

Toim. Ulla Nordfors ja Maj Meriluoto

Muinais-DNA

Avain menneisyyteen

SKS

Muinais-**DNA**

Toim. Ulla Nordfors ja Maj Meriluoto

Muinais-DNA

Avain menneisyyteen

Suomalaisen Kirjallisuuden Seura
Helsinki 2025



Tietolipas 298

Tampereen museoiden julkaisu 177

Teos on Suomalaisen Kirjallisuuden Seuran nimeämien asiantuntijoiden tarkastama.

SKS:n julkaisujen kokoelma kuuluu Unescon Maailman muisti -rekisteriin.

© 2025 Ulla Nordfors, Maj Meriluoto ja SKS

Graafinen suunnittelu: Jaana Tarsa

Kannen kuva: Severi Suni ja Hew Morrison

EPUB: Tero Salmén

ISBN 978-951-858-961-0 (sid.)

ISBN 978-951-858-962-7 (EPUB)

ISBN 978-951-858-963-4 (PDF)

ISSN 0562-6129 (Tietolipas, sid.)

ISSN 2670-2584 (Tietolipas, verkkojulkaisut)

ISSN 1237-5276 (Tampereen museoiden julkaisuja)

DOI <https://doi.org/10.21435/tl.298>

Teos on lisensoitu Creative Commons BY-NC-ND 4.0 International -lisenssillä, ellei toisin mainita. (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/deed.fi>)



Teos on avoimesti saatavissa osoitteessa

<https://doi.org/10.21435/tl.298>

tai lukemalla tämä QR-koodi mobiililaitteella.

Jelgava Printing House, Latvia 2025

Sisällys

Ulla Nordfors & Maj Meriluoto

Johdanto: Arkeogenetiikassa tiede, historia ja inhimillisyys yhdistyvät
– mutta eivät ilman haasteita 6

Nelli-Johanna Saari, Sanni Peltola & Elina Salmela

1. Muinais-DNA:n tutkimusmenetelmät kentältä laboratorioon ja datasta tuloksiksi 32

Sanni Peltola & Päivi Onkamo

2. Neandertalinihmisten, denisovanihmisten ja varhaisten nykyihmisten muinais-DNA-tutkimus 57

Elina Salmela

3. Mitä DNA kertoo Suomen asutushistoriasta? 77

Päivi Onkamo & Ulla Nordfors

4. Haploryhmät – äiti- ja isälinjat kaukaa menneisyydestä 98

Elina Salmela

5. Muinais-DNA ja geneettinen sukulaisuus 121

Ulla Nordfors

6. Arkeogenetiikka yksilöllisten ominaisuuksien jäljillä 147

Ulla Nordfors & Sofia Paasikivi

7. Muinais-DNA osana terveyden ja sairauden monitieteistä arkeologista tutkimusta 174

Riikka Elo

8. DNA-viivakoodaus menneisyyden eliölajistojen ja ympäristöjen tutkimusmenetelmänä 204

Mia Lempiäinen-Avci

9. Kasvien muinais-DNA-tutkimus tarkentaa tietoa viljelyn historiasta 220

Jouni Aspi

10. Arkeogenetiikka eläinten evolutiivisen historian tutkimuksessa 237

Ulla Nordfors & Sofia Paasikivi

11. Proteiinien tutkimus täydentää muinais-DNA:sta saatavaa tietoa 262

Minerva Piha

12. Suomessa puhutut kielet kivikaudelta rautakauden loppuun 282

Liite 308

Kirjoittajat 312

Abstract 315

Sanasto 317

Asiahakemisto 327

Paikkahakemisto 333

Henkilöhakemisto 336

Johdanto

Arkeogenetiikassa tiede, historia ja inhimillisyys yhdistyvät – mutta eivät ilman haasteita

Ulla Nordfors

 <https://orcid.org/0000-0002-4213-4061>

Maj Meriluoto

 <https://orcid.org/0009-0001-5140-6524>

Muinais-DNA-tutkimus on herättänyt 2000-luvun alkuvuosikymmeninä maailmanlaajuisia huomiota. Tutkimustuloksia on julkaistu tiedemaailman huippujulkaisuissa, ja mediat ovat usein uutisoineet tulosten kirjoittavan historiaa uusiksi.¹ Medianäkyvyyden ja suuren kiinnostuksen vuoksi muinai-DNA-tutkimusta onkin kutsuttu tiedemaailman julkkisseksi.² Myös Suomessa aihetta käsittelevät uutiset ovat vuodesta toiseen luetuimpia,³ ja yleisölle suunnatut seminaarit vetävät salit täyteen.⁴ Mikä DNA:ssa kiehtoo, ja mitä **muinai-DNA** oikeastaan on? Mitä sen avulla voidaan ja toisaalta ei voida saada selville?

