

Idästä vai lännestä? Suomalaisten geneettiset sukujuuret

Mitokondriaalisen DNA:n (mtDNA) ja Y-kromosomin muuntelua voidaan käyttää apuna selvittäessä väestöjen alkuperää, sukulaisuutta ja muuttoreittejä. MtDNA-tutkimukset ovat osoittaneet suomalaisten olevan äitilinjoiltaan läntistä, eurooppalaista alkuperää, mutta Y-kromosomaalisissa isälinjoissa nähdään sekä läntistä että itäistä vaikutusta. Myös saamelaisten äitilinjoista valtaosa on länsieurooppalaisia, isälinjoista hieman alle puolet. Uusimpien populaatiogeneettisten tutkimusten mukaan geneettiset esivanhempamme eivät tulleet tänne yhdessä muuttoaallossa Volgan mutkasta, vaan väestöä on tullut Suomen alueelle vaiheittain useissa aalloissa aina sen mukaan, miten mannerjäää on Suomen alueelta vetäytynyt. Esivanhempamme eivät olleet mikään yhtenäinen eikä erillinen osa silloista väestöä, vaan he olivat sekoittuneena siihen joukkoon, jossa kaikkien muidenkin eurooppalaisten väestöjen esivanhempamat olivat.

Eri väestöjen sukujuuria ei voida selvittää vain yhden tieteenalan perusteella. Genetiikka, arkeologia, kielitiede – kaikki lähestyvät asiaa omin keinoinensa ja kysymyksenasetteluinensa, eikä tutkimustulosten yhteen sovittaminen ole aina ongelmatonta. Usein eri asiantuntijoiden samoihin kysymyksiin antamat vastaukset ovat keskenään ristiriitaisia, emmekä aina tiedä, onko esimerkiksi parempi määrittellä väestöt kielen vai geenien perusteella – vai molempien. Tässä artikkelissa keskitymme siihen, mitä moderni molekyyli- ja populaatiogenetiikka tarjoavat suomalaisten sukujuurten selvittelyssä.

Nykyihmisen syntysijana pidetään Saharan eteläpuolista Afrikkaa, josta ihmisiä alkoi siirtyä Lähi-itään ja Aasiaan noin 100 000–120 000 vuotta sitten. Osa heistä siirtyi nykyisen Euroopan alueelle kahdessa aallossa, joista ensimmäisen ajankohta oli noin 40 000 vuotta ja jälkimmäinen noin 28 000 vuotta sitten. Näiden ihmisten geneettisiä jälkeläisiä me nykysuomalaiset olemme – kuten kaikki muutkin eurooppalaiset.

Eurooppalaisten esivanhempien saapuessa nykyisen Euroopan alueelle jäätikkö peitti suuren osan Pohjois-Eurooppaa. Väestöä liikkui jään reunamilla edestakaisin: jääkauden lämpimämpien jaksojen aikana jään reuna vetäytyi, jolloin väestöä siirtyi kohti pohjoista, ja kylmempinä kausina tultiin takaisinpäin etelään. Väestöä keskittyi ns. pakoalueille eli refugeihin, jotka nykymaantieteen nimistöjen mukaisesti sijaitsivat Iberian, Balkanin ja Ukrainan alueilla. Vanhimmat arkeologiset todisteet asutuksesta Suomen alueella ovat noin 10 000 vuoden takaa, jolloin väestöä liikkui mannerjään eteläreunan tuntumassa jo nykyisen Etelä-Suomen tienoilla (Takala 2004, Wiik 2004). Myöhemmin Suomeen idästä saapuneeseen kampakeraamiseen kulttuuriin ja etelästä tulleeseen vasarakirves- eli nuorakeraamisen kulttuuriin on myös saattanut liittyä uuden asutuksen saapumista ja sekoittumista vanhaan populaatioon. Tärkeimmät Suomen alueelle suuntautuneet kulkureitit on esitetty kuvassa.

Voimme ryhtyä tarkastelemaan, miten tämä



KUVA. Tärkeimpien äiti- ja isälinjojen kulkureitit Suomen alueelle.

historia näkyy geneissämme – mitä geenimme kertovat siitä, keitä geneettiset esivanhempamme mahdollisesti olivat.

