiasta 4 ylimääräistä bi-alleeli markkereita ja 7 Y-kromosomin STR, syntyy täydellisiä tietoja 360 Hg N Urokset, joita käytetään seuraavien Analyysit ([taulukko 2](#)).

Olemme myös hakea 1210 Hg N tietoja muista julkaistuista tutkimuksista, mukaan lukien 1197 Hg N urokset tunnistaa 68 populaatiot **Siperiassa, Keski-Aasiassa ja Euroopassa** [\[3\]](#) , [\[12\]](#) , [\[16\]](#) , [\[28\]](#) , [\[29\]](#) , ja **13 Hg N urokset 4 populaatiot Japanissa, Laosissa ja Etelä-Kiinassa** [\[3\]](#) , [\[13\]](#) , [\[19\]](#) .

Scientific research Article / tutkimus; **N- haploryhmä Kiinan kautta mm. Pohjois-Eurooppaan ja Suomeen**, jossa suurin esiintymistiheys n. 60%(yDNA).

Suomensukuisten kantaisien **N1c mutaatio (TaT M46) + autosomaliset muutokset 30.000 /34.000 - 14,000 eaa.** (migraatiota mm. Amerikan mantereelle).

Teksti google käänös, lisäykset + tulkinnat Seppo Liukko 21.06.2013 .

Pages 7 / 20

Yhdessä olemme analysoineet yhteensä 1570 Hg N, joka kattaa kaikki tärkeimmät maantieteelliset alueet joilla Hg N sukua (alkaen 20826 miehillä 359 **populaatiot Across Euraasiassa**, [taulukko S2](#)).

Population	Sample size	N%	N*-M231	N1*-LLY22g	N1a-M128	N1b-P43	N1c-M46
Altai (Northeastern China)	198	10.10		4.55	1.01	2.02	2.53
Altai (Northwestern China)	377	7.43	0.53	2.12		0.27	0.53
Koreans	64	6.25		3.13	1.56	1.56	
Northern Han	853	6.80	0.23	4.22	0.47		1.64
Southern Han	876	6.74	1.26	3.54	0.57	0.11	0.80
Tibetans	2442	5.90	0.04	5.32	0.08	0.04	0.41
Tibeto-Burmans	325	12.92	0.62	7.38	3.08		0.92
Hmong-Miens	308	1.95	0.32	0.65	0.32		0.65
Daic people	463	3.67	1.51	1.94			0.22
Austro-Asiatic people (Southwestern China)	100	11.00		5.00			
Austro-Asiatic people (Cambodian)	293	0.34		0.34			
Austronesians	72						

Note: samples were merged by language families.
doi:10.1371/journal.pone.0066102.t002

Taulukko 2. Jakautuminen Hg N sub-haplogroups Itä-Aasiassa.

doi: 10.1371/journal.pone.0066102.t002

Hg N on yleistä (> 5%) Itä-Aasiassa (esim. muun han-kiinalaisten, Tiibetiläis-Burman ja Itävalta-Aasian puhuvat populaatiot), sekä Pohjois / Keski-Aasiassa ja Itä / Pohjois-Euroopassa keskimäärin korkein taajuus Siberia (38.27%)

(SL-lisäys: VÄÄRIN Suomessa ja Baltiassa 60-40%).

Samaan aikaan, Hg N on melko harvinaista Kaakkois-, Etelä- ja Länsi-Aasiassa, ja täysin poissa Etelä / Länsi-Euroopassa. Sisällä Hg N sukujuuret on viisi osa-haplogroups erottuva maantieteellinen jakaumat.

N *-M231 on oletettavasti

Ancestral Haploryhmä N Hg,

Enimmäkseen läsnä Etelä-Itä-Aasian populaatiot Sisältää Daic, Etelä-Han-kiinalaiset, Tiibetiläis-Burman ja hmong-Mien Etelä-Kiinassa ([kuva 2A](#)), mutta se on täysin poissa Siperiassa , **Keski-Aasiassa ja Itä / Pohjois-Euroopassa**, sopusoinnussa aiemmin ehdottanut Etelä alkuperä Hg N Itä-Aasiassa [3] , [12] , [16] , [28] , [29] .

Scientific research Article / tutkimus; **N- haploryhmä Kiinan kautta mm. Pohjois-Eurooppaan ja Suomeen**, jossa suurin esiintymistiheys n. 60%(yDNA).

Suomensukuisten kantaisien **N1c mutaatio (TaT M46) + autosomaaliset muutokset 30.000 /34.000 - 14,000 eaa.** (migraatiota mm. Amerikan mantereelle).

Teksti google käänös, lisäykset + tulkinnat Seppo Liukko 21.06.2013 .

Pages 8 / 20

Muut neljä osa- haplogroups Jaa yhteinen Mutaatio LLY22g lokuksessa ([kuva 3](#)).

Alle LLY22g, N1 *-LLY22g on sekä esi ja merkittävin osa-Haploryhmä, jossa jakelu ulottuu Etelä-ja Pohjois-Aasiassa ja korkein taajuus havaittu Tiibetiläis-Burman väestölle. Jakaantumiskuvio N1A-M128 on samanlainen N1 *-LLY22g, mutta paljon harvinaisempaa ([kuva 2B ja 2C](#)).

Sen sijaan jakaumat N1B-P43 **ja** **N1C-M46** rajoitetaan Pohjois-ja Itä-Aasia / **Pohjois-Eurooppa**, Harvinainen Itä-Aasiassa ja Keski-Aasiassa, ja poissa Kaakkois-ja Etelä-Aasiassa ([kuva 2D ja 2E](#)).