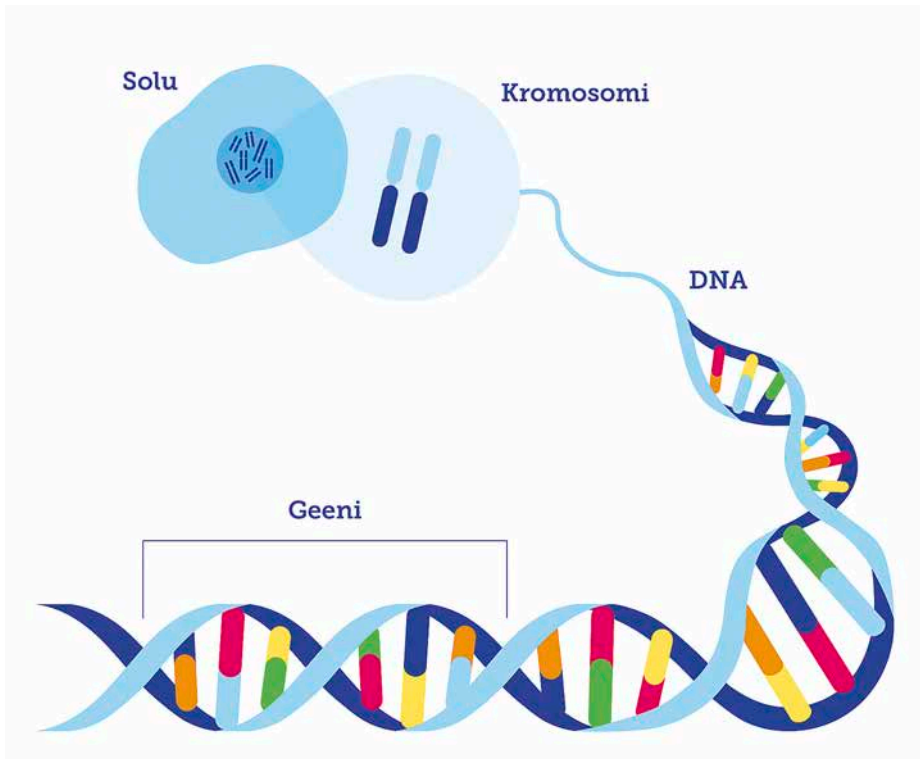
Kaikkien elävien organismien soluissa on elämän molekyyliksikin kutsuttua deoksiribonukleiinihappoa eli DNA:ta (kuva 0.1). Se sisältää kaikki eliön kasvuun, kehitykseen, toimintaan ja lisääntymiseen tarvittavat geneettiset ohjeet ja määrittää eliön ominaisuuksia. DNA:n rakenteen

1 esim. Zhang 2018; Intagliata 2020; Gershon 2021; Fischer 2023

2 Jones 2017; Källén et al. 2019: 72, 75

3 Kuppelomäki et al. 2021: 45, 66; Kuppelomäki et al. 2019: 17; Kalmistopiiri 2021, 2022

4 Moilanen 2019



Kuva 0.1. Eliöiden soluissa on kromosomeihin varastoitunutta DNA:ta. DNA-juoste rakentuu neljästä emäksestä (A, T, G, C), joiden järjestykseen (sekvenssiin) geneettinen informaatio on tallentunut. Geenit ovat eripituisia DNA:n jaksoja. Ne muun muassa tuottavat proteiineja, joita tarvitaan elimistön toimintaan. Kuva: KMG Turku.

selvittäminen vuonna 1953 oli tärkeä tieteellinen läpimurto, josta molekyylibiologit Francis Crick (1916–2004) ja James Watson (1928–) sekä biofysikko Maurice Wilkins (1916–2004) saivat lääketieteen Nobel-palkinnon vuonna 1962. Havainto auttoi ymmärtämään entistä paremmin perinnöllisen informaation varastoitumista ja siirtymistä sukupolvelta toiselle ja se loi pohjan menetelmille, joita nykyisin hyödynnetään biotieteissä, lääketieteessä ja jopa menneisyyden tutkimuksessa.