Äitilinja: Mitokondrion DNA

Väestöjen alkuperää, keskinäisiä sukulaisuussuhteita ja muuttoreittejä tutkittaessa on jo runsaan parinkymmenen vuoden ajan hyödynnetty mitokondrion DNA:ta (mtDNA). Tuman kromosomien lisäksi DNA:ta on myös mitokondrioissa, jotka huolehtivat solun energiantuotannosta. Ihmisen mtDNA-molekyylillä on noin 16 600 emäksen mittainen rengasmäinen DNA-molekyylillä, joita on kussakin solussa sadoista useampiin tuhansiin. Kun jälkeläinen saa tuman geneejiä

yhden kopion kummaltakin vanhemmaltaan, periytyvät nämä tuhannet mtDNA-molekyylit ainoastaan äidiltä sekä pojille että tyttärille: geenetikot puhuvat uniparentaalisesta periytymisestä. Tuman DNA:han verrattuna mtDNA:ssa tapahtuu runsaasti mutaatioita. Koska ne eivät korjausmekanismien tehottomuuden vuoksi korjaudu, mutaatiot myös jäävät mtDNA:han. MtDNA:ssa ei tapahdu rekombinaatioita, joten mutaatiot ovat sen ainoa muuntelun lähde. Mutaatiot kertyvät mtDNA:han hierarkkisesti muodostaen äitilinjoja. MtDNA:n merkkitekijöinä, markkereina, käytetään pääasiassa yhden emäksen muutoksia eli »snippejä» (single nucleotide polymorphism, SNP). Mutaatiot luonnehtivat toisiinsa liittyviä mtDNA-tyyppien

ryhmiä, joita kutsutaan haploryhmiksi. Kaikilla samaan haploryhmään kuuluvilla henkilöillä on tämä sama mutaatio kaikissa mtDNA-molekyyleissään, koska haploryhmiä luonnehtivien mutaatioiden on ajateltu tapahtuneen lajimme historian aikana vain kerran ja olevan siis hyvin vanhoja ja stabiileja. Haploryhmillä on selvä maantieteellinen jakauma afrikkalasiin, eurooppalasiin ja aasialasiin; aasialaisista polveutuvat alkuperäisamerikkalaisten (intiaanien) haploryhmät.

Eurooppalaisessa väestössä esiintyvät mtDNA-tyypit jakautuvat yhdeksään päähaploryhmään, joita historiallisista syistä on alettu merkitä kirjaimilla H, I, J, K, V, T, U, W ja X (Torroni ym. 1996). Alun perin haploryhmät karotettiin ns. RFLP-analyysillä, jossa haploryhmää luonnehtiva mutaatio havaitaan joko tietyn restriktioentsyymin tunnustuskohdan puuttumisena tai esiintymisenä mtDNA:ssa. Molekyyligeneettisten menetelmien kehittymisen ja tehostumisen myötä on siirrytty yhä enemmän koko mtDNA:n kattavaan sekvensointiin, ja täydellisen sekvenssitiedon perusteella päähaploryhmät on voitu jakaa lukuisiin alahaploryhmiin ja edelleen moniin alalinjoihin, jolloin muodostuu puumaisia fylogenioita. Näin tutkimuksia eri väestöjen alkuperästä, keskinäisistä sukulaisuussuhteista ja muuttoreiteistä on voitu huomattavasti tarkentaa. Päätelmät tehdään määrittämällä eri haploryhmien ja alahaploryhmien yleisyydet nykyväestöissä ja vertaamalla näitä keskenään; lisäksi apuna voidaan käyttää myös esimerkiksi arkeologisia tietoja. Esimerkiksi muuttoreitit näkyvät mtDNA:n monimuotoisuudessa siten, että alueilla, joilla tietty haploryhmä on syntynyt, se on yleisempi kuin alueilla, minne se on levinnyt. Haploryhmien syntyajokakin voidaan laskea mtDNA:n arvellun mutaatiovauhdin perusteella, mutta laskelmat ovat hyvin summittaisia ja parhaimmillaankin vain suuntaa antavia – mtDNA:n mutaatiovauhtia kun emme voi tietää tarkasti.

MtDNA:n haploryhmien yleisyyksien perusteella suomalaisten – saamelaisia lukuun ottamatta – on todettu äitilinjojensa puolesta vastaavan muita eurooppalaisia väestöjä (mm. Torroni ym. 1996, Lahermo ym. 1999, Sajantila ym. 1996). Samankaltaista haplotyyppijakaumaa

eli eurooppalaisia äitilinjvoja edustavat muutkin suomalais-ugrilaisen kielialueen länsireunan kansat, mutta Uralin taakse mentäessä alkavat aasialaiset haploryhmät yleistyä (mm. Derbeneva ym. 2002). Jonkin verran itäistä vaikutusta äitilinjoiissamme näkyy, sillä suomalaisilta on löydetty – joskin harvinaisena – ainakin yksi äitilinja, joka edustaa erästä aasialaisilla kansoilla yleistä haploryhmää.