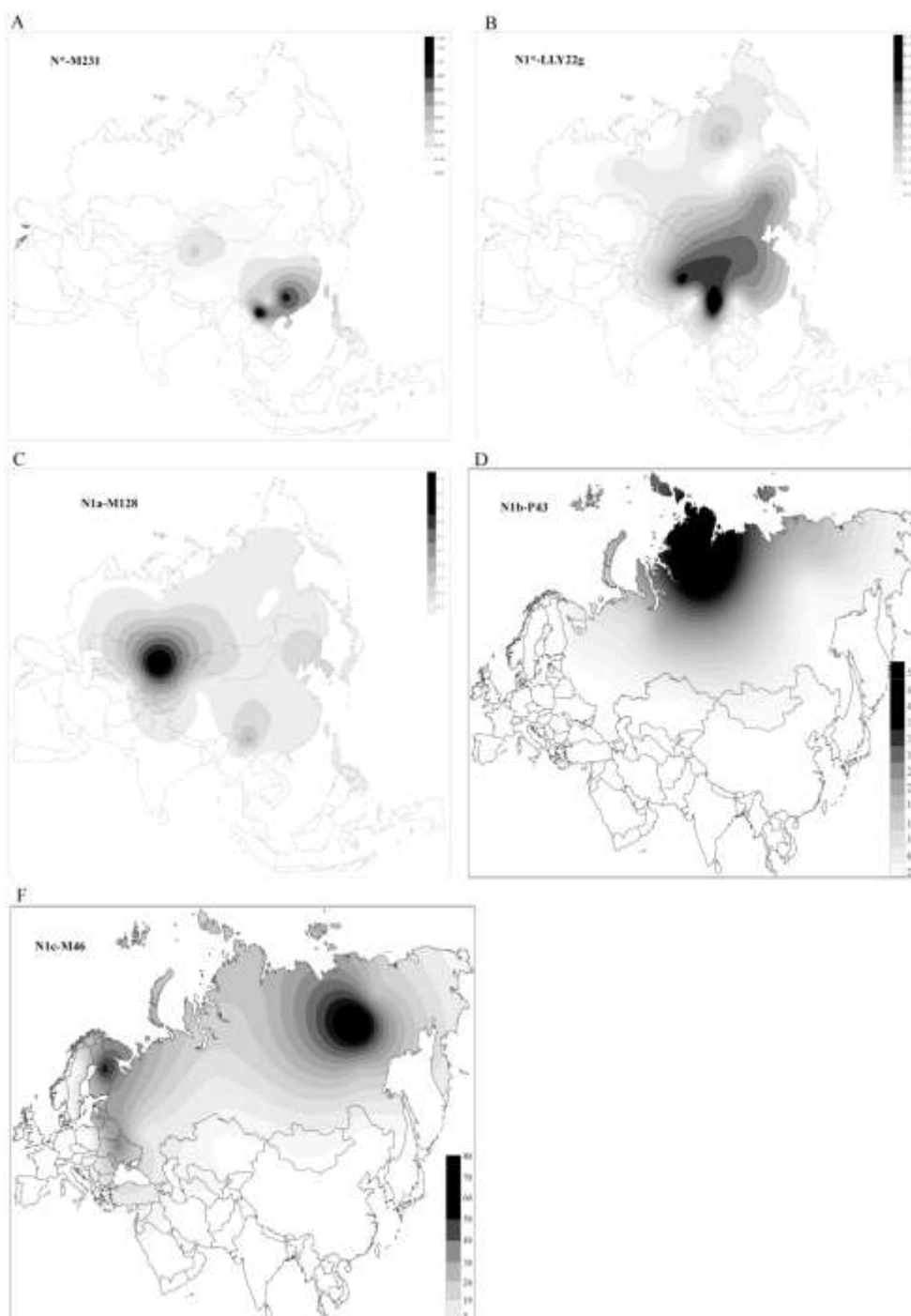
Yhteenlaskettuna tämä maantieteellinen jakauma kuvio on selvä osoitus erot alueiden väestön kanssa sukujuuremme esiintyy etnisen väestön koko Etelä-Kiinassa.

Scientific research Article / tutkimus; **N- haploryhmä Kiinan kautta mm. Pohjois-Eurooppaan ja Suomeen**, jossa suurin esiintymistiheys n. 60%(yDNA).

Suomensukuisten kantaisien **N1c mutaatio (TaT M46) + autosomaaliset muutokset 30.000 /34.000 - 14,000 eaa.** (migraatiota mm. Amerikan mantereelle).

Teksti google käänös, lisäykset + tulkinnat Seppo Liukko 21.06.2013 .

Pages 9 / 20



Kuva 2. GContour kartat Hg N sub-haplogroups. , N *-M231, B, N1 *-LLY22g, C, N1A-M128, D, N1B-P43, F= N1C-M46 (TAT)- SUOMENSUKUISET (Regional luettelujen populaatioiden käytetään taulukossa S3). doi:

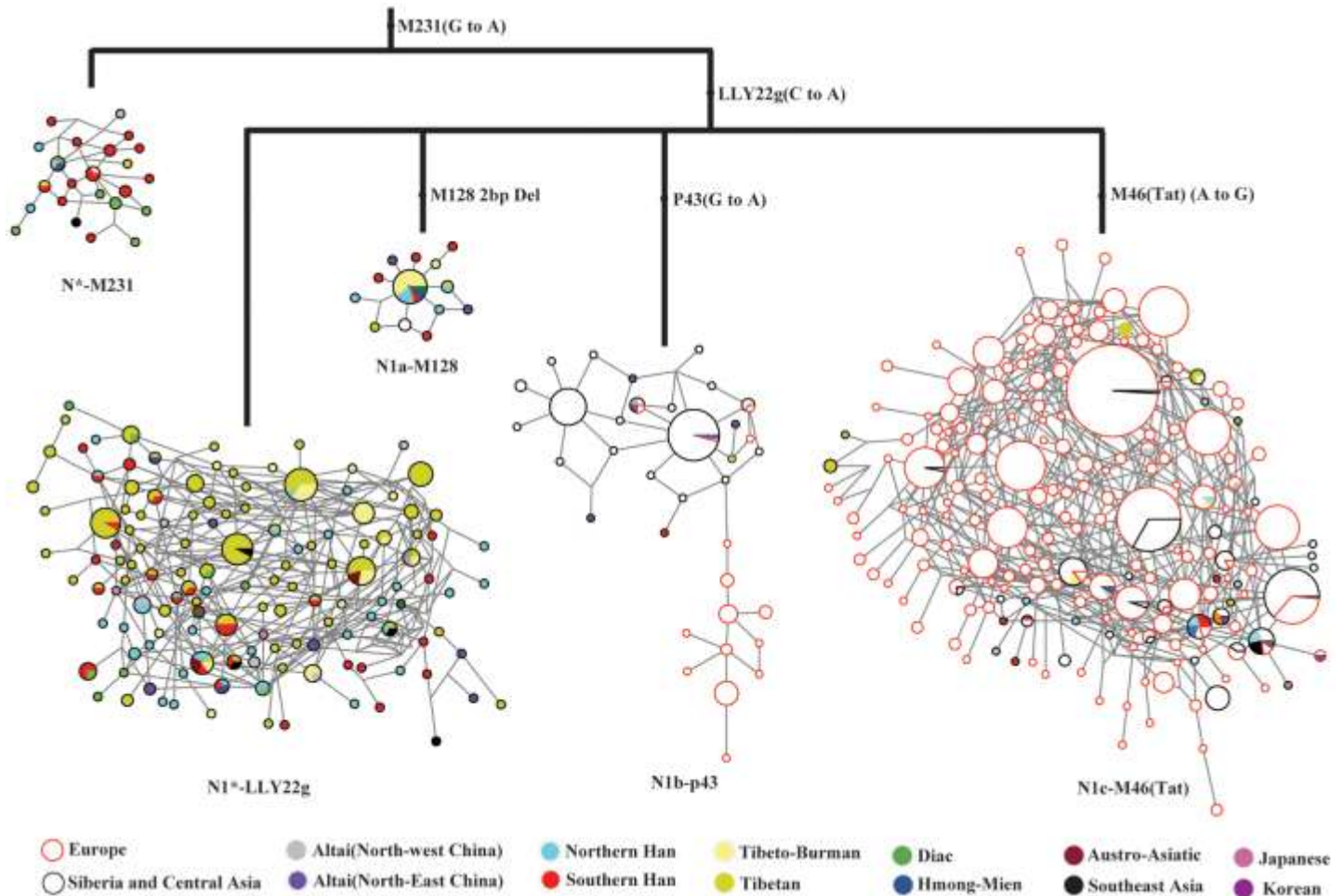
10.1371/journal.pone.0066102.g001

Scientific research Article / tutkimus; **N- haploryhmä Kiinan kautta mm. Pohjois-Eurooppaan ja Suomeen**, jossa suurin esiintymistiheys n. 60%(yDNA).

Suomensukuisten kantaisien **N1c mutaatio (TaT M46) + autosomaaliset muutokset 30.000 /34.000 - 14,000 eaa.** (migraatiota mm. Amerikan mantereelle).

Teksti google käänös, lisäykset + tulkinnat Seppo Liukko 21.06.2013 .

Pages 10 / 20



Kuva 3. (SL-lisäys- Oikeanpuoleinen on N1C eli Tat –ryhmää = SUOMENSUKUISIA VÄESTÖJÄ EUROOPASSA JA SIPERIA-URAL-alueilla)

Mediaani-liittymällä verkkojen osa-haplogroups Hg N linjaa käyttäen Y-STR alleleja. Diagnostisia mutaatioita käytetään luokitella sub-haplogroups on merkitty puiden oksat.

Kukin solmu edustaa haplotyyppiä ja sen koko on verrannollinen haplotyyppi taajuus, ja sen pituus haara on verrannollinen mutaatio vaiheet. **Väri näyttää maantieteellisen alkuperä tutkituissa populaatioissa tai kieliryhmiä (SL- huom. korreloi kieliä esim. suomensukuisten kieliä).** doi:

10.1371/journal.pone.0066102.g003

Rakensimme Contour kartat Viisi N-M231 sub-haplogroups perustuu maantieteellisen jakaumat.

Nämä suvusta Euraasian populaatioita (taulukko S3).

Scientific research Article / tutkimus; **N- haploryhmä Kiinan kautta mm. Pohjois-Eurooppaan ja Suomeen**, jossa suurin esiintymistiheys n. 60%(yDNA).

Suomensukuisten kantaisien **N1c mutaatio (TaT M46) + autosomaaliset muutokset 30.000 /34.000 - 14,000 eaa.** (migraatiota mm. Amerikan mantereelle).

Teksti google käännös, lisäykset + tulkinnat Seppo Liukko 21.06.2013 .

Pages 11 / 20

Oletettavasti kaksi Ancestral haplogroups (N *-M231 ja N1 *-LLY22g) todennäköisesti peräisin Etelä-Kiinassa, koska siellä on Clear Etelä-to-North lasku näille taajuuksille (Kuva 2A ja 2B).

Toisaalta N1B-P43 ja N1C-M46 ovat molemmat rikastettu Siperian P43 ottaa N1B-Pohjois- ja Etelä-lasku ja N1C-M46, jolla Itä-länsi laskuun (kuva 2D ja 2E). Contour kartta N1A-M128 on erilainen kuin muut, jossa korkein taajuus Havaittu Keski-Aasiassa johtuen melko usein N1A-M128 keskuudessa Kazakstanilaisia (8,1%) Keski-Aasiassa (kuva 2C).

Tarkastelemaan yksityiskohtaisen moninaisuus kunkin N-M231 sub-Haploryhmä, rakensimme STR verkkojen 5 sub-haplogroups tietojen perusteella seitsemän Y-kromosomin STR loci (kuvio 3).

Niistä kaksi sukujuuremme Hg N havaitsimme suhteellisen eriytynyt STR haplotyyppiin ydin STR haplotyyppit ovat enimmäkseen Etelä väestön Kiinassa, mikä viittaa todennäköisesti peräisin Etelä-Kiinassa. Verrattain, ydin STR haplotyyppien N1B-P43 ovat enimmäkseen Pohjois väestön Kiinassa ja Siperiassa, mikä viittaa sen alkuperä voi olla Pohjois-Itä-Aasiassa.

Lisäksi STR verkostot N1B-P43 jotka heijastavat STR haplotyypeillä eurooppalaiset olivat peräisin Siperian ja Keski-Aasian, sopusoinnussa Ehdotettu Counter-myötäpäivään esihistoriallinen muuttoa Hg N suvusta osaksi Itä / Pohjois-Euroopassa [3].

Mielenkiintoista, N1A-M128 näkyy tähti kaltainen STR verkkoon, mikä viime aikoina lisänneet tämän Hg N linjaa.

Vaikka N1A-M128 on korkein taajuus Keski-Aasiassa [3] , ottaen huomioon sen läsnäolo (Vaikka Low Frequency) useilla etnisestä ryhmästä koko Etelä-Kiinassa, N1A-M128 tuskin on Keski-Aasian alkuperää.

Sen sijaan, N1A-M128 Voi olla samalla sen alkuperä Itä-Aasiassa, Heijastuttuaan STR verkon Näytetään Aasiassa ydin haplotype (kuva 3).

Tiheä N1A-M128 Keski-Aasiassa on todennäköisesti sitten johtuu viime paikallinen laajeneminen tämän osa-Haploryhmä.

Verrataan edelleen STR hajonta tasot eri populaatioissa tukee myös Itä-Aasian alkuperää Hg N.

Kahden sukujuuremme, N-M231 * ja * N1-LYY22g, STR monimuotoisuus Etelä-populaatiot on korkeampi kuin Pohjois-populaatiot Itä-Aasiassa (taulukko 3).

Scientific research Article / tutkimus; **N- haploryhmä Kiinan kautta mm. Pohjois-Eurooppaan ja Suomeen**, jossa suurin esiintymistiheys n. 60%(yDNA).