Muinais-DNA-tutkimusta tehdään tieteenalalla, jota kutsutaan **arkeogenetiikaksi**. Arkeologia on siinä merkittävässä osassa, sillä iso osa tutkimusaineistosta saadaan arkeologisen perustutkimuksen kautta. Luonteeltaan arkeogenetiikka on kuitenkin monitieteistä yhteistyötä, jossa hyödynnetään arkeologian ja genetiikan lisäksi biologian, historian tutkimuksen ja kielitieteen eri osa-alueiden asiantuntemusta. Tämä tietokirja johdattaa

lukijansa arkeogenetiikan monitieteisyyteen, sen menetelmiin, sovelluksiin, tutkimuskysymyksiin ja -tuloksiin.

Teos on syntynyt osana museokeskus Vapriikin laajaa tutkimus-, näyttely- ja julkaisuhanketta, jonka keskiössä on ollut nykyisen Pirkanmaan – historiallisen Ylä-Satakunnan ja Hämeen – rautakausi ja keskiaika. Vapriikki toteutti arkeologisen tutkimuskaivauksen Pälkäneen rauniokirkolla vuonna 2022, minkä jälkeen kaivausaineistoa on tutkittu erilaisten luonnontieteellisten analyysien, kuten muinais-DNA:n ja **proteomiikan** avulla. Hankkeessa on myös käyty läpi aiempien kalmistokaivausten luu- ja esinelöytöjä eri puolilta Suomea. Erilaiset tutkimus- ja rekonstruktio menetelmät ovat antaneet mahdollisuuden myös kasvo- ja pukuennallistusten teettämiseen museonäyttelyä varten. Näyttelyä varten on myös **konservoitu** sellaisia arkeologisia löytöjä, jotka eivät ole ennen olleet esillä.

Hanke on toteutettu läheisessä yhteistyössä Suomalais-ugrilaisen muinaisgenomiprojektin Sugrige/Sumragen kanssa. Tutkimusyhteistyön ansiosta tämä teos kattaa Suomen alueella tehtyjä muinais-DNA-tutkimuksia huomattavasti Pirkanmaata laajemmin. Tämä tietokirja ja Vapriikin näyttely ovatkin ensimmäiset kanavat, joissa Sugrige/Sumragen-hankkeessa saatuja tuloksia esitellään suurelle yleisölle suomen kielellä näin laajassa mittakaavassa. Niissä muinais-DNA-tutkimusta käsitellään muun muassa ihmislajien historian, väestöjen liikkuvuuden ja Suomen asuttamisen konteksteissa. Lisäksi avataan muinais-DNA-tutkimuksen mahdollisuuksia sukulaisuuden, ihmisten fyysisten ominaisuuksien sekä terveyden ja sairauden historian selvittämisessä. Käsitellyiksi tulevat myös muinais-DNA-tutkimuksen käyttö ympäristön ja eliölajien tutkimuksessa, kasvien ja eläinlajien kehityksen yhteys ihmisen historiaan sekä proteiinien tutkimuksen ja kielitieteen merkitys osana monitieteistä menneisyyden tutkimusta.

Vaikka kirjassa on pyritty yleistajuisuuteen, on lukijalla hyvä olla taustalla perustiedot biologiasta ja perinnöllisyydestä. Arkeogenetiikka on melko nuori ala, jonka julkaisut ovat yleensä englanninkielisiä. Alan termistö ja käsitteistö ovat usein lainaa kansainvälisestä tutkimuksesta ja toisinaan eri aloilta. Tästä syystä erilaisia termejä on kerätty kirjan lopussa olevaan sanastoon. Lukukokemuksen helpottamiseksi sanastosta löytyvät sanat on merkitty tekstiin lihavoituna aina kun sana esiintyy luvussa ensimmäisen kerran.

Muinais-DNA on erityistä perimäainesta

Nimensä mukaisesti muinais-DNA voi ajoittua satojen, tuhansien tai jopa kymmenien tuhansien vuosien taakse. Siksi se ei ole täsmälleen samanlaista kuin elävien eliöiden perimäaines. Muun eloperäisen aineksen tavoin DNA alkaa hajota eliön kuoleman jälkeen, ja hajotessaan pitkät DNA-molekyylit pilkkoutuvat vain muutamien kymmenien emäsparien mittaisiksi palasiksi. Muinais-DNA:n käsittelyyn onkin jouduttu kehittämään erityisiä menetelmiä, jotka poikkeavat nyky-DNA:n tutkimuksessa käytettävistä menetelmistä. Näitä menetelmiä sekä muinais-DNA:n erityispiirteitä Nelli-Johanna Saari, Sanni Peltola ja Elina Salmela käsittelevät luvussa 1, ”Muinais-DNA:n tutkimusmenetelmät kentältä laboratorioon ja datasta tuloksiksi”.