Eurooppalaisten yleisin haploryhmä on H, joka kattaa noin 40–60 % eurooppalaisista (mm. Torroni ym. 1996 ja 1998, Pereira ym. 2005). Noin 40 % suomalaisesta väestöstä kuuluu tähän haploryhmään. Muita yleisiä haploryhmiä meillä ovat U ja J (Torroni ym. 1996). Haploryhmän H arvellaan syntyneen Lähi-idässä noin 25 000–30 000 vuotta sitten (mm. Torroni ym. 1998). Sieltä se toisen siirtymäaallon neoliittisen Gravette-migraation mukana levisi kautta koko Euroopan ja edustui siten kaikkien refugien väestöissä ja kulkeutui edelleen aina pohjoisemmaksi (Achilli ym. 2004). Haploryhmä H on ollut siis mukana kaikissa Euroopan alueen muuttoaloissa, mistä aiheutuu sen tasaisen yleinen levinneisyys koko nykyisessä Euroopassa. Näin ollen yksittäisten väestöjen muutoista ja keskinäisistä sukulaisuuksista ei voida paljon päätellä päähaploryhmän yleisyyden perusteella. Sen sijaan kun haploryhmä jaetaan alahaploryhmiin, saadaan tarkempaa tietoa. Kahden alahaploryhmän H1:n ja H3:n on havaittu olevan yleisimpiä Lounais-Euroopassa, mm. baskiväestön keskuudessa (Achilli ym. 2004, Pereira ym. 2005), ja näiden katsotaan syntyneen Iberian refugin alueella (Achilli ym. 2004).

Poikkeuksena muista suomalaisista saamelaisen äitilinjat erottuvat muista eurooppalaisista, sillä vain noin 5,3 % niistä kuuluu haploryhmään H (Achilli ym. 2004). Näistä puolestaan suurin osa sijoittuu alahaploryhmään H1. Tämän arvellaan siirtyneen Iberian alueelta pohjoiseen Fennoskandiaan läntistä reittiä Norjan rannikkoa pitkin – idästä se on tuskin tullut, koska siperialaisilla väestöillä ei esiinny alahaploryhmää H1 (Tambets ym. 2004). Myös arkeologisten löydösten mukaan varhaisimmat asukkaat saapuivat pohjoiseen Fennoskandiaan juuri läntistä reittiä noin 9 000 vuotta eKr.

Kaiken kaikkiaan saamelaisten äitilinjat ovat vähälukuisempia kuin suomalaisten ja eurooppalaisten yleensä. Saamelaisilta puuttuvat lähes tyystin haploryhmät I, J, K, T, W ja X; sen sijaan liki 90 % heidän äitilinoistaan edustaa haploryhmiä U ja V, joihin suomalaisten äitilinoista kuuluu vain noin 20 % (Lahermo 1999). Haploryhmä U on hyvin vanha päähaploryhmä, jonka iäksi on arvioitu noin 60 000–70 000 vuotta. Sen arvellaan syntyneen melko pian sen jälkeen, kun nykyihmisen siirtyminen Afrikasta alkoi (Achilli ym. 2005). Haploryhmä U jakautuu useisiin alahaploryhmiin, joiden taajuudet vaihtelevat eri väestöissä. Euroopassa on hyvin laajalle levinnyt alahaploryhmä U5, jonka on laskettu syntyneen noin 40 000–50 000 vuotta sitten. Saamelaisten mtDNA:t kuuluvat tiettyyn linjaan U5b1b, jota esiintyy myös itäisessä Euroopassa, Kaukasuksella ja jopa Pohjois-Afrikassa asti (Tambets ym. 2004, Achilli ym. 2005). Linjan on arveltu syntyneen noin 9 000–11 000 vuotta sitten Iberian refugin alueella ja kulkeutuneen sieltä laajalle koilliseen ja etelään, ei kuitenkaan Siperiaan asti (Achilli ym. 2005).

