

Alkuperä Itämeren-suomalaisista

Fyysinen Antropologinen näkökulma, prof. Markku Niskanen

Oulun yliopisto, Suomi

en. language /alkup.teksti: <http://www.mankindquarterly.org/samples/niskanenbalticcorrected.pdf>

Google käänös:

Kirjoittaja tarjoaa kattavan analyysin fyysisen antropologian suomalaisten ja saamelaisten, vertaamalla niitä muihin Scandinavian kansojen ja vastakkaisia ne geneettisesti kanssa Mongoloid kansojen Aasian huolimatta samankaltaisuus, joka yhdistää Suomen kielen kanssa uralilaisten ja vähäisemmässä määrin altailaisiin kieliä. Hän toteaa, että sekä suomalaiset ja Saamelaiset ovat geneettisesti valkoihoinen tai Euroopan, ja että suomalaiset varsinkin ovat läheistä sukua muille Pohjois-Euroopan kansojen Skandinaviassa.

Avainsanat: suomalaiset, saamelaiset, samojedit, mitokondrio-DNA, ydinvoima DNA, Y-kromosomi-DNA, craniometry, kasvojen indeksi, Caucasoids, Mongoloids.

Esittely

On mahdotonta rekonstruoida alkuperää etnisten ryhmien ilman tietoa niiden geneettisen suhteita. Tämä tiedot antavat tietoa välisen väestön yhteystiedot, pyritään määrittämään maantieteelliset alueet alkuperää väestön kyseessä ja joskus jopa paljastaa miten kauan nämä populaatiot ovat asuneet läsnä alueella.

Siksi nämä rekonstruoitu geneettiset suhteet voivat olla avulla testataan hypoteeseja ja teorioita etniseen alkuperään perustuvan kielellisen ja / tai arkeologisia todisteita.

Tässä artikkelissa, craniometric ja ydin-DNA-tietoja, samoin kuin havainnot **Viimeaikaisten tutkimusten mitokondrioiden DNA: n ja Y-kromosomi-DNA: vaihtelua käytetään määrittämään,**

- a. **JATKUVUUSTEORIA:** onko alkuperää BalticFinns on selittää paremmin perinteisen muuttoliike teorian tai jonka uudempi ratkaisu jatkuvuutta teoriaa.
Nämä kaksi kilpailevia teorioita tarkastellaan lyhyesti alla.
- b. **KIELITIEEN TEORIA:** Mukaan perinteinen maahanmuuton teoria perustuu ensisijaisesti kielitieteilijät "sukupuun malli ja arvioidusta päivät kielellisten erojen, suomalais-ugrilaisten (Itämeri-suomalaiset ja saamelaiset / lappalaiset) saapui Itämeren alueella vain noin kolme tuhat vuotta sitten Proto-uralilaisten kotimaa idässä (Ks. Häkkinen 1996 arvio). Useimmat tutkijat löytää tämän kotimaa Koillis Euroopassa (Setälä 1926, Korhonen

1

Professori Niskanen voidaan ottaa yhteyttä markkun@cc.oulu.fi122 Markku Niskanen

Ihmiskunnan Quarterly 1984, Häkkinen 1996), mutta jotkut Luoteis-Siperiassa (Hajdú 1976, Fodor 1976). Vaikka tuetaan vähemmistö tutkijat, Siperian kotimaa teoria on yleisesti tunnettu kuin eurooppalainen ulkopuolella tärkeimmät keskuksia uralistic tutkimuksissa.

Baltic-suomalaiset ja saamelaiset ovat väittäneet että ovat saapuneet nykyisessä sijainnit joko vielä erilaistuneet ethnolinguistic ryhmä tai kielellisesti ja etnisesti erillinen ihmisiä.

Kannattajat jälkimmäinen näkemys olettaa saamelaisten saapui Fennoskandian ennen Baltian-suomalaiset.

Proto-Baltic-suomalaiset alkoi erotella eri "heimot" omien kieliä viime 2000 vuotta. **Esimerkiksi**

erottaminen virolaiset ja suomalaiset olisivat tapahtuneet ensimmäisellä vuosituhanella eKr., kun tämä muutti Suomeen (ks. Häkkinen 1996 arvio).

Jatkuvuus teoria käytännössä korvattu muuttoliike teoria vuonna 1980 "juuret" symposium Tvärminnen, Suomi.

Mukaan jatkuvuus teorian uralilaisten-kaiuttimet saapuneet Itämeren alueella joko noin 6000 vuotta sitten **Tyypilliset Comb Ware kulttuuri** (Meinander 1984, Korhonen 1984), taikun pian jääkauden jälkeisestä alueen asukkaiden saapui noin 11000 vuotta sitten (Nuñez 1987, Julku 1995, Wiik 1995, Salo 1996).

Kannattajat jatkuvuuden teorian yleisesti väittävät uralilainen puhuva alue laajennetaan aiemmin lännempänä vuonna Keski-Euroopassa kuin on perinteisesti ehdotetaan. Esimerkiksi Kalevi Wiik (tässä teoksessa) väittää, että suomalais-ugrialaisten puhuvien ihmiset elivät aikana Mesoliittinen kaudella niin pitkälle länteen kuin läntisin alueilla Pohjois-Euroopan tasangon.

Koska tämä artikkeli osoittaa, ihmisen biologiset tiedot (Cranimetric, ydinvoima geneettiset markkerit, mitochondrian DNA, ja Y-kromosomi-DNA) **tukee jatkuvuus teorian jossa Baltian-suomalaiset ovat lähempänä geneettisiä yhtäläisyyksiä kanssa heidän Skandinavian naapureita kuin Itä suomalais-Ugricspeaking väestön.**

Näin ollen, geneettinen esi Baltic-Suomalaiset ovat eläneet Baltian todennäköisempää 10000 vuotta eikä 3000 vuotta, ja todennäköisesti saapui etelässä kuin idässä.

Aion seuraavaksi selvittää, miten biologiset tietoja käytetään jälleenrakentamiseen maantieteellisten alueet alkuperä väestön ja / tai etnisiä ryhmiä. Tutkimus Genetic yhtäläisyyksiä ja alkuperä Fyysinen antropologia, tutkimus ihmisen biologia on theOrigin ja Baltian-suomalaiset Fyysiset

Antropologinen näkökulma 123

Volume XLIII numero 2, Winter 2002 Tutkimus ihmisen evoluution ja biologisten vaihtelua.

Jälkimmäisessä sisältää tutkimuksen ikään, sukupuoleen, ja väestö liittyvät biologiset vaihtelua. Aiemmin tutkijat yrittivät järjestää havaitun Väestön liittyvä vaihtelu jakamalla ihmiskunnan osaksi kilpailuista.

Tämä perinteinen classificatory lähestymistapa on ollut pitkälti luovuttiin, koska useat tekijät:

erimielisyyksiä siitä luokituskriteerit ja useisiin olemassa oleviin kilpailuihin; vaikeudet piirustus rodullisia rajoja, koska asteittainen jakautumismallia useimpien biologisten ominaisuuksien, puute objektiivisuutta osa tutkijoiden ja väärän tekonsa suoritetaan nimen rodun. Kuitenkin tutkimus maantieteellinen jakauma näkyvä "rodun" ominaisuuksia, kuten ihon väri, nenä muoto, hiukset jne., ei ollut täysin turhaa koska tämä tieto on auttanut löytämään miten vaihtelu on syntynyt seurauksena ympäristöön (erityisesti ilmasto) valinta. Vuodesta 1950, molekyyli- ja väestö geneettiset tutkimukset ovat olleet tärkeitä rooleja fyysisten antropologia, erityisesti tutkimuksessa evoluution ja Väestön liittyvä vaihtelu. Nämä molekyyli antropologinen tutkimukset ovat suuresti lisännyt ymmärrystämme alkuperä geneettisen vaihtelun, perintö biologisten ominaisuuksien, ja ihmisen evoluutio itse.

Nykyaikainen tutkimus ihmisen väestöstä liittyvien biologisten vaihtelu tarkastellaan miten

luonnonvalinta (esimerkiksi ilmasto valinta), muuttoliike (geenivirta), geneettinen ajautuminen

(perustajien vaikutus, esimerkiksi), ja mutaatiot vaikutus geneettinen rakenteet väestön yli sukupolvien.

Geneettiset rakenteet väestö voidaan rekonstruoida niiden historia ja geneettinen suhteita. Tämä

jälleenrakentaminen tulisi mieluiten olla perustuu eri biologisia tietoja, koska erilaiset tiedot

paljastaa tietoja eri näkökohtia ja aikaa näkökulmia väestön historiaa. Koska kaikki biologiset ominaisuudet ovat joko suora tuotteet meidän DNA tai tuloksiin vuorovaikutuksen DNA: mme ja ympäristö, suurempi määrä ominaisuuksia tutkittu, enää segmentit DNA sisältyvät analyysijä.

Tästä syystä olen käyttänyt craniometric tietoja, alleelin taajuudet geneettisten markkerien löytyy veressä ja muissa kudoksissa (ydinvoima DNA-markkereita), **ja tulokset viime mitokondrion DNA ja Y-kromosomi**

DNA tutkimuksia rekonstruoida alkuperä Baltic-suomalaiset.

Olen analysoinut craniometric ja tuman DNA data124 Markku Niskanen Ihmiskunnan Quarterly kautta matkan analyyssejä. Lisäksi craniometric tiedot analysoidaan diskriminanttifunktion analyyssejä. Interpopulation etäisyydet tarjota paljon tietoa Väestön suhteita, koska ne ovat arviot aste geneettisen suhteita. Lisäksi, etäisyys matriisi voi olla käytetään tulo rakentaa dendrogrammi ("perhe" puu kaavio) tai tontin moniulotteinen etäisyyden kertoimet (kuten tehdään tässä tutkimuksessa). Nämä menetelmät osoittavat muun-väestön suhteita visuaalisesti ja siten paljastaa miten väestö klusterin toistensa kanssa. Yleensä naapuri populaatiot yleensä klusterin keskenään koska pitkän aikaa interpopulation geenivirtaa (vaihto geenejä) on aiheuttanut heidän tullut geneettisesti samankaltaisia. **Kielellisesti liittyvät väestön ovat usein geneettisesti samankaltaisia (ja klusterin toisiinsa) koska alkuperä kielellisen suhde on joko yhteinen maantieteellinen alue alkuperästä tai intensiivistä pitkäaikaista kulttuurin vuorovaikutus.**

Kielellinen rajat ovat usein myös geneettisen rajat, kuten Barbujani ja Sokal (1990) on osoittanut asiassa Euroopassa, koska useimmat ihmiset eivät ei naimisiin yli kielellisten ja muiden kulttuurin rajat.

(KIELENVAIHTO? –SL-lisäys) Kuitenkin, meidän ei pitäisi automaattisesti olettaa, että kielellisesti liittyvät populaatiot on aina sama geneettinen alkuperän tai kielellisesti selkeä väestön on erilliset alkuperä koska kielet periytyvät kautta kulttuurisen lähetyksen. Vanha oletukset Itämeren-suomalaisten ja muiden Uralilainen-kaiuttimien geneettinen samankaltaisuus Aasian populaatiot ovat ensisijaisesti perustuu teoriaan, että uralilaisten-kaiuttimet saapuneet idästä, ja siksi pitäisi olla geneettisesti erillään Indo-eurooppalaiset Euroopassa.