Kuten ensimmäisestä luvusta käy ilmi, muinais-DNA:n säilyneisyyteen vaikuttavat seikat ovat mutkikkaita. Esimerkiksi luuaineiston ikä ei suoraan paljasta, miten hyvin muinais-DNA on siinä säilynyt. Tämän saimme huomata myös Vapriikin hankkeessa, jossa Pälkäneen rauniokirkolta kaivauksissa löydetyistä 1200-luvulle ajoitetusta vainajasta saatiin paremmin säilynyttä DNA:ta kuin samalta kohteelta löydetyistä 1800-luvun alkuun ajoittuvasta vainajasta. Myöskään luuaineiston kunto ei automaattisesti kerro, onko DNA:ta säilynyt. Tampereen Vilusenharjulta löydetyistä hyvin säilyneestä pääkallosta ei saatu toimivaa näytettä, mutta huonokuntoisen leukaluun yhteydessä säilyneestä hampaasta voitiin eristää suhteellisen hyvälaatuista perimäainesta (kuva 0.2).⁵

Muinais-DNA-tutkimusta voidaan pitää yhtenä luonnontieteellisen arkeologian vakiintuneista tutkimusmenetelmistä. Tutkimuksen kohteena voivat olla niin ihmiset, eläimet, kasvit kuin taudinaiheuttajatkin, joten sen avulla on mahdollista laajentaa tietoa menneisyyden ihmisistä, heidän elämästään ja heitä ympäröineestä maailmasta tavalla, jota ei vielä muutamia vuosikymmeniä sitten osattu kuvitella. Tähän mennessä muinais-DNA-tutkimus on tarjonnut uusia menetelmiä muun muassa lajien **evoluutiohistorian** tutkimiseen ja paljastanut sukupuuttoon kuolleista lajeista asioita, joita on mahdotonta saada selville pelkästään fossilisoituneita luita tarkastelemalla. DNA-tutkimuksilla on selvitetty esimerkiksi Siperiassa Wrangelin

5 Nordfors et al. *tulossa*



Kuva 0.2. Tampereen Vilusenharjun kalmistosta (n. 1100–1200 jaa.) löydettyjä palamattomia luita, joista on otettu muinais-DNA-näytteet. Toisin kuin luulöytöjen kunto antaisi olettaa, vasemmalla olevassa hyvin säilyneessä kallossa DNA oli erittäin huonosti säilynyttä (näyte ohimoluun kallio-osasta), kun taas oikeanpuoleisesta luulöydöstä saatiin suhteellisen hyvin säilynyttä DNA:ta (näyte hampaasta). Kuvat: Ulla Nordfors.

saarella eläneiden viimeisten villamammuttien (*Mammuthus primigenius*) sukupuuton syytä. Wrangelin mammuttien **populaatio** syntyi noin 10 000 vuotta sitten eläinten jäädessä eristyksiin merenpinnan kohoamisen vuoksi. Laji eli saarella vielä tuhansia vuosia sen jälkeen, kun se oli kadonnut muualta maailmasta, ja kuoli sukupuuttoon vasta noin 4 000 vuotta sitten. DNA-tutkimukset osoittavat Wrangelin mammuttien olleen hyvin sopeutuneita kylmään ilmastoon, mikä näkyy esimerkiksi kehon rasvan sijoittumiseen, turkin kasvuun ja ruumiinlämmön säätelyyn vaikuttavissa geneeissä. Ajan kuluessa mammuttien perimään kertyi lievästi haitallisia **mutaatioita**, sillä pieni populaatiokoko johti väistämättä sisäsiittoisuuteen, joka on omiaan haitallisten mutaatioiden kertymiseen. Sellaisia erittäin haitallisia ominaisuuksia, jotka olisivat vaikuttaneet eläinten elinkelpoisuuteen, ei kuitenkaan ole tutkimuksissa havaittu. Siksi viimeisten mammuttien häviämisen taustalla ei todennäköisesti vaikuttanut ainoastaan sisäsiittoisuus vaan monet eri syyt yhdessä.⁶