Suomensukuisten kantaisien **N1c mutaatio (TaT M46) + autosomaaliset muutokset 30.000 /34.000 - 14,000 eaa.** (migraatiota mm. Amerikan mantereelle).

Teksti google käänös, lisäykset + tulkinnat Seppo Liukko 21.06.2013 .

Pages 12 / 20

Havaitsimme samankaltainen kolmea muuta osa-haplogroups, joka laajensi ulkopuolella

- Itä-Aasiassa ja Siperiaan,

- Keski-Aasiassa ja

- Itä / Pohjois-Eurooppa (taulukko 3) (lis- suomensukuisten linja SL).

Valitettavasti, koska rajallinen otoskoko laskemiseen käytetty STR monimuotoisuus eri Hg N haplotypes, olemme varovaisia tekemään mitään lopullisia johtopäätöksiä STR monimuotoisuuden tason tietoja.

Haplogroup	Populations	Sample size	Y-STRs diversity \pm SE
N*	Northern Chinese	4	0.268 \pm 0.100
	Southern Chinese	27	0.332 \pm 0.070
N1*	Altai (Northeastern China)	18	0.437 \pm 0.065
	Han Chinese (mainland China)	68	0.506 \pm 0.056
	Tibeto-Burmans (Southwestern China)	154	0.437 \pm 0.063
	Hmong-Meins, Daic and Austro-Asiatic people (Southwestern China)	18	0.475 \pm 0.050
	Altai (Northwestern China)	5	0.206 \pm 0.076
N1a	Han Chinese (mainland China)	11	0.201 \pm 0.051
	Tibeto-Burmans (Southwestern China)	12	0.087 \pm 0.031
	Altai (Northwestern China)	6	0.286 \pm 0.056
N1b	Siberians	92	0.193 \pm 0.071
	Europeans	38	0.303 \pm 0.084
	Altai (Northwestern China)	8	0.286 \pm 0.066
N1c	Han Chinese (mainland China)	21	0.277 \pm 0.074
	Tibeto-Burmans (Southwestern China)	13	0.519 \pm 0.021
	Hmong-Meins, Daic and Austro-Asiatic people (Southwestern China)	6	0.143 \pm 0.071
	Siberians	119	0.283 \pm 0.054
	Europeans	944	0.352 \pm 0.055

doi:10.1371/journal.pone.0066102.t003

Taulukko 3. Y-STR monimuotoisuus Hg N sub-haplogroups.

doi: 10.1371/journal.pone.0066102.t003

Jotta mennessä suurten esihistoriallisen väestön tapahtumia pitkin pohjoiseen ja länteen muuttoreittejä Hg N suvusta, käytimme STR tiedot laskea STR vaihtelu aikojen viiden Hg N sub-haplogroups (taulukko 4).

Kuten odotettua, esi linjan mukaisesti LLY22g (N1 *-LLY22g), vanhin kaikista N-M231 sub-haplogroups, oli päivätty 21.66 kya, kuuluvat paleoliittikauden.

Ikä N1B-P43 oli myös hyvin vanha (18.90 KYA), mikä osoittaa suhteellisen nopeasti pohjoiseen muuttoliikkeen aikana kivikauden aikana Etelä-Kiinaan pohjoiseen Siperiaan.

Scientific research Article / tutkimus; **N- haploryhmä Kiinan kautta mm. Pohjois-Eurooppaan ja Suomeen**, jossa suurin esiintymistiheys n. 60%(yDNA).

Suomensukuisten kantaisien **N1c mutaatio (TaT M46) + autosomaaliset muutokset 30.000 /34.000 - 14,000 eaa.** (migraatiota mm. Amerikan mantereelle).

Teksti google käänös, lisäykset + tulkinnat Seppo Liukko 21.06.2013 .

Pages 13 / 20

N1C-M46 oli suhteellisen nuori (11.70 kya)

(Ks. mm. ikäämisen arvostelu Molgen sivulla)

(Lisäys: tämä 11700 YBP ei ole OK, vaan tod.näköisesti se on tarkmmin n. 14.000- 18.000 kya, koska kivikaudella ko. TMRCA-laskelma ei ole OK, ja laskelmat näyttävät liian lyhyttä aikaa; Seppo Liukko.

N1c on jääkauden jälkeisen suurriistanmetsästys - ajan suomensukuisten (-kielten) väestöä Euroopan laajalla alueella Uralilta – Atlantille; SL).

Ikä N *-M231 (13.69 KYA), oletettavasti esi sukujuuret Hg N, on nuorempi kuin odotettiin, todennäköisesti seurauksena vielä-to-be-tunnistaa yksityishenkilöistä johdettu N-M231 sub-Haploryhmä kun uusi Y SNP merkit ovat paljastui tulevaisuudessa.

Vertailun Age of N1A-M128 on silmiinpistävän Young (3,75 KYA), yhdenmukainen sen kanssa, että tähti kaltainen verkon STR Viittaa viime aikoina lisänneet tämän Lineage ([kuva 3](#)). Koska raportoitu Keski-Aasian väestöstä (Kazakstanilaisia) jolla melko usein N1A-M128 ei ollut tarpeeksi STR tietojen laskea monimuotoisuutta, emme pystyneet päättelemään aika N1A-M128: n muuttoliike Itä-Aasiasta Keski-Aasiaan.

Haplogroup	Sample size	Age of STR variation (Kya ± SE)
N-M231	1566	16.42±0.94
N*-M231	31	13.69±3.37
N1*-LLY22g	258	21.66±4.48
N1a-M128	28	3.75±0.94
N1b-P43	136	18.90±7.73
N1c-M46	1111	11.70±1.87

doi:10.1371/journal.pone.0066102.t004

Taulukko 4. Arvioitu vuotiaita Hg N ja sen osa-haplogroups.

doi: 10.1371/journal.pone.0066102.t004

Keskustelu

Scientific research Article / tutkimus; **N- haploryhmä Kiinan kautta mm. Pohjois-Eurooppaan ja Suomeen**, jossa suurin esiintymistiheys n. 60%(yDNA).

Suomensukuisten kantaisien **N1c mutaatio (TaT M46) + autosomaaliset muutokset 30.000 /34.000 - 14,000 eaa.** (migraatiota mm. Amerikan mantereelle).

Teksti google käännös, lisäykset + tulkinnat Seppo Liukko 21.06.2013 .

Pages 14 / 20

Hg N on laajimmalle levinnyt Y-kromosomin haploryhmä Euraasiassa ([taulukko 1](#)).