Vanha oletus "Mongoloid" kantojensa Laajalle levinnyt oletus, että kaikki uralilaisten puhuvan ihmiset ovat ainakin osittain "Mongoloid" on peräisin Friedrich Blumenbach n 200-vuotias väittävät, että kaksi saamen (Lapp) Skulls ja yksi suomalainen kallo muistutti yksi Mongol kallo. Mongoloid affiniteetti suomalais-ugrilaisten hyväksyttiin kuin tieteellinen totuus niiltä, jotka olivat oikeastaan koskaan nähnyt ihmiset kysymys, koska Blumenbach oli merkittävä tiedemies aikansa ja kielitieteilijät etsivät uralilaisten kotimaa olla jossain idässä (Kilpeläinen 1985, Kemiläinen 1985, 1993).

Tulkintoja tuloksista fyysisen antropologit and Origin ja Baltian-suomalaiset Fyysiset Antropologinen näkökulma 125 Volume XLIII numero 2, **Winter 2002 geneetikot ovat vasta nykyään voimakkaasti vaikuttanut tämän oletus Itä affiniteetit suomalais-ugrilaiset.** Varten Esimerkiksi Karin Mark (1970) lasketaan mitä hän kutsuu "Mongolidheidsindex" (Mongoloid-indeksi) alkaen kasvopiiirteet ja osuuden arvioimiseksi Mongoloid osa suomalais-ugrilaisten väestön. **Myös monet näkyvästi geneetikot (esimerkiksi Guglielmino et ai. 1990, Cavalli-Sforza et al. 1994, Piazza ym..1995), oletetaan, että alkuperäinen kotimaa uralilaisten ihmisten oli Luoteis-Siperiassa, esi uralilaisten ihmiset olivat Mongoloids; Samojedit ovat puhtain edustajille vanhaan tyyppi, esi Itämeren-suomalaisten ja saamelaisten saapui länteen Arctic rannikolla ja sekoitetaan geneettisesti kanssa eurooppalaisten.**

Nämä tutkijat (lähinnä Piazza et al. 1995) pitävät suomalaiset, joille he löytävät geneettisesti tyypillisiä Eurooppalaiset vastoin tämän oletuksen, esimerkkinä ristiriita kielen ja geenit.

Nämä vanhat oletukset ovat virheellisiä. Todellisuudessa kaikki FinnoUgrians Eurooppa (Baltian-suomalaiset, saamelaiset, Volga-suomalaiset, Permian-suomalaiset, ja unkarilaiset) ovat ilmiänsultaan ja geneettisesti tyypillisiä eurooppalaisia. Ob-ugrilaiset (Khanty ja Mansi) Länsi-Siperiassa, jotka ovat geneettisesti huonosti tunnettuja ovat fenotyypiltään Euroopan-Siperian Mongoloid välituotteita.

Vain samojedit ovat ilmiänsultaan ja geneettisesti pääasiassa Siperian Mongoloids.

Baltic-suomalaisia, ja yllätys monille ihmisille, myös Saamen näytteille selvästi Pohjois-Euroopan fenotyyppit. Epicanthic eyefolds, litteästä, karkea suorat hiukset, ja muut Mongoloid ominaisuudet eivät kohdanneet heistä useammin kuin muiden eurooppalaisten (Coon 1939, Brues 1977). Vahva poskipäät ja soihdutus

Poskikaaret monien FinnoUgrians, yleisesti ja virheellisesti oletetaan Mongoloid ominaisuudet, todella periytyy Euroopan Cro-Magnonin ihmiset (Coon 1939, Niskanen 1994b). **Nämä kaksi "Paleo-Euroopan" piirteet ovat säilyneet erityisen hyvin keskuudessa suomalais-**

ugrilaisten Pohjois-Euroopassa, koska arkeologisia todisteita esittämä Zvelebil (1986) osoittaa, toimeentulo siirtyminen alkaen juurikasvit maatalouteen tapahtunut viime aikoina ja vähemmän maahanmuuttajia näillä reuna-alueilla maataloudessa kuin etelämpänä.

Useimmat muut eurooppalaiset ovat viljelijöille niin monta sukupolvea (syö pehmeä leipä, puuro, jne.), että heidän poski luut (jotka tarjoavat kiinnitykset the126 Markku Niskanen Ihmiskunnan Quarterly nokka lihas) on pienennetty verrattuna muihin osia heidän kasvojen anatomia.

Valo väritys Itämeren-suomalaisten ja saamelaisten heijastaa niiden pitkä historia elävät Pohjois-Euroopassa.

Pohjoiseen Eurooppalaiset ovat kevyin värillinen maailman ihmiset, koska he ovat asuneet pohjoisilla leveyspiireillä pisin. Näin ollen, luonnollinen valinta on ollut pisin aika tuottaa valoa ihon väri on sovitettu alhainen ultraviolettisäteilyä.

Hiukset ja silmien värit ovat enimmäkseen valon, koska alueen ensimmäinen vakituista asukasta "geenipoolin (yhteensä kaikkien geenien väestöstä) sisältyy sattumalta suuri määrä allelien

(Variantit geenien) tuottavat vaaleita fenotyypit. vaaleaihoisia Pohjois aasialaiset eivät ole vaaleat hiukset ja silmissä, koska ensimmäinen pysyvä asukkaat Itä-Aasiassa ei on alleeleja tuottaa väriä niiden geenipoolin. Luonnollinen valinta ja perustajaosakkeet vaikutusta, sen vuoksi, tärkein tekijöitä jakelu eniten biologisia ominaisuuksia. Seksuaalinen valinta on ollut paljon vähemmän vaikutusta maantieteelliset jakelu nämä piirteet kuin useimmat ihmiset olettavat. Perämies valinta keskuudessa "luonnollinen" populaatioiden perustuu enemmän kykyyn hankkia välttämättömyystarvikkeita elämään, synnyttää ja kasvattaa lapsia, ja luoda ja ylläpitää liittoja ryhmien ja perheiden kuin erityisistä fyysisiä ominaisuuksia, kuten silmän väri-tai nenän profiili. Näistä syistä johtuen, useimmissa avioliitot on järjestetty monissa yhteiskuntien koska perämies valintaa pidettiin liian tärkeää jättää nuoren osalta.

Aste kasvojen tasaisuuden ja Taajuudet Itä geneettiset markkerit Kaikkiin väestöryhmiin liittyvät muihin ihmisen väestöjen ainakin välillisesti geenivirran. Tämän seurauksena useimmat biologisten ominaisuuksien on luokiteltava maantieteellisen levinneisyyden ja siellä eivät ole koskaan olleet puhtaita rotuja. Jotkut väestössä ovat, kuitenkin tulokset seoksena kahdesta tai useammasta geneettisesti melko erillisiä väestön.

Esimerkiksi suomalais-ugrilaisten ja Euroopassa yleisesti oletetaan olevan peräisin geneettinen sekoittuminen Euroopan ja Siperian väestöä. Voit arvioida, missä määrin tämä oletettu sekoittumisesta Karin Mark (1970) laskettu Mongolidheidsindex (Mongoloid-indeksi) alkaen kasvojen piirteitä eläviä ihmisiä. Seurasin hänen esimerkkiään ja laskettu "Mongol-indeksit" neljästä indeksit kasvojen tasomaisuus (DKI, NDI, SII, ja SSI) lasketaan mittauksista theOrigin ja Baltian-suomalaiset Fyysiset Antropologinen näkökulma 127 Volume XLIII numero 2, Winter 2002 kasvojen luuranko. Nämä mittaukset ja indeksit on esitetty vuonna Niskanen (1994b). Taulukossa 1 luetellaan lähteitä kallon tietojen käyttöä. Käytän termiä mongolien-indeksin koska mongolit ovat yksi sileä, ja näin ollen "Mongoloid-näköinen" ihmisiä. Aluksi on laskettu indeksi-arvoja niin, että arvo ilmaisee äärimmäistä kasvojen tasaisuus vastaa 100 ja sitten keskiarvo näitä arvoja. Korkeampi mongoli-indeksi, tasaisempi, ja näin ollen, sitä enemmän "Mongoloid" kasvot (taulukko 2).

Gene-taajuus data mahdollistaa tarkemman arviot geneettinen seoksena kuin morfologiset tietoja.

Nevanlinna (1978) arvioida ydinvoima geneettisiä markkereita (veriryhmät), että 20 - 30% suomalaisten geenit peräisin idästä (Siperia) ja loput peräisin länteen (Länsi-Eurooppa). Hän ei tarjota geneettinen sekoittuminen arvioita muiden eurooppalaisten, **joka johti yleinen väärinkäsitys, että suomalaiset**

ovat sekoitus eurooppalaisia ja aasialaisia kun niiden naapurit ovat "Puhdas" eurooppalaiset. Kuten on korostanut "Orientalindices" jäljempänä käsitellään, 20-30% Itä-komponentti Suomalainen geenipooli on keskimäärin eurooppalaisille.

Guglielmino et ai. (1990) arvioitu tuman geneeissä markkereita suomalaiset on geneettisesti 10,1% uralilaisten (Samojedit käytettiin uralilaisten perusjoukko) ja 89,9% Euroopan, kun taas saamelaiset olivat 47,5% uralilaisten ja 52,5% Euroopan. Cavalli-Sforza et al. (1994:273) arvioitu saamen olevan 18% Samojedinkoira (ja 82% EU) geneettisistä etäisyydet tanskalaisten (käytetään Euroopan viitteenä väestöstä), ja Saamen (katsotaan sekoitetun väestöstä), ja samojedit. Kuitenkin nämä erittäin etäisyydet paljastavat, että saamelaiset ovat geneettisesti kauempana

Samojedit (FST = 857,3) kuin tanskalaiset ovat (FST = 828,5), mikä aiheelliseksi harkita saamen 100% eurooppalaisista ja Tanskalaiset sekoitetun Euroopan-samojedi väestöstä. Uudelleenlaskennan tekee tanskalaisten 21,2% Samoyedic (ja 78,8% Euroopan), kun taas saamelaiset olisivat 100% eurooppalaisia.

Valitettavasti Cavalli-Sforza et al. (1994) ei arvioida Samojedinkoira geneettinen komponentti suomalaisten ja muiden ei-saamelaiset Eurooppalaiset, eivätkä myöskään geneettistä etäisyydet Suomalaisten ja Samojedit josta lasketaan Samoyed geneettinen panos suomalainen geenipooliin. Käytin yksinkertainen geneettinen sekoittuminen arvio kutsun "Oriental-indeksi" arvioida suhteessa Länsi-ja Itä genetic128

Markku Niskanen Ihmiskunnan Quarterly

Näyte N Collection

Brittiläinen 90 1,2

Norja 55 7

Ruotsin 96 4,5,6

Suomalainen 109 1,3,4

Saamen 29 3

Mordvan 10 3

Ranskan 28 1,4

Saksan 28 1,4,5

Itävalta 61 4,7

Tšekin 28 1,3,4

Venäjän 30 1,3,4

Burjat 55 7

Taulukko 1. Kallon näytteitä käytettiin tässä tutkimuksessa. N luku osoittaa otoskokoja, ja luku kokoelma viittaa kokoelmat, joissa yksilöt pidetään, ja tai / henkilöt edellyttäen tietoja.