6 Deshaque 2023

Muinais-DNA-tutkimuksen merkittävydestä kertoo myös ruotsalaiselle geneetikolle Svante Pääbölle vuonna 2022 myönnetty lääketieteen ja fysiologian Nobel-palkinto. Palkinnon aihe liittyi sukupuuttoon kuolleiden ihmislajien tutkimukseen, ja samaan aiheeseen keskittyy tässä teoksessa Sanni Peltolan ja Päivi Onkamon luku 2, ”Neandertalinihmisten, denisovan ihmisten ja varhaisten nykyihmisten muinais-DNA-tutkimus”. Luvussa luodaan katsaus **nykyihmisen** ja **arkaaisten ihmislajien** välisiin kohtaamisiin sekä siihen, miten nämä kohtaamiset näkyvät nykyihmisten perimässä. On kiinnostavaa, miten kymmeniä tuhansia vuosia sitten tapahtuneet risteytykset ovat vaikuttaneet nykyväestöjen **geneettiseen monimuotoisuuteen** ja esimerkiksi siihen, miten kehon immuunipuolustusjärjestelmä toimii erilaisissa ympäristöissä.⁷

Muinais-DNA-tutkimus on tuottanut uutta tietoa myös maapallon eri alueiden asuttamisesta. Tutkimusten mukaan esimerkiksi Amerikan mantereeseen asutus oli huomattavasti monisyisempi tapahtumaketju kuin aiemmin tiedettiin. Jääkauden aikana noin 15 000–12 000 vuotta sitten mantereelle saapui Koillis-Aasiasta yhden väestön sijasta useita ihmisryhmiä eri asutusaalloissa. Uudella mantereella asukasmäärä kasvoi ja populaatiot jakaantuivat edelleen eri väestöryhmiksi. Seuraavien vuosituhansien aikana osa ryhmistä jäi eristyksiin ja osa sekoittui keskenään, kun taas joillakin Amerikan alueilla väestö vaihtui kokonaan.⁸ Muinais-DNA-tutkimusten ansiosta tiedetään, että myös Euroopassa tapahtui suuria väestöliikkeitä kivi- ja pronssikauden taitteessa noin 5000 vuotta sitten.⁹

Muinais-DNA-tutkimus on myös auttanut ratkaisemaan arkeologian pitkäaikaisia kiistoja. Lähes koko 1900-luvun ajan arkeologit väittelivät siitä, miten varhainen maanviljely omaksuttiin kivikauden Euroopassa. Keskustelu jakaantui kahteen pääteoriaan: diffuusioon ja migraatioon.¹⁰ Diffuusioteorian mukaan maanviljely levisi kulttuurilainana – toisin sanoen väestöt jakoivat toisilleen tietoa ja taitoa uusista kasveista ja niiden viljelystä, mutta ihmiset eivät suuressa määrin vaihtuneet. Sen sijaan migraatioteorian mukaan maanviljelyn leviäminen tapahtui pääasiassa viljelijäyhteisöjen

7 esim. Dannemann 2021

8 Willerslev & Meltzer 2021

9 esim. Haak et al. 2015

10 ks. esim. Champion 1990; Robb & Preston 2007

muuttaessa asumaan uusille alueille. Muinais-DNA-tutkimukset ovat osoittaneet, että Etelä- ja Keski-Euroopassa asuneiden väestöjen geneettinen koostumus muuttui merkittävästi samaan aikaan, kun varhainen maanviljely omaksuttiin nopeasti.¹¹ Koska muutokset olivat samanaikaisia, ne todistavat uuden väestön saapuneen alueelle. Sen sijaan Pohjois-Euroopassa ja Alppien alueella ainakin osa alueiden väestöistä omaksui viljelytapoja vähitellen (ks. luku 9, Lempiäinen-Avci), ilman suurta väestönvaihtoa.¹² Elina Salmelan luku 3, ”Mitä DNA kertoo Suomen asutushistoriasta?”, käsittelee tarkemmin sitä, mitä genetiikka kertoo menneisyydessä tapahtuneista ihmisryhmien sekoittumisesta ja uusista tulokkaista alueella, jota tänä päivänä asuttavat suomalaiset ja saamelaiset.

Yhdistävätkö kuluttajille suunnatut geenitestit meidät muinaisiin esivanhempiimme?