Laajentamalla väestöstä osaksi Itä-Aasiassa, osoitimme, että Hg N on läsnä useimmissa Itä-Aasian väestön Vaikka matalat taajuudet ovat ([taulukko 1](#) ja [taulukko S1](#)). Aiemmin Hg N arveltu saaneen alkunsa Kaakkois-Aasiassa, ja näin ollen jakaa sen sisko Haploryhmä O-M122 noin 34 kya ja sitten siirtynyt pohjoiseen Itä-Aasiaan Manner loppuvaiheessa Pleistoseeni-Holocene [3] . **Olemme kuitenkin osoittaneet, että Hg N onkin äärimmäisen harvinaisia Kaakkois-Aasiassa väestö.** Esimerkiksi analyysimme 293 monikansallisen Kambodžan miehillä, me vain havainnut yhden Hg N yksittäisiä (0,34%), vastakkaisia edellisen raportin paljon korkeampi taajuus yksi kuudesta miehistä (16.67%) Kambodžassa, joka oli omiaan aiheuttama pieni otoskoko. Myös Hg N on harvinainen Muut Kaakkois-Aasian populaatiot (<1,5%), mukaan lukien Laosissa, Vietnamissa, Thaimaassa, Indonesiassa, Malesiassa ja Filippiineillä ([taulukko 1](#)), mikä viittaa siihen, että Kaakkois-Aasiassa voi olla kotimaa Hg N.

Sen sijaan, **eteläosassa Manner Itä-Aasiassa (oletettavasti Etelä-Kiinassa) on todennäköisempää oletetun alkuperän Hg N, mikä heijastuu jakelu esi Hg N suvusta (N *-M231 ja N1 *-LLY22g) ja havaittu korkeampi STR monimuotoisuus Useita etnisestä ryhmästä Etelä-Kiinassa ([taulukko 3](#)).**

STR verkon analyysin ja ääri viivat kartta lisätukea Etelä-Aasian alkuperää Hg N.

Kuten ehdotti aiemmin, alkuperäisen esihistoriallinen muuttoa Hg N alkoi etelässä ja siirtyi etelästä pohjoiseen, alkaen Etelä-Kiinassa. Pystymme nyt tekemään suhteellisen yksityiskohtaisempi vaeltavien kuva Hg N linjaa arvioimalla vuotiaita Hg N haplotyyppit käyttäen STR muunnelmia.

Aluksi pohjoiseen Todennäköisesti muutto alkoi noin 21 kya, heijastuu vuotiaana N1 *-LLY22g (21.66 KYA), yleisin N-M231 sub-Haploryhmä Itä-Aasiassa.

Tiellä pohjoiseen maahanmuutto Manner-Kiinassa, kaksi muuta N-M231 sub-haplogroups tapahtui noin 12-18 kya, myöhemmin tulossa hallitseva Y-kromosomi suvusta Siperian väestön seurauksena paikallisen väestön kasvu.

Aiemmin N1B-P43 ja M46-N1C ehdotettiin kokenut sarja pullonkaula Tapahtumat Pohjois-Aasiassa ja sitten leviää Siperiassa, Keski-Aasiassa ja Euroopassa [3] .

Kuten ikäero N1b-P43/N1c-M46 ja N1 *-LLY22g on verrattain pieni (3-5 KYA), voimme päätellä, että esihistoriallisen muuttoliike Hg N oli suhteellisen nopea, samaan aikaan loppuun viimeisen jääkauden Suurin (LGM) Itä-Aasiassa (22-18 kya).

Jääkauden muuttoliike nykyajan ihmiset Itä-Aasiassa voi myös heijastua pohjoiseen muuttoa C-M130 Haploryhmä rannikolla Manner-Kiinassa, ennen siirtymistään pohjoisemmaksi Siperiaan noin 15 kya [8] -[11] .

Soveltamisessa seuraavan sukupolven sekvensointi Y-kromosomi, enemmän Y-SNP selviää, mikä voi auttaa lisäämään päätöslauselman Hg N Haploryhmä tee ja antaa tarkempia phylogeographic tietoa alkuperästä ja esihistoriallisia muuttoliike tämän tärkeän Euraasian Y-kromosomi linjaa.

Scientific research Article / tutkimus; **N- haploryhmä Kiinan kautta mm. Pohjois-Eurooppaan ja Suomeen**, jossa suurin esiintymistiheys n. 60%(yDNA).

Suomensukuisten kantaisien **N1c mutaatio (TaT M46) + autosomaliset muutokset 30.000 /34.000 - 14,000 eaa.** (migraatiota mm. Amerikan mantereelle).