Linjojen H1 ja U5b1b yleisyydet ja levinneisyys muistuttavat hyvin paljon haploryhmää V, jonka syntysijana pidetään myös Iberian refugia (Torrioni ym. 2001). Sitä tavataan myös itäisessä Euroopassa aina Volgan seudulle asti. Tiedyt, itäiset linjat ovat saamelaisilla yleisiä, minkä perusteella on päätelty äitilinjoiden kulkeutuneen pohjoiseen Fennoskandiaan Itä-Euroopan suunnalta (Tambets ym. 2004).

Haploryhmien yleisyydet nykyväestöissä heijastavat siis väestöjen liikettä syntysijoiltaan. Pohjoiseen Fennoskandiaan tultiin lännen suunnalta ilmeisesti kahta reittiä. Itäisempi reitti on kulkenut Keski-Euroopasta itään mm. Volgalle, josta on siirrytty Karjalan ja Suomen kautta pohjoiseen. Läntisempi reitti on suuntautunut Keski-Euroopasta Länsi-Norjan rannikkoa pitkin (Wiik 2004).

Isälinja: Y-kromosomi

Viime aikoina on mtDNA:n rinnalle populaatiogenetiikan työvälineeksi noussut Y-kromosomi. Se periytyy uniparentaalisesti, isiltä po-

jille, eikä suurimmalta osaltaan rekombinoidu. Mitokondriaalisia äitilinoja vastaavasti Y-kromosomin DNA-sekvenssin muuntelun perusteella voidaan muodostaa isälinjoja, jotka edelleen yhdistyvät haploryhmiksi yhteisten mutaatioiden perusteella.

Y-kromosomin käyttö populaatiogenetiikassa on mtDNA:han verrattuna ollut vähäisempää. Y-kromosomin mutaatiovauhti ei ole yhtä nopea kuin mtDNA:n, joten vastaavien informatiivisten merkkitekijöiden löytyminen on ollut hitaampaa. Siinä missä mtDNA:n mutaatiot ovat valtaosin yhden emäksen muutoksia, Y-kromosomitutkimuksissa voidaan hyödyntää lisäksi pieniä insertioita, deleetioita ja duplikaatioita sekä ns. mikrosatelliitteja. Mikrosatelliittien mutaatiovauhti on nopea muihin mutaatiotyyppihin verrattuna, joten niiden avulla on mahdollista tutkia myös väestöjen sisäisiä suhteita.

Suomalaiset ovat äitilinjojensa puolesta hyvin yleiseurooppalaisia ja homogeenisia, mutta isälinjoissa havaitaan eroja. Suomalaisissa isälinjoissa erottuu kaksi päälinjaa, läntinen ja itäinen (Kittles ym. 1998, Lahermo ym. 1999, Hedman ym. 2004). Läntistä isälinjaa edustaa selkeimmin haploryhmä I, jota esiintyy ainoastaan Euroopassa ja aivan erityisen yleisesti Skandinaviassa. Länsi-Suomessa sen yleisyys on yhtä suuri kuin Ruotsissa, mikä kertoo voimakkaasta skandinaavisesta vaikutuksesta alueella (Koivumäki ym., julkaisematon havainto). Y-kromosomin vaihtelun perusteella Länsi-Suomen voidaan siis katsoa kuuluvan skandinaaviseen alueeseen. Itäisestä vaikutuksesta puolestaan kertoo tietyn merkkitekijän ns. TatC-polymorfian esiintyminen noin 60 %:ssa suomalaisista isälinjoista (Zerjal ym. 1997, Lahermo ym. 1999). Kyseessä on yhden emäksen muutos, josta tunnetaan kaksi muotoa, T ja C. TatC-muotoa tavataan Koillis-Euroopassa ja Pohjois-Aasiassa, mutta läntisestä Euroopasta se puuttuu lähes tyystin (Zerjal ym. 1997, Tambets ym. 2004). Suomalaisten lisäksi TatC-muotoa esiintyy yleisenä balteilla, joiden isälinjoista noin 30–40 % on tätä itäistä tyyppiä (Laitinen ym. 2002). Toinen TatC-muodon ydinalue on idässä, jossa sitä löytyy Siperian jakuuttien ja Mongolian burjaattien isälinjoissa (Zerjal ym. 1997). Suomalaisten ja balttilaisten

isälinjojen samankaltaisuus kertoo läheisestä geneettisestä sukulaisuudestamme balttien kanssa. Tämä ei enää näy kielisukulaisuudessa, sillä latvialaisten ja liettualaisten arvellaan vaihtaneen suomalais-ugrilaisen kielensä indoeurooppalaiseen kieleen (Laitinen ym. 2002). Sitä, onko TatC-muoto alun perin syntynyt idässä vai lännessä ja mihin suuntaan geenivirta on siis kulkenut, ei toistaiseksi voida sanoa varmasti.