On varsin kiehtova ajatus, että kaikissa soluissamme on olemassa elämän rakennusohjeet, joita ymmärtämällä voimme saada vastauksia siihen, mikä tekee meistä sellaisia kuin olemme. Uteliaisuus voikin saada ihmisen teettämään itsestään geenitestin, joita useat kaupalliset yritykset tarjoavat. Niiden avulla on mahdollista löytää DNA-sukulaisia (ks. luku 5, Salmela) ja saada tietoa mahdollisista geneettisistä sairastumisriskeistä. Kuluttajille suunnattuja DNA-testejä on kuitenkin myös kritisoitu nimittämällä niitä ”geneettiseksi astrologiaksi”.¹³ Useimmat ihmisen ominaisuuksista ovat **monitekijäisiä**, eli ne riippuvat useiden eri geenien ja ympäristötekijöiden monimutkaisesta vuorovaikutuksesta (ks. luku 6, Nordfors ja luku 7, Nordfors & Paasikivi). Kaupallisten testien tuloksissa tätä monimutkaista suhdetta saatetaan yksinkertaistaa, mikä voi johtaa ylitulkintoihin geenien merkityksestä.

Geenitestejä myös markkinoidaan tapana tutkia omia juuria ja suvun historiaa, ja siksi niihin kohdistuu suuria odotuksia. Testien avulla halutaan

¹¹ esim. Sokal et al. 1991; Gamba et al. 2011; Hofmanová et al. 2015

¹² Fort 2015

¹³ Patch et al. 2009; Scully et al. 2016. Myös tietosuojakysymykset ovat nousseet aika ajoin keskusteluun.

kenties saada tietoa esivanhemmista, joista kirjalliset lähteet eivät kerro. Testituloksissa tarjottujen etnisyyssarvioiden ilmoitetaan usein kertovan, mistä eri väestöistä testajaan sukujuuret ovat peräisin. Nämä arviot perustuvat kuitenkin vertailuun, jossa testattavan henkilön perimää verrataan geneettiseen tietoon nykyisistä väestöryhmistä, eli siihen, millaisia genomeja mil-täkin maantieteelliseltä alueelta tietokantoihin on koottu. Eurooppalaisia on tutkittu paljon, joten heidän edustuksensa tietokannoissa on yleensä hyvä. Tietokannoissa ei kuitenkaan välttämättä ole yhtä kattavaa tietoa kaikista maailman väestöistä.¹⁴ Etnisyyssarvio ei myöskään täysin suoraan kerro ihmisen juurista, sillä väestöjen geneettiset tarinat ovat usein monimutkaisia ja niihin ovat vaikuttaneet lukuisat historialliset muuttoliikkeet ja tapahtumat (ks. luku 3, Salmela). Tästä syystä historiallinen tai arkeologinen henkilö ei välttämättä ollut geneettisesti samanlainen kuin saman alueen nykyväestön edustaja.

Toinen etnisyyssarvioiden ongelma liittyy itse nimitykseen, sillä etnisyy-s on ensisijaisesti kulttuurinen – ei geneettinen – käsite.¹⁵ Tutkimusten mukaan kuluttajille suunnatut DNA-testit ovat kuitenkin vahvistaneet mieli-kuvaa siitä, että etnisyy-s ja identiteetti olisivat määriteltävissä geneeistä.¹⁶ Geenit eivät tee kenestäkään esimerkiksi suomalaista tai saamalaista (ks. luku 3, Salmela), sillä geenitestit eivät mittaa kulttuurisia tekijöitä, kuten tietylle ihmisryhmälle yhteisiä tapoja, perinteitä, kieltä, uskontoa ja **paikka-identiteettiä**, joista etnisyy-s muodostuu.¹⁷

Kuluttajille suunnatut geenitestit saattavat myös markkinoida **mito-kondrio-DNA:ssa** ja **Y-kromosomissa** periytyviä **haploryhmiä** ominaisuutena, joka suoraan kertoo esivanhempien alkuperästä. Päivi Onkamon ja Ulla Nordforsin luvussa 4, ”Haploryhmät – äiti- ja isälinjat kaukaa mennei-syydestä”, todetaan, että erityisesti **mitokondriohaploryhmän** eli äitilinjan määrittäminen on suhteellisen yksinkertainen prosessi, minkä vuoksi sitä tarjotaan usein kaupallisissa palveluissa. Haploryhmät edustavat kuiten-kin vain erittäin pientä osaa yksilön perimästä (ks. luku 5, Salmela). Lisäk-si haploryhmät periytyvät niin kaukaa menneisyydestä, että suorien esi-

14 esim. Roth & Ivemark 2018: 158–159

15 Hall 1999: 54

16 esim. Nelson 2008; Nordgren & Juengst 2009; Roth & Ivemark 2018; Strand & Källén 2021

17 Hall 1999: 54

vanhempien tunnistaminen niiden avulla on melko epätodennäköistä (ks. luku 4, Onkamo & Nordfors ja luku 5, Salmela).