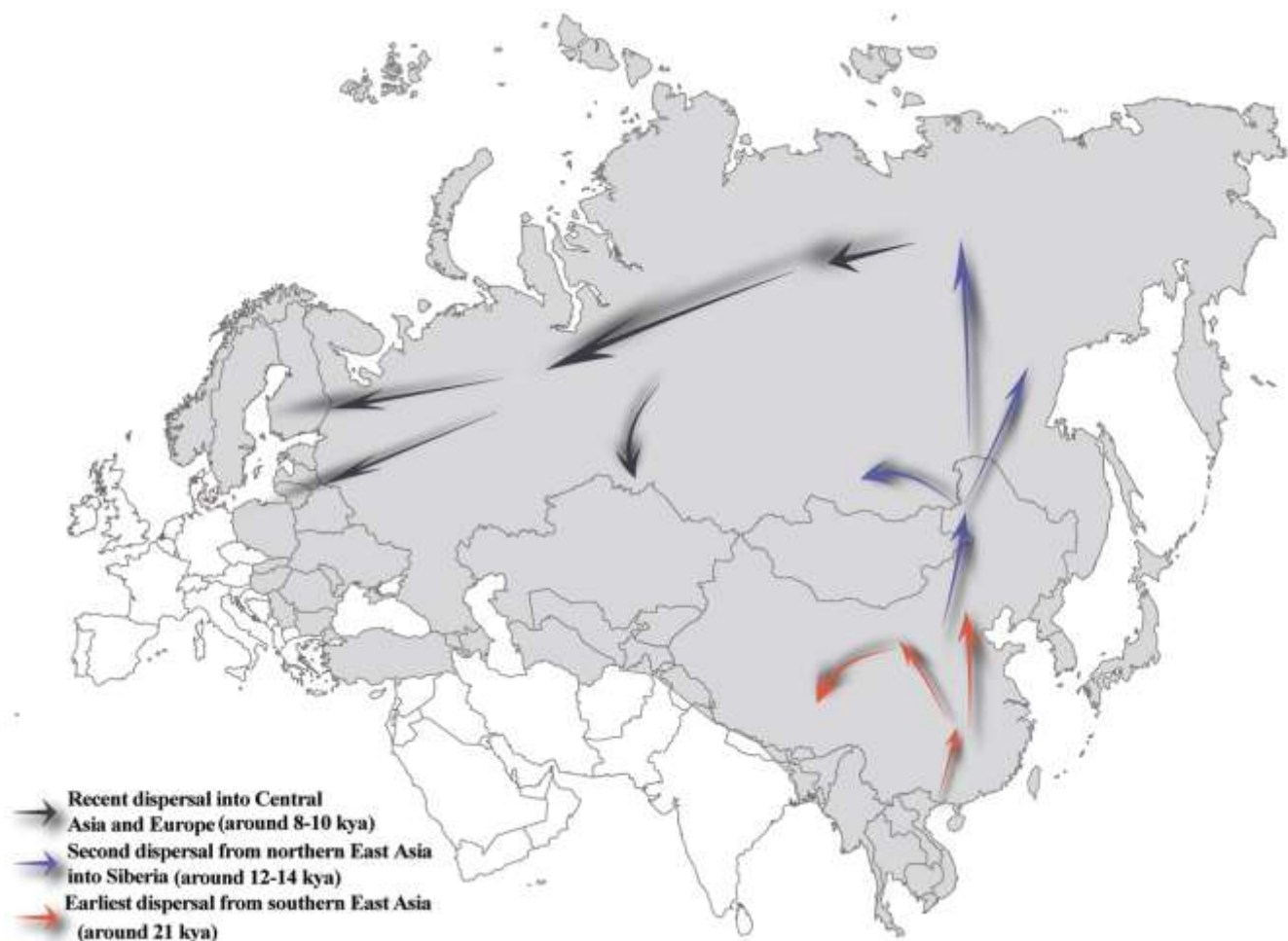
Teksti google käänös, lisäykset + tulkinnat Seppo Liukko 21.06.2013 .

Pages 15 / 20

Päätelmä

Perustuu Dating Hg-N haplotyyppit ja maantieteellinen jakaumat **Pariksi Ehdotetut Counter-myötäpäivään muuttoväylänä Across Eurasia [3]**, ehdotimme muuttolintujen kartta ([kuva 4](#)) ja Hg N suvusta alkaa Etelä-Kiinassa noin 21 kya ja Toiminnan laajentaminen Pohjois-Kiinassa 12-18 kya, **tavoittaminen edelleen Pohjois-Siperiaan Tietoja 12-14 kya [3]**, ja Seuraaja väestön kasvu ja Westward muuttoliike Keski-Aasiassa ja Itä / Pohjois-Euroopassa noin 8,0-10,0 kya[16] .

Alla N-ryhmän vaelluskartta:



Kuva 4. Ehdotettu esihistoriallisia vaellusreitit Hg N linjaa.

Tummenneet alueet edustavat Haploryhmä N jakaumat.

doi: 10.1371/journal.pone.0066102.g004

Scientific research Article / tutkimus; **N- haploryhmä Kiinan kautta mm. Pohjois-Eurooppaan ja Suomeen**, jossa suurin esiintymistiheys n. 60%(yDNA).

Suomensukuisten kantaisien N1c mutaatio (TaT M46) + autosomaaliset muutokset 30.000 /34.000 - 14,000 eaa. (migraatiota mm. Amerikan mantereelle).

Teksti google käänös, lisäykset + tulkinnat Seppo Liukko 21.06.2013 .

Pages 16 / 20

Tukeminen tiedot

Taulukko S1.

169 otokseen populaatiot tässä tutkimuksessa.

doi: 10.1371/journal.pone.0066102.s001

(Docx)

Taulukko S2.

STR genotyypin tiedot Hg N näytettä.

doi: 10.1371/journal.pone.0066102.s002

(Docx)

Taulukko S3.

Väestön tietoja käytetään constructe ääri viivat kartoja.

doi: 10.1371/journal.pone.0066102.s003

(Docx)

Kiitokset

Olemme kiitollisia kaikille vapaaehtoisille, jotka ovat luovuttaneet verta näytteitä tässä tutkimuksessa.

Kirjoittaja maksut

Suunniteltu ja kokeet: HS BS. Esityskieli kokeet: X-BQ HZ YP X-MZ. Analysoitiin tiedot: HS X-BQ. Osaltaan reagenssit / materiaalit / analyysityökaluja: R-LZM. Kirjoitti paperille: HS BS.

Viitteet

1. Kumar V, Reddy, Babu JP, Rao TN, Langstieh BT, et al. (2007) Y-kromosomi todisteet osoittavat yhteistä isän perintöä Itävalta-Aasian väestön. BMC Evol Biol 7: 47. doi:[10.1186/1471-2148-7-47](https://doi.org/10.1186/1471-2148-7-47) .
 - o [CrossRef](#)
 - [PubMed / NCBI](#)
 - [Google Scholar](#)
2. Li H, Wen B, Chen SJ, Su B, Pramoongjago P, et al. (2008) Isän sukulaisuussuhteen välillä Länsi Austronesians ja Daic väestön. BMC Evol Biol 8: 146.
 - [CrossRef](#)
 - [PubMed / NCBI](#)
 - [Google Scholar](#)
3. Rootsi S, Zhivotovsky LA, Baldovic M, Kayser M, Kutuev IA, et al. (2007) vastapäivään pohjoisen reitin Y-kromosomi Haploryhmä N Kaakkois-Aasiasta kohti Eurooppaa. Eur J Hum Genet 15: 204-211. doi: [10.1038/sj.ejhg.5201748](https://doi.org/10.1038/sj.ejhg.5201748) .
 - [CrossRef](#)
 - [PubMed / NCBI](#)
 - [Google Scholar](#)
4. Shi H, Dong YL, Wen B, Xiao CJ, Underhill PA, et al. (2005) Y-kromosomi näyttöä Etelä alkuperästä Itä-Aasian-erityisiä Haploryhmä O3-M122. Am J Hum Genet 77: 408-419. doi: [10.1086/444436](https://doi.org/10.1086/444436) .
 - [CrossRef](#)

Scientific research Article / tutkimus; **N- haploryhmä Kiinan kautta mm. Pohjois-Eurooppaan ja Suomeen**, jossa suurin esiintymistiheys n. 60%(yDNA).

Suomensukuisten kantaisien N1c mutaatio (TaT M46) + autosomaaliset muutokset 30.000 /34.000 - 14,000 eaa. (migraatiota mm. Amerikan mantereelle).