Myös saamelaisten isälinjoissa havaitaan itäinen ja läntinen jakauma: noin puolet isälinjoista edustaa TatC-muotoa, puolet Euroopassa yleisiä isälinjoja (Tambets ym. 2004).

Suomalaisten isälinjojen jakautumisen kahden päälinjaan voidaan tulkita vahvistavan käsitystä siitä, että Suomen aluetta ei asutettu yhdessä muuttoaallossa, vaan päämuuttoaaltoja oli ainakin kaksi: toinen idästä Laatokan tienoilta, toinen lännempää Suomenlahden eteläpuolelta (Kittles ym. 1998, Lahermo ym. 1999, Raitio ym. 2001). Sen lisäksi, että TatC-muoto on yleisempi itäisissä maakunnissamme, myös muissa merkkitekijöissä on todettu selvä ero itäisten ja läntisten maakuntien välillä (Raitio ym. 2001, Hedman ym. 2004; Koivumäki ym., julkaisematonta havainto). Suomen itä-länsi-jakautuma näkyy myös kulttuurisina ja antropologisina eroina ja jopa epidemiologisesti mm. sydän- ja verisuonitautien esiintyvyydessä (Juonala ym. tässä numerossa).

Suomalaisilla Y-kromosomin haplotyyppien määrä on vähäisempi kuin muilla eurooppalaisilla väestöillä (Sajantila ym. 1996, Lahermo ym. 1999). Muuntelun vähäisyys voidaan selittää väestöllisillä pullonkauloilla ja niiden aiheuttamalla perintöaineksen vähittäisellä muuntumisella (genetic drift). Sodat, kulkutaudit ja nälänhädät ovat dramaattisesti harventaneet väestöä, jolloin geeniaines on kaventunut. Sitten tältä sattumanvaraisesti kaventuneesta aineksesta on muodostunut kasvavan väestön geenipooli. Tämä ilmiö on näkynyt suomalaisessa tautiperinnössä näihin päiviin asti.

Lopuksi

MtDNA:n ja Y-kromosomin muuntelun perusteella tehtävät tulokset eroavat usein toisistaan. Tämä on havaittu lähes kaikissa populaatiogeneettisissä tutkimuksissa. Miten on selitettävissä, että äitilinjamme osoittavat meidät suomalaiset läntisiksi, isälinjat puolestaan sekä läntisiksi että itäisiksi? Yleensä maantieteelliset rajat saadaan isälinjoissa näkyviin selvemmin kuin äitilinjoissa, koska Y-kromosomin muuntelusta suurempi osa on populaatioiden välistä ja mtDNA:n muuntelusta suurin osa yksilöiden välistä. Lisäksi naiset ovat ns. patrilokaalisen perinteen mukaisesti liikkuneet miehiä enemmän. He ovat muuttaneet miehen kotiin avioliiton myötä, ja usein toisilleen sukua olevat miehet ovat pysyneet maantieteellisesti lähellä toisiaan (Seielstad ym. 1998). Mahdollisesti myös käytetyt merkkitekijät vaikuttavat: mtDNA:sta ei vielä ole löydetty sellaisia merkkitekijöitä, joilla Y-kromosomin lailla saataisiin asteittaiset muutokset näkyviin mm. pohjoisessa Euraasiassa.

Suomalainen tautiperintö puolestaan kertoo lähinnä nyky-suomalaisten perustajaväestön pienuudesta ja maan asutushistoriasta. Sattuma on säädellyt sitä, mitä genejä esivanhempamme mukanaan toivat. Väestömme on kokenut useita pullonkaulavaiheita, jolloin väestön määrä on kulkutautien ja nälänhädän vuoksi pienentynyt rajusti ja alkanut sitten uudelleen lisääntyä sattuman muokkaamasta geenipoolista, mikä on mahdollistanut tiettyjen tautigeenien rikastumisen.