1. Department of paleontologian, British Museum (Natural History), London, UK; kohteliaisuus Dr. C.B. Stringer.

2. Duckworth Laboratory, University of Cambridge, Cambridge, Cambridge, UK; kohteliaisuus Dr. R. Foley.

3. Anatomian laitos, Helsingin yliopisto, Helsinki, Suomi, kohteliaisuus professori I. Virtanen.

4. Osteologiska Laboratoriet, Stockholm Universitet, Solna, Ruotsi, kohteliaisuus professori T. Sjøvold.

5. Anatomiska osasto, Lunds Universitet, Lund, Ruotsi; kohteliaisuus professori G. Forsberg.

6. Historiska Museet, Lund, Ruotsi; kohteliaisuus Dr. E. Iregren

7. Edellyttäen professori William Howells (Peabody Museum, Harvard University).

Olen myös käyttää näytteen muilla populaatioita Howells (1989). Yksityiskohtaisempia tietoa craniometric tiedot ja craniometric mittauksia käytetään tässä Tutkimus tarjoaa Niskanen (1994b). alkuperä Baltic-suomalaiset Fyysiset Antropologinen näkökulma 129

Volume XLIII numero 2, Winter 2002

Väkiluku Mongol-indeksi Oriental-indeksi

Eurooppa (Av.) 24,9 22,8

Basque - 12,4

Ranskan 22,4 18,3

Saksan 16,7 19,6

Itävalta 32,4 20,7

Tšekin 25,4 16,7

Venäjä 25,4 21,6

Greek - 33,4
British 12,9 20,7
Norja 28,0 20,5
Ruotsin 20,4 18,2
Suomalainen 25,4 25,1
Saamen 25,5 42,2
Komi - 30,1
Mari - 34,2
Mordvian 39,4 -
Unkarilainen - 21,4
Samojedi - 58,0
Kaukasia - 35,6
Lähi-idän - 32,1
Indian - 55.40
Mongolian - 74,9
Burjatian 90,0 73,4
Korean - 78,6
Japanilainen 69,2 87,5
Ainu 52,0 92,8
Etelä-Kiinan 67,8 82,3
Tiibetin - 81,4

Taulukko 2. Mongol- ja Oriental-indeksit. British yhdistetään Irlannin, Skotlannin ja Englanti. Euroopan keskiarvo mongoli-indeksi on keskimääräinen Euroopan populaatioiden johon tämä indeksi lasketaan.

Euroopan keskiarvo Oriental-indeksi on indeksin arvo laskettu keskimääräinen alleelin taajuudet kaikista Euroopan populaatioista. **130 Markku Niskanen Ihmiskunnan Quarterly komponentit Euraasian populaatioiden.**

Tämä indeksi lasketaan alkaen alleelin taajuudet kuuden geneettinen loci (Fy, ESD, Glo1, Hp, P1, Rh) kerättiin kirjallisuudesta (Nevanlinna 1973, Kajanoja 1978, Zubow 1979, Eriksson 1988, Heapost 1993 ja Cavalli-Sforza et ai. 1994). Nämä geenit ovat selkeät länsi-itä kaltevuudet Euraasiassa.

Ensin laskin alleeli-arvoja (itäisin arvo vastaa 100 ja Länsi vastaa 0) ja sitten keskimäärin niitä.

Tuloksena Oriental-indeksi on itäinen geneettinen komponentti geenipoolista. Mongol- ja Oriental-indeksit on lueteltu

Taulukko 2.

Tarkastelu keskimäärin mongolien-indeksin arvot paljastaa, että ne lisäävät itään.

Asukkaat Brittein saarilta

(12,9%) on terävin kasvojen profiilit ja Buryats

(90,0%) ja Baikäljärvi alueella on tasaisimmasta kasvot.

Volga-Itämerensuomalainen-speaking Mordvians (39,4%) ja itävaltalaiset (32,4%) on tasaisimmasta kasvot Euroopassa, **mutta suomalaiset (25,4%)** ja saamelaisten (25,5%) on lähellä eurooppalaista keskitasoa (24,9%). Ainu (52,0%) on vähiten kasvojen tasaisuus joukossa aasialaiset, vaikka heidän kasvonsa ovat huomattavasti tasaisempi kuin Euroopan väestön. **Kohtalainen kasvojen tasaisuus voi olla ikivanha piirre asukkaiden Tyynenmeren Aasian rannikolta koska polynesiaiset peräisin tästä alueella ei ole erityisen sileä myöskään.** Näyttää siltä, että äärimmäinen kasvojen tasaisuus klassinen Mongoloid kansa alkunsa sisämaan Koillis-Aasiassa.

Oriental-indeksin arvot lisäävät myös itään.

Baskit ovat geneettisesti läntisin (12,4%) ja Ainu ovat itäisin (92,8%). Näin ollen Ainu ei voi olla ikivanha kaukasialaisten alkuperästä riippumatta niiden suhteellisen jyrkästi profiloitu kasvoja. **Suomalaiset (25,1%) ovat melko keskimäärin Eurooppalaisia** standardeja (Euroopan keskiarvo on 22,8%) ja Geneettisesti vähemmän Itä kuin kreikkalaiset (33,4%), saamen (42,2%), Permian-Itämerensuomalainen-speaking Komi (30,1%), ja VolgaFinnic puhuvissa Mari (34,1%). Suhteellisen suuri Orientalindex

Saamelaisneuvoston (42,2%) on paljon suurempi kuin niiden seoksena estimointi (18%), joka perustuu geneettisiin matkoja Cavalli-Sforza et al. (1994), näin ollen, se on todennäköisesti seurausta

Käytetyt merkit.

Indeksit Komin ja Mari ovat todennäköisesti kasvanut viime 1500 vuotta, koska laajentuminen länteen turkkilaisia. Samoedit "Oriental-indeksi (58,0%) kuvastaa **heidän Northwest Aasian maantieteellinen sijainti and Origin ja Baltian-suomalaiset Fyysiset Antropologinen näkökulma** 131

Volume XLIII numero 2, Winter 2002

Länsi- ja Itä geneettisiä esivanhempia.

Nämä indeksit osoittavat, että suhteellinen Itä osat (Eryisesti Oriental-indeksi) kasvaa hitaasti Atlantin on Ural, mutta nopeasti itään Uralin, suomalaiset (Edustaa Baltian-suomalaiset) ovat tyypillisiä eurooppalaisia, ei yksittäinen Euraasian väestö on morfologisesti ja geneettisesti 100% Länsi- tai Itä, mongolien ja Oriental indeksit vastaa karkeasti. Tämä karkea kirjeenvaihto on seurausta satunnainen geneettinen ajautuminen. Mukaan fossiilisia todisteita, ensimmäinen vakituista asukasta Euroopassa oli jyrkästi profiloidut pinnat ja kuin Aasian ollut tasainen kasvot. Jälkeläiset näistä perustajista perinyt nämä kasvopiirteitä itsenäisesti geneettisten ominaisuuksien laskennassa käytetään **Oriental-indeksin arvot.**

On syytä huomata, että suomalais-ugrilaiden ja itäisin Euroopassa ovat melko tyypillisiä eurooppalaisia (ks. Liptak 1980), vaikka ne (varsinkin Komi) ovat välittömiä läntisten naapureiden ja nenetsien Samoedit, jotka osoittavat pääasiassa Mongoloid fenotyypit ja Itä geneettisten ominaisuuksien. Tämä havainto osoittaa että geneettiset juuret, ja näin ollen alueet alkuperä kaikkien Suomalais-ugrilaisia Eurooppa oli Euroopassa.

Craniometric Analyysit

Käytin SAS-paketin laskea Mahalanobis etäisyydet välillä kallon näytteitä. Käytin mittaukseen paristot: B39 (35 mittaukset ja 4 indeksit) ja B96 (96 mittaukset) ja laskea Mahalanobis etäisyydet ja mittaus akun B42 (42 mittaukset) poimia kanoninen diskriminantti toiminto tulokset. Raaka mittaukset olivat standardoitu kokoa käyttämällä W. Howells 'C-pisteet menetelmällä (Howells 1989) ja indeksit olivat standardoitu muuntamalla ne z-arvoja ennen analyysijä. Useimmat craniometric käytettyjen tietojen kerättiin itse (Niskanen 1994b), vaikka tiedot ystävällisesti William Howells käytetään myös. Craniometric näytteet ovat taulukossa 1 luetellut. Suomalaiset ovat Baltian-suomalaiset näissä analyysijä. Olen myös verrattuna viime Euroopan kallon näytteitä kanssa paleoliittikauden kallon yksilöt (**Cro-Magnon 1, Predmost III, Pavlov I, Obercassel I, Chancelade I ja Cheddar I**) läpi kanoninen diskriminanttifunktion analyysijä.

Käytin 39 kallon mittauksia ja indeksit (lueteltu Niskanen 1994a) laskemiseksi Mahalanobis väliset etäisyydet Euroopan kallon näytteet ja Buryats sekä Baikajärvi alue (taulukko 3). Nämä etäisyys-arvot paljastavat kuinka similar¹³² **Markku Niskanen Ihmiskunnan Quarterly**

(Pienet arvot) tai kaukaisia (suuret arvot) populaatioissa kyseessä ovat toisistaan. Tutkittuaan etäisyydet paljastaa että suomalaiset (ja oletettavasti muita suomalais-ugrilaisia samoin) ja saamelaiset eivät ole lähempänä kallon kokoonpanoissa Buryats kuin on tyypillistä Eurooppalaisia.

Vaikka 39 kallon muuttajat tarjoaa tarkan tietoa kallon affiniteetit kaukaista sukua populaatiot, suurempi määrä muuttujia on tarpeen saada luotettavaa tietoa väestön suhteita läheisesti liittyvien, ja näin ollen craniofacially tustarpeita (Niskanen 1994b). Tästä syystä olen myös laskea craniometric etäisyydet käyttäen 96 kallon mittauksia (Lueteltu Niskanen 1994b) määrittää craniometric suhteet eurooppalaisten (taulukko 4). Valitettavasti olin voi sisällyttää norjalaiset, itävaltalaiset ja Buryats mitattuna Howells puutteen vuoksi mittausarvoja. **Nämä etäisyydet paljastaa, että suomalaiset ovat craniometrically hyvin lähellä tothe ruotsalaiset ja venäläiset (lähinnä Northwestern Venäjä), ja vähiten kaukana väestön craniometrically erilliset saame.**

Käytin moniulotteinen skaalaus (MDS) menettely SAS rakentaa kaksiulotteinen kuva Euroopan väestön craniometric suhteita. MDS menettely on parempi menetelmä kuin usein käytetty puu-kaavio koska se rakentaa eräänlainen kartta väestön suhteita. Käytin craniometric etäisyydet taulukon 3 syötteenä koska halusin sisällyttää norjalaiset ja itävaltalaiset. En ole Buryats koska niiden sulkeumat olisi työnnetty Eurooppalaiset vastakkaiselle puolelle tontin, vääristävät heidän etäisyyksien päähän toisistaan (Niskanen 1994a: kuva 1). Kuvio 1 (a) peilikuva kaavion tuotettu Proc MDS SAS) osoittaa, että tontti on kaksi

ulottuvuutta kertoimien uutettu etäisyydeltä Euroopan kallon näytteiden paikat Näiden näytteiden lähes tarkalleen missä voisi sijoittaa ne niiden maantieteellisen sijainnin mukaan. **Suomalaiset sijoitetaan välillä ruotsalaiset ja venäläiset, ja ruotsalaiset ovat välissä norjalaiset ja suomalaiset. Saamelaiset ovat sijoitettu hyvin erillään muista eurooppalaisista, mutta vähiten erillään Suomalaiset ja venäläiset.**

Craniometric suhteet populaatioiden voi myös beOrigin ja Baltian-suomalaiset Fyysiset Antropologinen näkökulma 133

Volume XLIII numero 2, Winter 2002

POP BRI NOR SWE FIN VAS FRE GER AUS CZE RUS BUR

BRI - 69 37 60 149 40 46 93 100 70 511

NOR 69-35 64 168 96 101 77 189 103 368

SWE 37 35 - 40 126 65 69 83 138 65 413

FIN 60 64 40-98 54 56 72 87 42 369

VAS 149 168 126 98-123 107 146 159 91 365

FRE 40 96 65 54 123 - 30 65 48 49 454

GER 46 101 69 56 107 30-55 59 41 408

AUS 93 77 83 72 146 65 55 - 92 58 324

CZE 100 189 138 87 159 48 59 92-49 477

RUS 70 103 65 42 91 49 41 58 49-335

BUR 511 368 413 369 365 454 408 324 477 335 -

TAULUKKO 3. Craniometric (Mahalanobis) etäisyydet (x 10) eurooppalaisten väestöjen ja Buryats sekä Baikäljärvi alueella lasketaan käyttäen 39 kallon mittaukset ja indeksit.