Teksti google käänös, lisäykset + tulkinnat Seppo Liukko 21.06.2013 .

Pages 17 / 20

- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 5. 5. Shi H, Zhong H, Peng Y, Dong YL, Qi XB, et al. (2008) Y-kromosomi todisteet varhaisimmista modernin asutuksen Itä-Aasiassa ja useita alkuperä Tiibetin ja Japanin väestö. BMC Biol 6: 45. doi: [10.1186/1741-7007-6-45](https://doi.org/10.1186/1741-7007-6-45) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 6. 6. Su B, Xiao J, Underhill P, Deka R, Zhang W, et al. (1999) Y-kromosomi näyttöä pohjoisemmaksi muuttoa modernin ihmisen osaksi Itä-Aasiassa viime jääkauden. Am J Hum Genet 65: 1718-1724. doi: [10.1086/302680](https://doi.org/10.1086/302680) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 7. 7. Zhong H, Shi H, Qi XB, Duan ZY, Tan PP, et al. (2011) Extended Y-kromosomi tutkimus osoittaa jääkauden jälkeisen vaelluksista modernin ihmisen osaksi Itä-Aasian kautta pohjoisen reitin. Mol Biol Evol 28: 717-727. doi: [10.1093/molbev/msq247](https://doi.org/10.1093/molbev/msq247) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 8. 8. Zhong H, Shi H, Qi XB, Xiao CJ, Jin L, et al. (2010) maailmanlaajuinen jakelu Y-kromosomi Haploryhmä C paljastaa esihistoriallisen muuttoreitteen Afrikkalainen maastamuutto ja ratkaistaan pikaisesti Itä-Aasiassa. J Hum Genet 55: 428-435. doi: [10.1038/jhg.2010.40](https://doi.org/10.1038/jhg.2010.40) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 9. 9. Lell JT, Sukernik RI, Starikovskaya YB, Su B, Jin L, et al. (2002) dual alkuperä ja Siperian yhtäläisyyksiä Native American Y kromosomit. Am J Hum Genet 70: 192-206. doi: [10.1086/338457](https://doi.org/10.1086/338457) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 10. 10. Malyarchuk B, Derenko M, Denisova G, Wozniak M, Grzybowski T, et al. (2010) Phylogeography Y-kromosomi Haploryhmä C pohjoisen Euraasian. Ann Hum Genet 74: 539-546. doi: [10.1111/j.1469-1809.2010.00601.x](https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.2010.00601.x) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 11. 11. Zegura SL, Karafet TM, Zhivotovsky LA, Hana MF (2004) Korkean resoluution SNP ja microsatellite haplotypes kohta yhden viimeisimmistä Native American Y kromosomi osaksi Amerikassa. Mol Biol Evol 21: 164-175. doi: [10.1093/molbev/msh009](https://doi.org/10.1093/molbev/msh009) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 12. 12. Balanovsky O, Rootsi S, Pshenichnov, Kivisild T, Churnosov M, et al. (2008) Kaksi lähteet Venäjän patrilineal perinnön heidän Euraasian yhteydessä. Am J Hum Genet 82: 236-250. doi: [10.1016/j.ajhg.2007.09.019](https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2007.09.019) .
- [CrossRef](#)

Scientific research Article / tutkimus; **N- haploryhmä Kiinan kautta mm. Pohjois-Eurooppaan ja Suomeen**, jossa suurin esiintymistiheys n. 60%(yDNA).

Suomensukuisten kantaisien N1c mutaatio (TaT M46) + autosomaaliset muutokset 30.000 /34.000 - 14,000 eaa. (migraatiota mm. Amerikan mantereelle).

Teksti google käänös, lisäykset + tulkinnat Seppo Liukko 21.06.2013 .

Pages 18 / 20

- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 13. 13.Cai X, Qin Z, Wen B, Xu S, Wang Y, et ai. (2011) Human maahanmuuton pullonkauloja Kaakkois-Aasiasta Itä-Aasiassa viime jääkauden Suurin paljastui Y kromosomit. PLoS One 6: e24282. doi: [10.1371/journal.pone.0024282](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0024282) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 14. 14.Capelli C, Brisighelli F, Scarnicci F, Arredi B, Caglia, et al. (2007) Y-kromosomi geneettistä vaihtelua Italian niemimaalla on kotkata ja tukee sekoittumisen malli Mesoliittinen-neoliittinen kohtaaminen. Mol Phylogenet Evol 44: 228-239. doi:[10.1016/j.ympev.2006.11.030](https://doi.org/10.1016/j.ympev.2006.11.030) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 15. 15.Cinnioglu C, King-R, Kivisild T, Kalfoglu E, Atasoy S, et al. (2004) Kaivutyöt Y-kromosomi haplotype kerrostumien Anatoliassa. Hum Genet 114: 127-148. doi:[10.1007/s00439-003-1031-4](https://doi.org/10.1007/s00439-003-1031-4) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 16. 16.Derenko M, Malyarchuk B, Denisova G, Wozniak M, Grzybowski T, et al. (2007) Y-kromosomi Haploryhmä N dispersals alkkain Siperiasta Eurooppaan. J Hum Genet 52: 763-770. doi: [10.1007/s10038-007-0179-5](https://doi.org/10.1007/s10038-007-0179-5) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 17. 17.Gayden T, Cadenas AM, Regueiro M, Singh NB, Zhivotovsky LA, et ai. (2007) Himalajan suuntakytkimenä este geenivirran. Am J Hum Genet 80: 884-894. doi:[10.1086/516757](https://doi.org/10.1086/516757) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 18. 18.Gusmao, Gusmao L, Gomes V, Alves C, Calafell F, et al. (2008) näkökulma historiaan Iberian mustalaiset, jonka phylogeographic analyysi Y-kromosomi suvusta. Ann Hum Genet 72: 215-227. doi: [10.1111/j.1469-1809.2007.00421.x](https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.2007.00421.x) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 19. 19.Hammer MF, Karafet TM, Park H, Omoto K, Harihara S, et al. (2006) Dual alkuperä Japani: yhteinen perusta metsästäjä-keräilijä ja maanviljelijä Y kromosomit. J Hum Genet 51: 47-58. doi: [10.1007/s10038-005-0322-0](https://doi.org/10.1007/s10038-005-0322-0) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 20. 20.Hän JD, Peng MS, Quang HH, Dang KP, Trieu AV, et al. (2012) patrilineal näkökulman Austronesialaiset diffuusio Manner Kaakkois-Aasiassa. PLoS One 7: e36437. doi:[10.1371/journal.pone.0036437](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0036437) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)

Scientific research Article / tutkimus; **N- haploryhmä Kiinan kautta mm. Pohjois-Eurooppaan ja Suomeen**, jossa suurin esiintymistiheys n. 60%(yDNA).