YDINASIA T

- **Suomalaiset ovat äitilinjoiltaan läntisiä ja samankaltaisia kuin muut eurooppalaiset.**
- **Suomalaisten isälinjoissa näkyy sekä läntinen että itäinen vaikutus.**
- **Suomi on asutettu useassa vaiheessa, ja väestö on kokenut alueellisia pullonkaulavaiheita.**
- **Y-kromosomitutkimuksen perusteella geneettisesti läheisimmät sukulaisemme ovat baltit.**

Kirjallisuutta

- Achilli A, Rengo C, Magri C, ym. The molecular dissection of mtDNA haplogroup H confirms that the Franco-Calabrian glacial was a major source for the European gene pool. *Am J Hum Genet* 2004;75:910–8.
- Achilli A, Rengo C, Magri C, ym. Saami and berbers – an unexpected mitochondrial DNA link. *Am J Hum Genet* 2005;76:883–6.
- Derbeneva OA, Starikovskaya EB, Wallace DC, Sukernik RI. Traces of early Eurasians in the Mansi of Northwest Siberia revealed by mitochondrial DNA analysis. *Am J Hum Genet* 2002;70:1009–14.
- Hedman M, Pimenoff V, Lukka M, Sistonen P, Sajantila A. Analysis of 16 STR loci in the Finnish population reveals a local reduction in the diversity of male lineages. *For Sci Int* 2004;142:37–43.
- Kittles RA, Perola M, Peltonen L, ym. Dual origins of Finns revealed by Y chromosome haplotype variation. *Am J Hum Genet* 1998;62:1171–9.
- Lahermo P, Savontaus ML, Sistonen P, ym. Y chromosomal polymorphisms reveal founding lineages in the Finns and the Saami. *Eur J Hum Genet* 1999;7:447–58.
- Lahermo P. Mitochondrial and Y chromosomal variation in the Finno-Ugric speaking peoples. *Turun yliopisto*, 1998.
- Laitinen V, Lahermo P, Sistonen P, Savontaus ML. Y-chromosomal diversity suggests that Baltic males share common Finno-Ugric-speaking forefathers. *Hum Hered* 2002;53:68–78.
- Pereira L, Richards M, Goios A, ym. High-resolution mtDNA evidence for the late-glacial resettlement of Europe from an Iberian refugium. *Genome Res* 2005;15:19–24.
- Raitio M, Lindroos K, Laukkanen M, ym. Y-chromosomal SNPs in Finno-Ugric-speaking populations analyzed by minisequencing on microarrays. *Genome Res* 2001;11:471–82.
- Sajantila A, Salem AH, Savolainen P, ym. Paternal and maternal DNA lineages reveal a bottleneck in the founding of the Finnish population. *Proc Natl Acad Sci U S A* 1996;93:12035–9.
- Seielstad MT, Minch E, Cavalli-Sforza LL. Genetic evidence for a higher female migration rate in humans. *Nat Genet* 1998;20:278–80.
- Takala H. The Ristola site in Lahti and the earliest postglacial settlement of South Finland. Lahti. Lahti City Museum 2004.
- Tambets K, Rootsi S, Kivisild T, ym. The Western and Eastern roots of the Saami – the story of genetic «outliers» told by mitochondrial DNA and Y chromosomes. *Am J Hum Genet* 2004;74:661–82.
- Torrioni A, Huoponen K, Francalacci P, ym. Classification of European mtDNAs from an analysis of three European populations. *Genetics* 1996;144:1835–50.
- Torrioni A, Bandelt HJ, D'Urbano L, ym. mtDNA analysis reveals a major late paleolithic population expansion from Southwestern to Northeastern Europe. *Am J Hum Genet* 1998;62:1137–52.
- Torrioni A, Bandelt H-J, Macaulay V, ym. A signal, from human mtDNA, of postglacial recolonization in Europe. *Am J Hum Genet* 2001;69:844–53.
- Zerjal T, Dashnyam B, Pandya A, ym. Genetic relationships of Asians and Northern Europeans, revealed by Y-chromosomal DNA analysis. *Am J Hum Genet* 1997;60:1174–83.
- Wiik K. Suomalaisten sukujuuret. Keuruu: Otava, 2004.

KIRSI HUOPONEN, FT, dosentti

kirsi.huoponen@utu.fi

TUULI LAPPALAINEN, FM, tutkija

MARJA-LIISA SAVONTAUS, FT, emeritaprofessori

Turun yliopiston biolääketieteen laitos, lääketieteellinen genetiikka

Kiinamylynkatu 10

20520 Turku