Tietyllä tavalla haploryhmät kuitenkin yhdistävät meidät kaukasiin esi-äiteihin ja -isiin, mikä tekee niistä tunnetasolla kiinnostavia. Geenitesteillä ja muinais-DNA-tutkimuksilla onkin enemmän emotionaalista vetovoimaa kuin kykyä antaa yksiselitteisiä vastauksia henkilön alkuperästä. Moniko pysähtyy miettimään, kuinka monen sukupolven taakse sukulaisuuden käsite voidaan ulottaa?¹⁸ Sukulaisuuden määrittäminen geenien perusteella ei aina ole yksinkertaista, kuten Elina Salmelan luvusta 5, ”Muinais-DNA ja geneettinen sukulaisuus”, käy ilmi. Käytännössä henkilön kokemus sukulaisuudesta on usein sidoksissa kulttuuriin, yhteisöön ja perhesuhteisiin. Esimerkiksi adoptiolasten ja -vanhempien väliset suhteet tai veriveljeysuhteet voivat myös olla sukulaisuuteen verrattavia, vaikka geenit eivät näissä tapauksissa ihmisiä yhdistä.¹⁹

Vaikka geneettinen tieto voi joskus vahvistaa tai kyseenalaistaa suullista perimätietoa, monissa kulttuureissa sukulaisuutta on seurattu ja määritelty ilman DNA-tietoa pitkään. Jotkut alkuperäiskansat ovat säilyttäneet tietoa ihmisten sukutaustasta suullisessa perimätiedossaan. Yhteisön historian säilyttäjä on tiennyt, ketkä olivat tarpeeksi kaukaista sukua keskenään avioituakseen tai minkä sukulinjojen liitto takasi arvonnousun omassa yhteisössä. Esimerkiksi monet Uuden-Seelannin mäorit voivat edelleen luetella sukupuunsa jopa tuhat vuotta taaksepäin, aina oman kulttuurinsa myyttiseen maailman luomisaikaan asti.²⁰ Joskus geenitesti voi auttaa vahvistamaan tai kumoamaan perimätiedon geneettisestä sukulaisuudesta, kuten muutamien sukupolven takaisesta isyydestä. Luvussa 5 esitettyjen esimerkkien lisäksi kirjailija Aleksis Kiven (1834–1872) tapaus on kiinnostava. Tarinan mukaan kirjailijan isä, räätäli Erik Stenvall (1798–1866), olisi ollut kartanonherra Carl Henrik Adlercreutzin (1772–1832) avioton poika.²¹ Kiven veljen ja Adlercreutzin suorien **isälinjaisten** jälkeläisten **Y-kromosomihaploryhmien** vertailu on kuitenkin osoittanut, etteivät miehet polveudu samasta esi-isästä, eikä tarina siis pidä paikkansa.²²

18 ks. myös Royal et al. 2010

19 Esim. Pitt-Rivers 1973: 94, 105

20 Walker 1990: 44–60.

21 Sihvo 2018

22 Rask 2019

Kaupallisten geenitestien joukossa on myös sellaisia testejä, jotka saattavat edistää virheellisiä mielikuvia ihmisten yhteyksistä arkeologisiin tai historiallisiin kulttuureihin. Erityisen suosittuja ovat viikinkien kaltaiset historialliset ihmisryhmät. Geenitestit, jotka lupaavat paljastaa ”viikinkiperimän” tai muun muinaisen väestön jäljet geneeissä, ovat varsin houkuttelevia,²³ vaikka geneettinen sukulaisuus ei ole testattavissa kymmenien sukupolvien taakse (ks. luku 5, Salmela). Tutkimusten mukaan ihmisten liikkuvuus oli viikinkiajalla (800–1200 jaa.) suurta, eikä ”viikinkien” perimä ollut yhtenäinen – ”viikinki” oli pikemminkin ammatti.²⁴ Yllä mainitun kaltaisten DNA-tulosten tarjoaminen kuluttajille onkin eettisesti kyseenalaista, koska niillä saatetaan vahvistaa historiallisia stereotyyppioita ja romantisoitua menneisyyskuvaa.²⁵ Geenitestien aikaansaamia yhteenkuuluvuuden tunteita – tai esimerkiksi ajatusta ”viikinkiveren” virtaamisesta omilla suonissa – on toisinaan nimitetty sosiaalisiksi mytologiaksi, sillä näille tunteille ei yleensä ole tieteellisiä perusteita.²⁶ Kaupallisten geenitestien tarjoamia tulkintoja tulisikin tarkastella kriittisesti ja ymmärtää niiden rajoitukset.