Suomensukuisten kantaisien N1c mutaatio (TaT M46) + autosomaaliset muutokset 30.000 /34.000 - 14,000 eaa. (migraatiota mm. Amerikan mantereelle).

Teksti google käänös, lisäykset + tulkinnat Seppo Liukko 21.06.2013 .

Pages 19 / 20

- [Google Scholar](#)
- 21. 21.Karafet TM, Hallmark B, Cox MP, Sudoyo H, Downey S, et al. (2010) Major itä-länsi-jako taustalla Y-kromosomi kerrostumista koko Indonesiassa. Mol Biol Evol 27: 1833-1844.
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 22. 22.Kuningas RJ, Ozcan SS, Carter T, Kalfoglu E, Atasoy S, et al. (2008) Differential Y-kromosomi Anatolian vaikutteita Kreikan ja Kreetan neoliittinen. Ann Hum Genet 72: 205-214. doi: [10.1111/j.1469-1809.2007.00414.x](https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.2007.00414.x) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 23. 23.Lopez-Parra AM, Gusmao L, Tavares L, Baeza C, Amorim, et al. (2009) In search of pre- ja post-neolithic geneettinen alustoille Iberia: todisteita Y-kromosomi Pyreneiden väestön. Ann Hum Genet 73: 42-53.
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 24. 24.Martinez L, Underhill PA, Zhivotovsky LA, Gayden T, Moschonas NK, et ai. (2007) kivikauden Y-Haploryhmä perintöä hallitseva Kreetan ylämaan tasangolla. Eur J Hum Genet 15: 485-493. doi: [10.1038/sj.ejhg.5201769](https://doi.org/10.1038/sj.ejhg.5201769) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 25. 25.Mirabal S, Regueiro M, Cadenas AM, Cavalli-Sforza LL, Underhill PA, et al. (2009) Y-kromosomi jakauma geo-kielellinen maisema Luoteis-Venäjäjällä. Eur J Hum Genet 17: 1260-1273. doi: [10.1038/ejhg.2009.6](https://doi.org/10.1038/ejhg.2009.6) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 26. 26.Nonaka I, Minaguchi K, Takezaki N (2007) Y-kromosomi binary haplogroups vuonna Japanin väestöstä ja niiden suhdetta 16 Y-STR polymorfismeja. Ann Hum Genet 71: 480-495. doi: [10.1111/j.1469-1809.2006.00343.x](https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.2006.00343.x) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 27. 27.Sengupta S, Zhivotovsky LA, King-R, Mehdi SQ, Edmonds CA, et al. (2006) napaisuus ja ajallisuuden korkean resoluution y-kromosomin jakaumat Intiassa tunnistaa sekä alkuperäiskansojen ja ulkoisten laajennuksia ja paljastaa vähäinen geneettinen vaikutus Keski-Aasian paimentolaisia. Am J Hum Genet 78: 202-221. doi: [10.1086/499411](https://doi.org/10.1086/499411) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 28. 28.Lappalainen T, Koivumäki S, Salmela E, Huoponen K, Sistonen P, et al. (2006) Alueelliset erot suomalaisten keskuudessa: Y-kromosomi näkökulmasta. Gene 376: 207-215. doi: [10.1016/j.gene.2006.03.004](https://doi.org/10.1016/j.gene.2006.03.004) .
- [CrossRef](#)

Scientific research Article / tutkimus; **N- haploryhmä Kiinan kautta mm. Pohjois-Eurooppaan ja Suomeen**, jossa suurin esiintymistiheys n. 60%(yDNA).

Suomensukuisten kantaisien N1c mutaatio (TaT M46) + autosomaaliset muutokset 30.000 /34.000 - 14,000 eaa. (migraatiota mm. Amerikan mantereelle).

Teksti google käänös, lisäykset + tulkinnat Seppo Liukko 21.06.2013 .

Pages 20 / 20

- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 29. 29.Lappalainen T, Laitinen V, Salmela E, Andersen P, Huoponen K, et al. (2008) Muuttoliike aallot Itämeren alueella. Ann Hum Genet 72: 337-348. doi: [10.1111/j.1469-1809.2007.00429.x](https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.2007.00429.x) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 30. 30.Karafet TM, Mendez FL, Meilerman MB, Underhill PA, Zegura SL, et al. (2008) New binary polymorfismit muokata ja lisätä päätöslauselman ihmisen Y kromosomi haploryhmä puu. Genome Res 18: 830-838.
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 31. 31.Butler JM, Schoske R, Vallone PM, Kline MC, Redd AJ, et ai. (2002) romaani multiplex samanaikaiseen monistamiseen 20 Y-kromosomin STR markkereita. Forensic Sci Int 129: 10-24. doi: [10.1016/s0379-0738\(02\)00195-0](https://doi.org/10.1016/s0379-0738(02)00195-0) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 32. 32.Liittyä yhteen HJ, Forster P, Rohl (1999) Mediaani-liittymällä verkkojen inferring intraspecific phylogenies. Mol Biol Evol 16: 37-48. doi:[10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036](https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 33. 33.Zhivotovsky LA (2001) arvioiminen eroavaisuuksia aikaa käytön microsatellite geneettisten etäisyyksien: vaikutukset väestönkasvun ja geenivirran. Mol Biol Evol 18: 700-709. doi: [10.1093/oxfordjournals.molbev.a003852](https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a003852) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 34. 34.Zhivotovsky LA, Underhill PA, Cinnioglu C, Kayser M, Morar B, et al. (2004) tehokas mutaationopeus on Y-kromosomi lyhyessä tandemtoistoja, jossa hakemus väestöryhmä-eroja aika. Am J Hum Genet 74: 50-61. doi: [10.1086/380911](https://doi.org/10.1086/380911) .
- [CrossRef](#)
- [PubMed / NCBI](#)
- [Google Scholar](#)
- 35.Peakall R, Smouse P (2012) GenAIEx 6.5: Geneettinen analyysi Excel.Populaatiogeneettisten ohjelmisto opetuksen ja tutkimuksen - päivitys.Bioinformatiikka.

Linkki: ks. [Seppo Liukko kotisivut](#);

tarkemmin perusteltuna mm. suomensukuisten genetiikka- ja esi- historiaa (Liukko –nimihistoriaa).