BRI = British (yhdistetty Irlannin, Skotlannin ja Englanti), NOR =

Norjalaiset, SWE = Ruotsi, FIN = suomi, VAS = saame, FRE = French, GER = Saksa, AUS = Itävalta, CZE =

Tšekin, RUS = venäjä ja BUR = Buryat. Katso Niskanen (1994a) muuttujien ja niiden määritelmät.

Taulukko 4. Craniometric (Mahalanobis) etäisyydet (x10) välillä Pohjois- ja Keski-Euroopan kallon näytteet laskettiin c-tulokset 96 kallon mittauksia.

BRI = British (yhdistetty Englanti, Skotlannin ja Irlannin), SWE = Ruotsi, FIN = suomi, VAS =Saamen, FRE =

French, GER = Saksa, CZE = Tšekin ja RUS = venäjä. Katso Niskanen (1994b) muuttujien ja niiden

määritelmät.

POP BRI SWE FIN VAS FRE GER CZE RUS

BRI - 82 122 317 102 95 175 140

SWE 82-96 295 164 151 222 141

FIN 122 96-196 185 133 169 96

VAS 317 295 196-363 292 334 267

FRE 102 164 185 363-103 145 149

GER 95 151 133 292 103 - 119 111

CZE 175 222 169 334 145 119-120

RUS 140 141 96 267 149 111 120 -

134 Markku Niskanen Ihmiskunnan Quarterly ---tutki avulla kanonisen erotteluanalyysi analyysit.

Kuvio 2 esittää tulokset ensimmäisen (x-akseli) ja toisen (yaxis) kanoniset diskriminanttifunktiot

lasketaan käyttämällä SPSS-ohjelman C-tulokset 42 kallon mittauksia.kallon populaatiot ovat ryhmittyneet

lähes kuin voisi odottaa otetaan huomioon niiden maantieteellinen suhteita. Tässä kaaviossa on myös

osoittaa, että Pohjois-Euroopassa (suomalaiset, saamelaiset ja Ruotsalaiset) ovat eriytyneet

craniometrically vähiten CroMagnons Euroopasta. Tämä on odotettavissa, koska siirtyminen

metsästyksestä maatalouden tapahtui niin myöhään ja ilman laajamittaiset muuttoliike Pohjois-

Euroopassa.

Etelä ja Keski-Euroopassa, tämä oleskelu siirtyminen tapahtui aikaisemmin ja suurelta osin seurausta

epidemiaan leviämistä viljelijöiden lopulta Lähi-idän ja / tai Balkanin uuttamalla. Tämän seurauksena niiden

kallon kokoonpano on muuttunut.

Nämä craniometric analyysit osoittavat, että suomalaiset (Ja oletettavasti muiden Baltian-suomalaiset) ja saamen (vaikka ne muodostavat oman osajoukko Euroopan asetettu) hallussaan North Euroopan kallon konfigurointiin keskimääräistä enemmän määrä Paleo-Euroopan (Cro-Magnoid) ominaisuuksia.

Tämä havainto osoittaa, että Baltian-suomalaisten ja saamelaisten (sekä niiden Scandinavian naapurit) ovat alkuperäiskansa Pohjois Euroopassa eikä viime maahanmuuttajia muualta (Niskanen 1998).

Geneettinen suhteiden valossa

Nuclear Gene-Frequency Evidence

Käytin Chi-Square etäisyys mittari SPSS-ohjelman laskea geneettinen väliset etäisyydet populaatioita ydin-geeni-taajuuksilla. Raakadata kerätään kirjallisuudessa (Nevanlinna 1973, Kajanoja 1978, Zubow 1979, Eriksson 1988, Heapost 1993, Cavalli-Sforza et al. 1994). Käyttö Tämän etäisyyden toimenpide ei siedä puuttuvat arvot. Varten Tästä syystä jouduin vaihdella merkeillä riippuen populaatiot verrattiin, ja näin ollen etäisyyden arvot laskettu käyttäen erilaisia markkereita eivät ole vertailukelpoisia. Sisään

Yleisesti mitä suurempi määrä geneettisiä markkereita käytetään, luotettavampi geneettistä etäisyyttä.

Suomalaiset ja virolaiset ovat Itämeren-suomalaisten Analyysien. Suomalaiset ovat Itämeren-suomalaisten kun suuret numerot geneettiset markerit tarvitaan. Jouduin altaan Mari ja Komin edustaa suomalais-ugrilaisten ja easternmostOrigin ja Baltian-suomalaiset **Fyysiset Antropologinen näkökulma** 135

Volume XLIII numero 2, Winter 2002

Kuva 1. Peilikuva ulottuvuuden kertoimen tontin poimittu Mahalanobis väliset etäisyydet Euroopan näytteet taulukossa 3 käyttämällä MDS-menettelyä.

BRI =British (yhdistetty Englanti, Skotlannin ja Irlannin), NOR = Norja, SWE = Ruotsi, FIN =Suomalainen, VAS = saame, GER = saksa, FRE = French, CZE = Tšekin ja RUS = venäjä.

Modifioitu Niskanen (1994a) 0,136 Markku Niskanen

Ihmiskunnan Quarterly

Eurooppa (EFU = Itä suomalais-ugrilaisia) riittämättömien genefrequency tietoihin.

Aluksi en laskenut geneettinen Chi-Square etäisyyksillä Euroopan väestöä suomalaiset, saamelaiset, Euroopan Keskimäärin asukkaat modernin Turkin (Anatolia), mongolit, ja Japanin määrittää, miten nämä populaatiot sijoitetaan sisällä geneettistä maisema Euraasiassa (taulukko 5).

Nämä etäisyydet paljastaa, **että suomalaiset ovat geneettisesti lähellä niiden Germaaninen-speaking naapurit** (ruotsalaiset, saksalaiset ja Norjalaiset), vähiten kaukana väestön saamelaisten ja no kauempana Euroopan keskitasoa kuin ovat Irlannin ja Baskimaan.

Perustuu FST geneettisen etäisyydet esittämä Cavalli-Sforza et al. (1994:270), suomalaiset ovat geneettisesti hieman lähemmäksi belgialaiset (FS T = 63), saksalaiset (FST = 77), ja Itävaltalaiset (FST = 77) kuin ruotsalaiset (FST = 82).

Tämä Ero johtuu Cavalli-Sforza et al. (1994) käyttäen Eri geneettinen etäisyys toimenpide ja tietotekniikka etäisyydet käyttäen datasarjan lukien puuttuvat arvot. Koska Nei ja Roychoudhury (1993) ovat huomauttaneet, konsernin sisäiset etäisyydet voi olla harhaanjohtavaa, jos tietue missä etäisyydet ovat lasketut sisältää puuttuvat arvot.

Geneettinen etäisyydet asukkaille modernin Turkin (Anatolia) osoittavat, että suomalaiset kuten muutkin North Eurooppalaiset geneettisesti kauempana Lähi-idän ihmiset kuin ovat Keski- ja Etelä-Euroopassa. Geneettinen etäisyydet mongolit ja japanilaiset osoittavat, että Suomalaiset ovat geneettisesti hieman vähemmän kaukana näiden Itä väestön kuin eurooppalaiset ovat keskimäärin, mutta ei mitään lähempänä kuin muut eurooppalaiset elävät samoilla pituusaste (Esimerkiksi kreikkalaisten ja ulgariaalaisten osalta niiden etäisyydet japani). **Monet alleelin taajuudet suomalaisista ja erityisesti saamelaisten, jotka eroavat Euroopan keskiarvoja,** ja yllättävän pieni geneettinen etäisyys pois Islantilaiset päässä mongolit

(joka on pienempi kuin välillä suomalaisten ja mongolien) ovat todennäköisimmin tulokset satunnainen geneettinen ajautuminen on osittain eristetty ja numeerisesti pienet väestöstä.

FST etäisyydet (yli lävistäjä) ja Chi-Square etäisyydet

(Lävistäjän alapuolella) käytettiin tutkimaan geneettisen suhteisiin suomalaisten kanssa muiden Pohjois-Euroopan populaatiot **tiiviimmän (taulukko 6)**. Nämä kaksi geneettistä distanceOrigin ja Baltian-suomalaiset fyysiset Antropologinen näkökulma 137

Volume XLIII numero 2, Winter 2002

Kuvio 2. Käyrä näyttää jolloin ensimmäisen (CAN1) ja toisen (CAN2) kanonista diskriminanttifunktion tulokset laskea C-tulokset 42 kallon mittauksia.

Nämä kaksi tulokset selittää 70,04% kokonaismäärästä varianssi. **CRO = Cro-Magnonin ihmiset**, IRI = Irlannin, SCO = Skotlannin, ENG = Englanti, SWE = Ruotsi, FIN = suomi, VAS = saame, GER = Saksan, FRE = French, CZE = Tšekin ja RUS = venäjä. **Tämä on sama joukko muuttujia kuin laskemisessa käytetty Mahalanobis etäisyydet taulukossa 3, paitsi että yksikään raaka-mittauksia käytetään laskemaan indices.**

138 Markku Niskanen Ihmiskunnan Quarterly

toimenpiteet tarjoavat hyvin samankaltaisia kuvia välisen väestön geneettinen suhteita.

Perustuu nämä etäisyydet, ruotsalaiset ovat vähiten kaukana suomalaisista. FST ja Chi-Square etäisyydet suomalaisten ja ruotsalaisten (82 ja 156) ovat, kuitenkin huomattavasti suurempi kuin etäisyydet ruotsalaiset Norjalaiset (18 ja 84), tanskalaiset (36 ja 98), hollanti (41 ja 118), ja Englanti (37 ja 123), mutta suunnilleen yhtä suuri kuin Ruotsalaiset Irlannin (94 ja 192) ja Skotlannin (74 ja 157). Tämä havainto osoittaa joko että Itämeri on muodostunut osittainen rajoitus geenivirran ja näin ollen geneettinen rajan, tai että Luoteis eurooppalaiset ja Koillis eurooppalaiset on osittain eri geneettistä alkuperää. Suhteellisen suuri geneticdistances välillä suomalaisten ja muiden Luoteis Eurooppalaiset voivat myös olla seurausta geneettinen ajautuminen, jossa on muuttanut suomalaisten alleelin taajuudet. Geneettinen etäisyydet suomalaisten saamelaiset ovat pienempiä kuin välillä saamelaisten ja muiden Euroopan, mutta silti hyvin suuri. Tämä havainto osoittaa, että suomalaiset ja saamelaiset olivat alun perin kauempana toisistaan, mutta ovat vaihtaneet geenit aikana enemmän lähihistoriaa.

Toisin sanoen vaikuttaa siltä, että nämä kaksi suomalais-ugrilaisten puhuvien todennäköisimmin eivät polveutuvat yhteisestä esi väestön asui vain 4000-5000 vuotta sitten. Sama päätelmä on myös saavutetaan valossa mitokondrion DNA-todisteita keskusteltu alla.

Olen lasketaan geneettinen Chi-Square etäisyydet Irlannin, Ruotsalaiset, suomalaiset, saamelaiset, yhdistettiin Mari ja Komi (EFU = Itä Suomalais-ugrilaista), samojedit (nenetsien ja Nganasans), ja Mongolit arvioida geneettisen suhteita Uralilainen puhuva väestö ja niiden ei-uralilaisten puhuvien naapureita. Näiden pohjalta etäisyyksillä (taulukko 7), **suomalaiset edustaa Baltian-suomalaiset ovat geneettisesti lähempänä sekä** Lantut (Juutit? 99) ja Irlannin (136) kuin yhdistettyä Mari ja Komi (142). Mielenkiintoista on, että geneettinen välinen etäisyys Suomalaiset ja irlantilaiset (136) ei ole paljon pienempi kuin etäisyys välillä Irlannin ja yhdistettiin Mari ja Komi (159) riippumatta maantieteellisistä välimatkoista Ryhmien välillä kysymys.

Geneettinen etäisyydet Taulukosta 7 käy ilmi, että suomalaiset, Saamen, ja yhdistettiin Mari ja Komi (EFU) ja samojedit (Nenetsien ja Nganasans) eivät ole paljon pienempiä kuin theOrigin on Baltian-suomalaisia Physical Antropologinen näkökulma 139 Volume XLIII numero 2, Winter 2002

Taulukko 5. Geneettinen Chi-Square etäisyyksillä (X 10) Euroopan väestöä

Suomalaiset, saamelaiset, eurooppalaisten geeni-taajuuden keskiarvot (European), Anatolians (asukkaat moderni Turkki), mongolit ja japanilaiset. Etäisyydet on laskettu alleeli taajuuksia seuraavien geenipaikkojen ja järjestelmät: ABO, ACP1, AK1, ADA, CDE, ESD, FY, GC, GLO1, HLA-A, HLA-B-, HP, IGHG, JK, KEL, MNS, PTC, PGD, PGM1, ja TF.POP **SUOMEN SAAMI EUROOPAN ANATOLIAN Mongol JAPANESE**

Irish 262 400 176 260 393 501

Scottish 234 315 145 242 389 496

Englanti 196 292 92 207 375 475

Hollanti 182 278 100 215 386 481
Tanskan 171 279 102 221 376 481
Norja 166 266 117 229 378 471
Ruotsin 156 241 143 236 383 474
Suomi - 225 160 215 363 441
Saamen 225-280 305 379 454
Islannin 193 282 149 252 354 466
Belgian 172 282 80 189 374 471
Ranskan 203 302 84 176 387 470
Saksalainen 160 274 60 183 370 464
Itävallan 174 296 52 169 376 464
Sveitsin 179 291 70 181 379 475
Czech 182 316 103 187 376 466
Puolan 189 302 129 207 373 458
Venäjän 208 320 130 206 379 466
Unkari 172 292 86 176 360 453
Baskimaan 281 368 191 256 435 519
Espanjan 233 337 107 162 388 466
Portugalin 222 315 120 189 398 475
Italian 185 304 73 137 372 454
Kreikan 200 305 145 159 372 433
Bulgarian 202 314 145 150 381 443
Romanian 177 299 108 156 385 455
Jugoslavian 171 292 96 191 375 4691 40 Markku Niskanen Ihmiskunnan Quarterly

Taulukko 6. Genetic FST (yli lävistäjä) ja Chi-Square (alle lävistäjä)etäisyydet Pohjois-Euroopan väestöä.

FST etäisyydet (x 10000) ovat Cavalli-Sforza et al. (1994:270). Chi-Square etäisyydet (x 10) on laskettu alleelin taajuudet geneettisen järjestelmien ja loci on lueteltu taulukossa 4. IRI = Irlannin, SCO = Skotlannin, ENG = Englanti, DUT = Hollanti, DAN = Tanska, NOR = Norja, SWE = Ruotsin, FIN = suomi, ja SAA = saamelainen.

POP IRI SWE FIN VAS EFU NEN NGA MON

IRI - 116 136 273 159 340 392 338

SWE 116-99 236 147 341 400 337

FIN 136 99-226 142 302 375 298

VAS 273 236 226-248 353 409 339

EFU 159 147 142 248-295 365 292

NEN 340 341 302 353 295-215 148

NGA 391 400 375 409 365 215-248

MON 338 337 298 339 292 148 248 -

Taulukko 7. Chi-Square etäisyydet (X10 ja pyöristettynä ylöspäin ilman desimaaleja) välillä Irlannin (IRI), ruotsi (SWE), suomi (FIN), saamen (VAS), yhdistettiin Mari ja Komi (EFU = Itä suomalais-ugrilaisia), Nenetsian Samoedit (NEN) ja Nganasan Samoedit (NGA), ja Mongolit (MON).

Etäisyydet lasketaan käyttämällä alleelin taajuuksia seuraavista

Genetic Systems ja loci: ABO, ACP1, ADA, AK1, FY, DI, GLO1, GC, HP, KEL, JK, MNS, P1, PGM1, PGD, SE, TF, CDE, ja IGHG.

POP IRI SCO ENG DUT DAN NOR SWE FIN SAA

IRI - 29 30 76 68 79 94 223 570

SCO 111-27 48 40 58 74 66 447

FIN 123 87-17 21 25 37 115 405

DUT 163 124 75-9 21 41 123 341

DAN 166 119 73 66-19 36 96 334

NOR 170 127 85 81 64-18 94 317

SWE 192 157 123 118 98 84-82 333

FIN 262 234 196 182 171 166 156-210

VAS 340 315 292 278 279 266 241 225-

alkuperä Baltic-suomalaiset Fyysiset Antropologinen näkökulma 141 Volume XLIII numero 2, Winter 2002

Taulukko 8. Chi-Square etäisyydet (X10 ja pyöristettynä ylöspäin ilman desimaaleja) välillä

Virolaiset (EST), suomalaiset (FIN), saamen (VAS), yhdistettiin Mari ja Komi (EFU), ja

Lantut (SWE). Etäisyydet on laskettu alleelin taajuudet seuraavat geneettiset

järjestelmät ja loci: ABO, DI, FY, GC, HP, KEL, LE, LU, MNS, P1, PTC, CDE, SOD, TF,

alatyypin TF, LW, ja UL.

Irlannin ja ruotsalaiset Samojedit.

Samojedit ovat myös Geneettisesti yhtä kaukana eurooppalaisista (sekä uralilaisten-jaei-uralilainen kaiuttimet) kuin ovat mongolit. Nämä havainnot osoittaa selvästi Euroopan geenipoolit jopa itäisimmän suomalais-ugrilaisia ja Pohjois-Aasian geenipoolit Samojedit. On selvää, että esi suomalais-ugrilaiden ja Samojedit joko eriytyneet hyvin kauan sitten kunkin muut (kymmeniä tuhansia vuosia sitten) **tai ei ole koskaan ollut yhteinen uralilainen kotimaa.**

Tutkimus Samojedit "Ychromosomal DNA vaihtelu Karafet et al. (1997) tukee ajatus erillisten geneettisten ja maantieteelliset alkuperältään Samojedit ja muiden uralilaisten kansojen puhuva väestö.

Jouduin vähentämään geneettisiä markkereita käytetään ovat virolaiset geneettinen etäisyys analyysijä.

Tulokset esitetty taulukossa 8 ovat kuitenkin samanlaiset kuin esitettiin edellä. Baltic-suomalaiset

(virolaiset ja suomalaiset) ovat geneettisesti hieman lähempänä ruotsalaiset (144 ja 116) kuin

yhdistettiin Mari ja Komi (146 ja 149). Tämä havainto osoittaa että Baltian-suomalaiset ja enemmän Itä

suomalais-ugrilaiset eivät on viime yhteiset esivanhemmat, jotka elivät vain noin 3000 vuotta

sitten välillä Volgan ja Uralin, koska väitti perinteisen siirtolaisuuden teoriaa. Jos nämä ryhmät oli

yhteinen kotimaa, niiden on **täytynyt poikkesivat toisistaan yli kymmenen tuhatta vuotta sitten eikä 3000 vuotta sitten.**

geneettiset etäisyydet esitetty osoittavat myös, että suomalaiset ovat geneettisesti lähempänä ruotsalaisia (116) kuin virolaiset (118), **mikä osoittaa, että suomalaiset ja virolaiset luultavasti poikkesivat toisistaan**

(siirtyessä suomalaisten

POP EST FIN SWE EFU SAA

EST - 118 144 146 271

FIN 118-116 149 219

SWE 144 116-164 236

EFU 146 149 164-258

VAS 271 219 236 258 -

142 Markku Niskanen Ihmiskunnan Quarterly

esivanhempien Virosta) aikaisemmin kuin perinteisesti oletettu muuttoliike päivämäärä (ensimmäisen vuosituhaten jKr).

Mitokondrio-DNA ja Y-kromosomi-DNA todisteiden Mitokondrio-DNA (mtDNA) on perinnöllinen matrilineally, taas Y-kromosomi DNA periytyy patrilineally. Tämä

puute geneettisen rekombinaation avulla rekonstruktioita äidin suvusta (alkaan mtDNA data) ja isän

suvusta (alkaan Y-kromosomi tiedot) DNA: sta sekvenssin eroja. Tämä tieto myös tietoja enemmän antiikin

väestön historiasta kuin tuman geeniperimä taajuudet (veren ryhmien ja entsyymi polymorfismi)

jotka voivat muuttaa merkittävästi geneettisten pullonkaulojen (Geneettinen ajautuminen).

MtDNA tutkimukset (Sajantila et al. 1995, Lahermo et ai.1996) osoittavat, että ei-saamelaiset suomalais-ugrilaisia Euroopassa (Suomalaiset, karjalaisia, virolaisia, Volga-suomalaiset) on sama geneettinen

alkuperää ei uralilaisten puhuvien eurooppalaisten ja että saamelaisten edustavat ainutlaatuista ja antiikin alaryhmä eurooppalaisia että **oli erotettu muista eurooppalaisista yli 10000 vuotta sitten.**

Siksi Itämeri-suomalaiset (suomalaiset, karjalaiset ja virolaiset) ja Saamen eivät näyt periytyvät yhteisestä

vanhaan väestöstä asui niinkin myöhään kuin muutama tuhat vuotta sitten. **Geneettinen sekoittuminen välillä Itämeren-suomalaisten ja Saamen on myös melko äskettäin, mutta riittävä riittä tekemään suomalaiset ja karjalaiset lähin geneettinen sukulainen Saamen.**

Tutkimukset mtDNA- ja Y-kromosomi-DNA paljastaa tietoa antiikin väestön liikkeitä ja suuntiin. Esimerkiksi jakeluun ja monimuotoisuus mtDNA haploryhmä V ilmaisee väestön lisääntymisen Lounais-Euroopassa alkaa noin 15.000 vuotta sitten yli Länsi puolet Keski-Euroopan ja koko Luoteis Euroopassa. Olisiko tämä haploryhmä joukossa saamelaiset, Baltic-suomalaiset, ja Volga-suomalaiset osoittaa huomattavan antiikin Länsi-Euroopan geneettinen komponentti niiden geenivarojen. Sen taajuus on korkein saamelaisten (40,9%), Baskimaan (20,0%), ja Catalonians (26,7%). Se esittelee suurin määrä monimuotoisuuden joukossa Iberian väestöä, mikä viittaa että tämä alue on sen todennäköisesti alueella alkuperää. Tämä monimuotoisuus on paljon vähemmän joukossa saamelaiset, osoittaa, että heidän äärimmäisen high **Origin ja Baltian-suomalaiset Fyysiset Antropologinen näkökulma 143 Volume XLIII numero 2, Winter 2002** haploryhmä V taajuudet johtui perustajaosakkeet vaikutuksesta (Torroni et ai. 1998).

Vaikka tutkimukset mtDNA vaihtelu osoittavat vahvasti Länsi äidin geenipoolit Euroopan suomalais-ugrilaiset, tutkimukset Y-kromosomi DNA hajonta osoittavat Itä isän geenien vaikutus niiden geenivarojen lisäksi länsimainen. Kittles et ai. (1998) totesi merkittäviä erot Y chromosome haplotyyppi vaihtelua Länsi- ja Itä-Suomessa. He ajattelivat, että Länsi- Suomalaiset, tunnettu siitä, että haplotyyppi B, olivat pääasiassa Länsi sukujuuret ja että Itä suomalaiset, tunnettu haplotyyppi, oli Aasian syntyperä koska haplotyyppi sisältää DYF155S2 poistetaan saapuvat yleisimmin keskuudessa Aasialaiset. Mukaan Työtön et ai. (1996), tämä poisto on, kuitenkin myös esiintyviä norjalaiset ja kreikkalaiset ja se on yleisin Suomessa ja Mongoliassa. Näin ollen, Väitän tämän poiston voinut syntyneet missään välillä Skandinaviassa ja Mongoliassa, joten se voidaan geenimerkki ja myöhään Ice Age väestön lisääntymisen etelävenäjänpaimenkoira

Pelkkä mistä Koillis Euroopassa ja Luoteis-Aasiassa valloittivat jälkeen viimeisen jääkauden Suurin. Zerjal et ai. (1997) väitti, että C-alleeli on Y kromosomi joidenkin Pohjois eurooppalaisten ja Pohjois aasialaiset syntyi Aasiassa ja levinnyt Pohjois-Euroopassa, jossa sen olemassaolo osoittaa huomattavaa isän geenien vaikutus Pohjois aasialaiset Pohjois-Euroopan väestöä, erityisesti Suomalais-ugrilaiset. Villems et ai. (1998) havaitsivat, että tämä alleeli näyttelyitä enemmän vaihtelua eurooppalaisten keskuudessa kuin keskuudessa aasialaiset ja siksi he ehdottivat, että alun perin nousut esiin Proto-suomalais-ugrilainen väestö Itä-Euroopassa, jossa se levinnyt joillekin Siperian väestön. Mielestäni tämä C alleeli kuten geneettinen merkki myöhään jääkauden jälkeen (viimeisen jääkauden Suurin) väkiluku laajeneminen etelästä Venäjän tasangon.

Tutkimus Y-kromosomi merkit osoittavat, että Samojedit jälkeläisiä Paleoasiatic väestön joiden olivat (kielellisesti) rinnastetaan populaatiot, jotka tulivat Etelä-Siperiassa (Karafet et ai. 1997). Tämä havainto selittää fenotyyppiset ja geneettiset distinctness Samojedit muista Uralilainen puhuvia ihmisiä ja samankaltaisuus enemmän Itä ihmisiä, sekä ristiriidassa sen oletuksen, että Samojedit ovat geneettisesti lähimpänä esi uralilaisten people.**144 Markku Niskanen Ihmiskunnan Quarterly**

Kaikki tämä craniometric, ydinvoima DNA, mtDNA, ja Ychromosomal DNA informaatio osoittaa, että FinnoUgrians Eurooppa alkunsa Euroopassa, Baltian-suomalaiset ovat geneettisesti lähempänä skandinaaveja kuin suomalais-ugrilaisten ihmiset idässä, saamelaiset muodostavat erillisen osajoukon sisällä

Eurooppalaiset ja samojedit on selvä geneettinen alkuperä muista uralilainen ihmisiä. Aion seuraavaksi keskustelemaan näistä havainnot valossa arkeologisia todisteita väestön historiaa.

Geneettistä alkuperää ja arkeologia todisteita

Geneettiset suhteet ovat tuloksia pitkä historia väestön tapahtumia. Näitä tapahtumia ei voida rekonstruoida tarkasti ilman tietoa esihistoriasta ja historiasta väestön osalta.

Tapauksessa pohjoisen Euraasian, me on rekonstruoida väestön tapahtumista ainakin vuodesta Viimeinen Hyinen Suurin LGM (23,000-19,500 BC), minkä jälkeen koko Pohjois-Euraasiassa oli siirtomaita. North Europe oli siirtomaita ensisijaisesti kahden viimeisen jääkauden Suurin refugia alueet:

Franco-Cantabria lännessä ja Etelä Venäjän tasangon (Lähinnä Dnepr-Don alue). Nämä kaksi refugia alueet olivat erotettu toisistaan todennäköisesti asumaton kannaksen välissä Fennoskandian ja Alppien jäätiköt, vaikka oli joitakin siirtokuntia Itä Itävallassa ja Länsi-Unkarissa. Länsi-Siperian ja Keski-Aasian (paitsi Etelä-Uralilla) olivat joko asumattomia tai harvaan asuttuja koska Länsi-Siperiassa lähes peittyy kokonaan valtava sisämaan järvi, ja alue välillä Kaspianmeren ja vuoret Keski-Aasian oli kuiva ja karu autiomaassa. Ylempi Jenisei ja Baikaljärvi alueet olivat kuitenkin asuttu, kuten koko Kaakkois puolet Siperia (Soffer 1990). Asutuksen alkoi levitä pohjoisen Euraasian kun ilmasto alkoi parantaa noin 19500 eaa.

Ryhmät peräisin Ranskan Cantabria ratkaistaan Britannian Saaret ja Pohjois-Euroopan tasangon sijaitsee länteen Veiksel River (Creswellian / Hampuri kulttuureja) ja Keski- Euroopan kukkula välisellä alueella Atlantin valtameren ja Karpaatit (Magdalenian kulttuuri). Ryhmät peräisin Dnepr-Don alueella (esimerkiksi Swiderian kulttuuri) ratkaistaan koko Koillis-Euroopassa sijaitsevat Oderin itäpuolella joen ja mahdollisesti läntisin SiberiaOrigin ja Baltian-suomalaiset

Fyysiset Antropologinen näkökulma 145 Volume XLIII numero 2, Winter 2002

(Dolukhanov 1986, 1993, Soffer 1990, Schild 1996). MtDNA haplogroup V on geneettinen merkki kolonisaation Luoteis Euroopassa Franco-Cantabria (Torrioni et al. 1998) ja Y-kromosomi C-alleeli on geneettinen markkeri kolonisaatio Koillis-Euroopan ja Länsi-Siperian alkaen Etelävenäjänpaimenkoira Pelkkä (Zerjal et al. 1997, Villems et ai. 1998).

Dnepr-Don alueella Etelä Venäjän tasangon on vain ehdokas alue, jossa koko jakelu alueen uralilaisten kielten oli ratkaistu. Kaksi kilpailevaa perinteinen uralilainen kotimaidensa – koilliskulmassa Euroopassa välillä Volgan mutka ja Uralille ja Luoteis Siberia - saivat ensimmäisen vakituisen asutuksen alkaen tällä alueella. Luode Siperia sai myös uudisasukkaiden edelleen itään Siperian. **On siis mahdollista, että myöhään Ylä Paleoliittinen kausi asukkaat koko Koillis Euroopassa ja Länsi-Siperian puhui esi murteita uralilaisten kielten** (Nuñez 1987, Julku 1995). Nämä ryhmät olisivat voineet säilyttää heidän kielellistä kantojensa kautta kulttuurikontaktit (avioliitto exogamy, jne.) helpottaa laaja jokiverkkoa tämän valtava alue (katso kuva 7 Nuñez 1987:14).

On yksi ongelma ajatus, että Etelä-Venäjän Pelkkä oli uralilaisten kotimaa.

Mukaan Mallory (1989) Esimerkiksi se mahdollisesti ratkaistaan Proto-Indo-eurooppalaiset jo aikana Mesoliittinen aikana. Eräs ratkaisu tähän ongelmaan voisi olla myöhäistä jääkauden pohjoiseen uppouma Ympäristöalueiden ja väestössä mukautettu näiden vyöhykkeiden. Yksittäisten ryhmä alueilla tuli ensin venytettiin pohjois-etelä- suuntaan, jolloin kauden vaellukset välisen pohjoisen ja eteläosissa metsästys alueiden vähitellen liian pitkä, mikä johti hylkäämiseen eteläisiin alueella.

Ryhmät puhuu esi murteita Proto-Indo-Iranin voisi ovat laajentuneet alueille vähitellen poistuvat puhujat Proto-uralilaisten murteita läpi saman prosessin, joko Koillis Balkanin tai Kuban alueen itä ja Mustanmeren. Aikaisintaan jälkeinen viimeisen jääkauden Suurin asukkaat Kaakkois rannalla Itämeren kuului Late **Paleoliittikauden Swiderian kulttuuri (10,800-9700 BP / 9800 - 8700 kal eKr), joka polveutuu Itä Gravettian kulttuurien etelävenäjänpaimenkoira Plain.** Tämä kulttuuri levisi Oder-joen länsi (Schild 1996). Jos ihmiset Swiderian 146 Markku Niskanen Ihmiskunnan Quarterly Kulttuuri puhui Proto-uralilaisen kielen, Oder-joen muodostunut läntisin rajan uralilainen kieli lopussa **Paleoliittinen kausi.**

Onko ihmisiä Swiderian kulttuurin olivat Proto-Uralilainen-kaiuttimet, vanhin ihmisen ratkaisun alueen historiallisesti asuu Baltic-suomalaiset kuuluivat Varhainen Mesoliittinen Kunda kulttuuri (syntyi noin 8700 eKr.), juuret, jotka ovat Swiderian kulttuuriin.

Suomi sai ensimmäinen pysyvä uudisasukkaat Kundan kulttuurin alueelta etelä (Viro) ja itään (Karjala) noin 8500 eaa. Kun nämä mahdollisesti Proto-uralilainen puhuvien ryhmien saapui Pohjois Suomessa noin 8000 eKr., he tapasivat rannikko ryhmiä, joilla oli saapui Pohjois-Fennoskandiassa jo 9000 eKr. lähtien jäätön välisellä alueella Brittein saarilla ja Tanskassa jälkeen jäätymätön Norjan rannikolle.

Tuolloin sisämaan alueilla Keski- ja Pohjois-Skandinavian kuuluivat edelleen jään (Nuñez 1987, tässä teoksessa). Rannikko ihmisillä voi olla tullut uralilainen puhuva saamen seurauksena kulttuuriyhteyksien

kanssa **Proto-uralilainen puhuvan väestön elävät sisämaassa alueilla Pohjois-Fennoskandiassa**. Tämä kieli aikaistuminen **miksi saamelaiset ovat geneettisesti niin erillään Skandinavian ja Baltian-suomalaiset, mutta puhuvat kieliä, jotka ovat aivan samanlainen Baltian ja Suomen kielellä**. Samankaltainen kieli muuttaa ilmeisesti tapahtunut Länsi-Siperiassa, jossa PaleoAsiatic asukkaat olivat kielellisesti sulavaa Uralicspeakers, jossa alkuperä on Samojedit.

Käyttöönotto elintarviketuotannon (Neoliittinen vallankumous-maanviljely ja indoeurooppalainen kieli. n5500 eaa. Alppien pohjoispuolelle- SL-lisäys) muuttui kielellisen ja geneettinen maisema Vanhan maailman. Colin Renfrew (1987, 1992) on ehdottanut, että tämä oleskelu muutos liittyi kanssa leviäminen indoeurooppalaisten kielten Anatoliasta yli suurimmassa osassa Eurooppaa. Cavalli-Sforza et al. (1994) ovat osoittaneet

synteettistä kartat pääkomponenttina tulokset lasketaan alkaen geenien yleisyyden että oli väestön laajennus (Epidemia diffuusio) Anatoliasta Eurooppaan, **mikä teki etenkin Etelä- ja Keski-Euroopassa geneettisesti lähempänä Lähi-idän väestön. Arkeologiset näyttöä (Esimerkiksi Zvelebil 1986)** osoittaa, että leviäminen viljelyn osaksi Pohjois-Euroopassa oli hitaampaa ja tapahtui pääasiassa kautta kulttuurin levittämistä. Tämän seurauksena, Pohjois-Euroopan geeni altaat saivat vähemmän Lähi-idän genejä kuin Centraland Eteläeurooppalaisille ja ei-indoeurooppalaisten languagesOrigin ja

Baltian-suomalaiset Fyysiset Antropologinen näkökulma 147 Volume XLIII numero 2, Winter 2002 elivät pidempään. Varhainen historiallisen ajan piktiläinen kieli Skotlannissa ja suomalais-ugrilaisen kielten Pohjois- ja Itä-Eurooppa ovat jäänteitä alkuperäiskansojen Pohjois Eurooppalaisia kieliä.

Aikaisintaan maataloutta idässä Itämeren alueella ajoittuu Corded Ware (Battle / Boat Axe= vasarakirveskulttuuri SL-lisäys) kaudella (3200-2500 cal. BC) (Lang 1998).

Leviäminen Tämän kulttuurin yli tällä alueella on ollut merkittävä vaikutus **ethnogenesis ja BalticFinns. Esimerkiksi itämerensuomalaisten protolanguage ajatellaan , joka on saanut sen Baltian lainasanat seurauksena tästä tapahtumasta.**

Keski-Euroopan geenit saapui myös. Sajantila ja Pääbo (1995) ovat jopa ehdottaneet, että Indo-European-speaking Battle Axe ihmiset **tulivat kielellisesti sulavaa alkuperäiskansojen Uralilainen puhuvia ihmisiä** (lappalaisten / saamelaisten) Suomessa. Tämä teoria on perustuu havaintoihin, että suomalaiset ovat geneettisesti melko lingistically Euroopan, kun taas saamelaiset ovat hyvin erilaisia.

Sajantila ja Pääbo n (1995) teoria on kolme ongelmaa.

Ensinnäkin, on epätodennäköistä, numeerisesti ylivoimainen tunkeilijat monimutkaisempi sosiaalinen organisaatio tulla kielellisesti omaksua lukumääräisesti huonompi alkuperäiskansojen ihmisiä yksinkertaisempi sosiaalinen organisaatio. Toiseksi, virolaiset ja Livs, elävät eteläpuolella lahden Suomessa, ovat suomalais-ugrilaiset, vaikka ei ole koskaan ollut lappalaisten näillä alueilla, joilla voisi olla kielellisesti rinnastetaan Indo-eurooppalaiset. Kolmanneksi, ns lappalaiset joka asui Etelä- ja Keski-Suomessa vuonna keskiajalla on voinut olla geneettisesti samankaltaisia (siis lappalaisia – ei saameölaisia-SL lisäys) moderni suomalaiset ja erillinen moderni saamelaiset Pohjois Fennoskandiassa.

Näistä syistä pidän enemmän todennäköistä, **että Battle-Axe ihmisiä saapui Suomessa puhui ProtoBaltic-Suomen kieli** (uralilaisten kielten vaikutteita ProtoBaltic kieliä) **ja että ne eivät merkittävästi erilaisia Geneettisesti asukailta Etelä-Suomessa.**

Tämä teoriaa tukee arkeologisia todisteita Virosta, osoittaa Viron Johdollinen Ware kulttuuri oli alkuperäiskansojen tausta (Lang 1998). Jos tämä oli totta, BalticFinnic kieli Mollusca ja ihmiset syntynyt Latviassa ja Virossa noin 3200 cal. BC, kun paikallinen metsästäjä-keräilijät tuli kohdistuu huomattava kielellinen ja kulttuurinen vaikutus maatalouden elantonsa etelämpänä. Ulkonäkö Langalliset

Ware kulttuuria Suomessa sitten osoittavat saapumista Baltic-suomalaiset Suomessa noin 3200 cal. BC.148

Markku Niskanen Ihmiskunnan Quarterly

Viime arvio päivämäärästä geneettisen eroavaisuuksia Virolaiset ja suomalaiset mitokondrion DNA tiedot voisivat tukevat tätä teoriaa. Sajantila et ai. (1996) arvioi päivämäärä noin 3900 (1900 eKr.) vuotta saapumista suomalaisten Suomi olettaen mutaationopeus yhden korvattavuuden 50 sukupolvien ja sukupolvi aika 20 vuotta. Jos keskimääräinen sukupolven aika on 25 vuotta (joka on enemmän todennäköistä), tämä päivämäärä oli 4875 cal. BP (2875 cal. BC), joka suostuu hyvin saapuminen Battle Axe (Johdollinen Ware= Nauhakeramiikka /vasarakirveskulttuuri –lis- SL) kulttuuria Suomessa. Jos virolais-suomalainen eroja päivämäärä perustuu Keskimääräinen mutaatio hinnat koko nukleotidisekvenssi ja mutaationopeus on yksi substituutio 5000 vuotta (Riippumaton sukupolvien lukumäärä), tämä ero **tapahtui 10000 cal. BP (8000 cal. EKr.), jolloin Suomi oli ensimmäistä ratkaistu.** Palaan näihin päivämääriä eteenpäin.

Onko geneettinen esi suomalaiset saapuivat Suomi 5000 tai 10000 vuotta sitten, divergenssi BalticFinns eri etnisten ryhmien joko alkanut tai kiihtynytaikana pronssikaudella (1500-500 eKr.).

Scandinavian Bronze kulttuuri saapui etelä- ja länsirannikolla alueilla Suomi, Skandinavian maahanmuuttajia, joilla oli pysyvää vaikutusta suomalainen geenipooleina ja kieli. Suomalaiset tuli geneettisesti samanlaisia pohjoismaalaisia ja sai Proto-germaaninen laina sanoja. Nämä varhaiset Scandinavian maahanmuuttajat olivat kielellisesti ja geneettisesti sulautuneet alkuperäisväestön. **Keskiaika toi lisää Skandinavian maahanmuuttajia osaksi Suomessa.** Ruotsinkielinen vähemmistö Etelä- ja länsirannikolla polveutuu Ruotsin maahanmuuttajat, jotka saapuivat vuosina AD 1100-1300. Tämä maahanmuutto vähenee suomalaisten geneettinen etäisyys Ruotsalaiset (mahdollisesti kustannuksellaan että sen virolaiset) koska siellä oli alusta alkaen huomattava määrä sekä (Virtaranta-Knowles et ai. 1991). Kielellinen suhde Baltian-Suomen ja saamen kieliä on johtanut oletukseen, että Baltian-suomalaisten ja Saamen laskeutua geneettisesti samasta väestöstä, ja Baltic-suomalaisten esi-isät poikkesivat Saamis "esi-isät kuin johtaa melko äskettäin Baltian ja germaaninen vaikutteita ensimmäisestä mainittiin (ks. Häkkinen 1996 tarkastelu). Kuitenkin Baltic-suomalaiset ja saamelaiset ovat geneettisesti liian kaukana each **Origin ja Baltian-suomalaiset Fyysiset Antropologinen näkökulma 149 Volume XLIII numero 2, Winter 2002** toinen on polveutuvan yhteisestä esi väestöstä asui vain noin 5000 vuotta sitten.

Siksi on todennäköisempää, että esi suomalaisten ja saamelaisten erotettu toisistaan alussa viimeisen jääkauden Suurin noin 23.000 BP ja tapasivat toisensa uudelleen Pohjois Fennoskandiassa noin 8500 BP.

Jos edellä mainittu väite on oikea, niin sanotut lappalaiset asui Etelä- ja Keski-Suomessa vielä alkuvaiheessa historiallisen ajan ja modernin saamelaisten pohjoisen Fennoskandiassa olivat geneettisesti erillään toisistaan. **Arkeologiset tutkimukset voivat tukea tätä teoriaa. Matti Huurre** (1983) on esittänyt, että eteläisen rajan todellisen saamelaisten oli lähellä pohjois-etelä keskiviivaan Suomessa. geneettinen erotettavuutta nykyaikaiset saamelaisten pohjoisen Fennoskandiassa (esimerkiksi "Saamen-spesifinen motiivi" niiden mtDNA löysi Sajantila et ai. 1995) on saattanut periytyvät aikaisintaan asukkaat Arctic rannikolla, joka saapui pohjoiseen pitkin Norja rannikolla. Nämä väestön, jonka esi-kieli on tuntematon, voi olla tullut Uralilaiset (tarkemmin sanottuna Lappic)-kaiuttimet seurauksena kulttuuriset yhteydet Proto-Lappic puhuvia ihmisiä saapuu etelästä. Jos näin oli, lappalaiset eteläisen puolet Suomen olisi puhunut Lappic (saame) murteita, mutta olivat geneettisesti samankaltaisia elantonsa etelämpänä Itä Itämeren alueella (**sisämaan lappalaiset puhuivat Suomusjärven kulttuurin vanhakantaista esi varhaikanta suomea, ei mitään saamelaista-lisäys SL**).

Nämä Etelä lappalaisia olivat myös sisällytetty geenipoolin pohjoiseen laajenee Suomen kantoja keskiajalla. Syy miksi geneettinen osuus geenipoolin suomalaisten ei havaittavissa voi olla geneettinen **samankaltaisuus assimilators**. Geneettisen affiniteetit ns lappalaiset eteläisen puolet Suomessa ovat oleellisia suomalaisten alkuperästä. Ennen kuin tietää geneettisen rakenteen ns lappalaiset, että Etelä puolet Suomen (uuttamalla DNA vanhoista luut) emme koskaan pysty määrittämään alkuperä

Baltic-suomalaiset ja kun suomalaiset saapuivat Suomessa. Jos Etelä lappalaiset olivat geneettisesti saamelaiset, suomalaisten esivanhemmat luultavasti ei saavu Suomessa vasta noin 3200 eaa. Jos nämä

Etelä lappalaiset olivat geneettisesti ei-saamelaiset, suomalaisten esivanhemmat voinut saapui Suomessa kun alue sai ensimmäiset asukkaat noin 10000 vuotta sitten. Kun otetaan huomioon käytettävissä todisteita, voimme olla varmoja, kuitenkin, että

suomalaisen ancestors 150 Markku Niskanen Ihmiskunnan Quarterly saapui Suomessa ainakin 3000 vuotta aikaisemmin kuin perinteiset muuttoliike teoria sallisi.

Johtopäätös

Kun suomalaisten esivanhemmat saapuivat Suomessa, emme voi kieltää Euroopan alkuperää Baltian-suomalaiset ja muut FinnoUgric ihmisiä perustuvat käytettävissä fyysistä antropologista ja arkeologisia tietoja. Geneettinen ja mahdollisesti kielelliset esivanhemmat useimpien suomalais-ugrialaisten ihmiset olivat hyvin todennäköisesti huntergatherers jotka asuivat periglacial vyöhykkeen välissä Karpaattien ja Volga viime jääkauden maksimi. Voisimme sanoa, että siitä puhtaasti fyysinen antropologista point-of-view, Baltian-suomalaiset ovat joko itäisimmän Northwest eurooppalaiset tai läntisin Koillis Eurooppalaisia.

Viitteet

Barbujani, G. ja Sokal, R.R.

1990 vyöhykkeet jyrkkä geneettinen muutos Euroopassa ovat myös kielellistä rajat. Proceedings of National Academy of Science, USA 87:1816-1819.

Brues, A.

1977 Ihmiset ja kilpailuista. New York: MacMillan.

Cavalli-Sforza, L.L. et al.

1994 historia ja maantiede ihmisen geenien. Princeton: Princeton University Press.

Coon, C.S.

1939 Races of Europe. New York: MacMillan.

Dolukhanov, P.M.

1986 Luonnonympäristö ja holoseenikauden asutusrakennetta vuonna luoteisosassa Neuvostoliiton. Fennoskandian Archaeologica 3:3-15.

Dolukhanov, P.M.

1993 pleistoseeni-Holocene rajan. Julkaisussa O. Soffer (toim.) Alkaen Kostenki Clovis, s. 189-196: New York: Plenum Press.

Eriksson, A.W.

1988 Antropologia ja terveyden lappalaiset. Collogium Anthropologicum 12:197-235.

Fodor, I.

1976 pääkohdat suomalais-ugrialaisten arkeologian. P. Hajdú (toim.) Antiikin kulttuurit uralilaisten kansojen, s. 49-78. Budapest: Corvina Paina.

Guglielmino, C.R. et ai.

1990 uralilainen geenit Euroopassa. American Journal of Physical antropologian 83:57-68. Alkuperä Baltic-suomalaiset Fyysiset Antropologinen näkökulma 151 Volume XLIII numero 2, Winter 2002

Hajdú, P.

1976 kielellinen tausta geneettisiä suhteita. P. Hajdú (toim.) Antiikin kulttuurit uralilaisten kansojen, s. 11-46. Budapest: Corvina Paina.

Heapost, L.

1993 Väestö-geneettinen karakterisointi virolaisten. E. Iregren ja R. Liljekvist (toim.) populaatiot Pohjoismaiden, s. 216 - 225. Lund: Österblomin.

Howells, W.W.

1989 Skull Muodot ja kartta. Cambridge: Harvard University Press.

Huurre, M.

1983 9000 Hoitovuorokausia Suomen Esihistoriaa. Keuruu: Otava.

Häkkinen, K.

1996 Suomalaisten Esihistoria Kielitieteen Valossa. Helsinki: Suomalaisen Kirjallisuuden Seura.

Työtön, M. A. et ai.

1996 Toistuva päällekkäisyyksiä ja poistaa polymorfismi pitkällä varsi Y-kromosomi normaalissa miehillä. Human Molecular Genetics 5:1767-1175.

Julku, K.

1995 Suomalais-ugrialaisten alkukodin ongelma. K. Julku (toim.)

Rajamailla II, s.. 134-153. Jyväskylä: Gummerus.

Kajanoja, P. (toim.)

1978 Fyysinen antropologia Komi. Suomen Antropologisen Seuran Toimituksia 4. Helsinki: Helsingin yliopisto.

Karafet, T.M. et ai.

1997 Y-kromosomi tutkimuksessa Samojedinkoira ryhmissä Siberia: jäljittämistä välineestä antiikin vaellukset ja näyttöä alapopulaatioissa erilaistumista. American Journal of Physical antropologian, Suppl. 24:140-141.

Kemiläinen, A. (toim.)

1985 Mongoleja VAI Germaaneja. Helsinki: Vammalan Kirjapaino.

Kemiläinen, A.

1993 Suomalaiset Outo Pohjolan Kansa. Helsinki.

Kilpeläinen, J.I.

1985 Rotuteoriat läntisistä Suomalais-ugrilaisista kansoista KeskiEuroopan antropologiassa JA Suomalaisten reaktiot niihin. A.

Kemiläinen (toim.) Mongoleja VAI Germaaneja? pp.163-193. Helsinki: Vammalan Kirjapaino.

Kittles, R.A. et ai.

1998 Dual alkuperä suomalaisten paljastui Y-kromosomin haplotyyppi vaihtelua. American Journal of Human Genetics 62:1171-1179.

Korhonen, M.

1984 Suomalaisten suomalais-ugrilainen tausta historiallis-vertailevan kielitieteen valossa. In Suomen Väestön Esihistorialliset Juuret, s. 55 - 72. Helsinki: Suomen Tiedeseura.

Lahermo, P. et ai.

1996 geneettinen suhde suomalaisten ja Suomen saamelaisten (Lappalaisten): analyysi tuman DNA ja mtDNA. American Journal of Human Genetics 58:1309-1322.152 Markku Niskanen

Ihmiskunnan Quarterly

Lang, V.

1998 joitakin näkökohtia Johdollinen Ware kulttuuri itään Itämeren. Sisään

K. Julku ja K. Wiik (toim.) Juuret kansojen ja kielten

Pohjois Eurasia I, s. 84-104. Jyväskylä: Gummerus.

Liptak, P.

1980 Fyysinen antropologia suomalais-ugrialaisten kansojen. In I. Schwidetzky et ai. (Toim.) Fyysinen antropologia Euroopan Populaatiot, s. 365-368. Haag: Mouton Publishers.

Mallory, J.P.

1989 In Search of Indo-eurooppalaiset. Lontoo: Thames and Hudson.

Mark, K.

1970 Zur Herkunft der Finnisch-Ugrischen Völker vom Standpunkt der Anthropologie. Tallinna: Verlag Eesti Raamat.

Meinander, C.F.

1984 Kivikautemme väestöhistoria. Vuonna Suomen Väestön Esihistorialliset Juuret, s. 21-48. Helsinki: Suomen Tiedeseura.

Nei, M. ja Roychoudhury, K.

1993 Evolutionary suhteet väestössä maailmanlaajuisesti.

Molecular Biology Evolution 10:927-943.

Nevanlinna, H.R.

1973 Suomen Väestörakenne: Geneettinen JA Geneologinen Tutkimus. Helsinki: Vammala.

Nevanlinna, H.R.

1978 Genetics näkökohdat harvinaisia neurologisia sairauksia. Acta Neurologica Scandinavia 57 (suppl 67) :37-55.

Niskanen, M.E.W.

1994a alkuperä ja yhtäläisyyksiä suomalaisten ja saamelaisten (lappalaisten): monitieteistä lähestymistapaa. Esitelmä American

Antropologinen Association vuosikokouksessa, Atlanta, Georgia.

1994b valmisteleva Craniometric Tutkimus Pohjois- ja Keski-

Euroopan populaatiot. Väitöskirjan, Washington State Yliopisto.

1998 geneettinen suhteet Pohjois- ja Keski-Euroopassa vuonna valossa craniometric mittauksen ja geenin taajuuksilla. K.

Julku ja K. Wiik (toim.) Juuret kansojen ja kielten

Pohjois Eurasia I, s. 134-150. Jyväskylä: Gummerus.

Nuñez, M.

1987 malli nopeasti sopimus Suomessa. Fennoskandiassa Archaeologica 4:3-18.

Piazza, A. et ai.

1995 Genetiikka ja alkuperän eurooppalaisia kieliä. Proceedings of the National Academy of Science, USA: 92:5836-5840.

Renfrew, C.

1987 Arkeologia ja kieli. Cambridge: Cambridge University Press.

1992 Arkeologia, genetiikka ja kielellistä monimuotoisuutta. Mies 27:445-478.

Sajantila, A. et ai.

1995 Geenit ja kielet Euroopassa: analyysi mitokondrioiden

suvusta. Genome Research 05:42:52. Alkuperä Baltic-suomalaiset Fyysiset Antropologinen näkökulma 153 Volume XLIII numero 2, Winter 2002

Sajantila, A. et ai.

1996 Paternal ja äidin DNA suvusta paljastaa pullonkaula

perustamassa Suomen väestöstä. Proceedings of National Academy of Science, USA: 93:12035-12039.

Sajantila, A. ja Pääbo, S.

1995 Kieli vaihto Skandinaviassa. Nature Genetics 11:359-360.

Salo, U.

1996 Suomalais-ugrilainen kielihistoria Suomen historian näkökulmasta.

Vuonna. K. Julku (toim.) Historia Fenno-Ugrica I: 2, s. 335-353. Oulu:

Societas Historiae Fenno-Ugricae.

Schild, R.

1996 Pohjois-Euroopan Plain ja Itä Sub-Balticum välillä

12700 ja 8000 BP. Vuonna L.G. Straus et ai. (Toim.) ihmisellä End

ja Ice Age, s. 129-157. New York: Plenum Press.

Setälä, E.N.

1926 A. Kannisto et ai. (Toim.) Suomen Suku I, s. 120-189. Helsinki:

Otava.

Soffer, O. (toim.)

1990 World at 18000 BP. Lontoo: Plenum Press.

Torroni, A. et ai.

1998 mtDNA analyysi paljastaa suuren Late Paleolithic väestön

laajentaminen Lounais ja Koillis-Euroopassa. Amerikkalainen

Lehdessä Human Genetics 62:1137-1152.

Villems, R. et ai.

1998 Jälleenrakennus äidin suvusta suomalais-ugrilaisten puhuva

ihmisiä ja joitakin huomautuksia niiden isän perintönä. K.

Julku ja K. Wiik (toim.) Juuret kansojen ja kielten

Pohjois Eurasia I, s. 180-200. Jyväskylä: Gummerus.

Virtaranta-Knowles, K. et ai.

1991 väestön geneettinen tutkimus Suomessa: Vertailu Finnishand ruotsinkielisen väestön. Ihmisen

Hereditas 41:264-284.

Wiik, K.

1995 Itämerensuomalaisten kansojen JA kielten syntykysymyksiä: B Uusia

kontaktiteoriaan perustuvia Ratkaisuja (esitelmämoniste). Turku:

julkaisematon käsikirjoitus.

Zerjal, A.A. et ai.

1997 Genetic suhteet aasialaiset ja Pohjois-Euroopassa, paljasti

by Y-kromosomi-DNA analyysi. American Journal of Human Genetics

60:1174-1183.

Zubow, A.A. (Toim.)

1979 Nowye on sledowanij po antropolgii marijcew materialam Sowetsko-Finlnqndskoj kspedicii wmarijsku

@ ASNT Izdatelstwo. Nauka, Moskwa.

Zvelebil, M. (toim.)

1986 Hunters Siirtymätalouksien. Cambridge: Cambridge Univer