Tummaihoiset esivanhempamme?

Tietyistä ongelmista ja rajoitteista huolimatta DNA voi paljastaa yksityiskohtaisia tietoja sekä nykyisistä että aiemmin eläneistä ihmisistä ja heidän ominaisuuksistaan. Genetiikan historia ulottuu Gregor Johann Mendelin (1822–1884) tekemiin hernekasvien risteytyskokeisiin. Mendel havaitsi tiettyjen ominaisuuksien siirtyvän sukupolvelta toiselle säännönmukaisesti ja että nämä ominaisuudet periytyvät joko vallitsevasti (**dominantisti**) tai peittyvästi (**resessiivisesti**). Ymmärrys perinnöllisyydestä ja periytymismekanismeista on kasvanut Mendelin aikojen jälkeen huomattavasti. Kaikki yksigeenisinä pidetyt ominaisuudet eivät periydy aivan niin yksinkertaisesti kuin aiemmin oletettiin. Esimerkiksi kielen rullaaminen kuvattiin 1940-luvulla yhden **geenimuodon** aiheuttamana dominanttina

23 ks. esim. Scully et al. 2013; Scully et al. 2016

24 Margaryan et al. 2020

25 Scully et al. 2013; Strand & Källén 2021

26 Hirschman & Panther-Yates 2008

ominaisuutena.²⁷ Myöhemmät tutkimukset ovat kuitenkin osoittaneet, että vanhemmat, jotka eivät saa kieltään rullalle, voivat saada lapsia, joilla tämä ominaisuus on.²⁸ Toinen yleinen genetiikan myytti on se, että sinisilmäiset vanhemmat eivät voi saada ruskeasilmäistä lasta. Todellisuudessa tällainenkin periytyminen on mahdollista, vaikkakin harvinaista, sillä silmien väriin vaikuttavat useat eri geenit.²⁹

Ulkonäköön vaikuttavia geenejä tarkastelemalla on kuitenkin jossain määrin mahdollista saada käsitys henkilön ihon, hiusten tai silmien väristä – joskus jopa kasvonpiirteistä (ks. luku 6, Nordfors). Muinais-DNA-tutkimukset ovat esimerkiksi osoittaneet, että tummaan ihonväriin liittyvät geenimuodot olivat yleisiä Euroopassa ennen maanviljelyn yleistymistä (ks. luku 2, Peltola & Onkamo). Varhaisten eurooppalaisten tummasta ihonväristä kertovat tutkimustulokset ovat kuitenkin herättäneet kiivasta keskustelua suuren yleisön keskuudessa, ja tuloksiin on suhtauduttu jopa aggressiivisesti.³⁰ Mistä voimakkaat reaktiot johtuvat?

Euroopan kivikautiset asukkaat on perinteisesti esitetty kuvituksissa ja museoennallistuksissa vaaleaihoisina, ja tällaisten kuvien toistuva esittäminen voi johtaa mielikuvaan niiden totuudenmukaisuudesta. Käsitys kivikauden eurooppalaisten ulkonäöstä perustui kuitenkin pitkään rajalliseen tietoon, sillä vasta viimeisten vuosikymmenten aikana DNA-tutkimuksissa on tunnistettu useita ihon pigmentaatioon vaikuttavia geenejä (ks. luku 6, Nordfors). Nämä tutkimukset ovat muuttaneet käsitystä varhaisten eurooppalaisten ulkonäöstä. Menneisyyden esitystavat kytkeytyvät kunkin aikakauden identiteettipolitiikkaan.³¹ Historiallisesti ihonväriä on käytetty rotuluokitusten ja syrjinnän perusteena, mikä on johtanut epätasa-arvoon ja sosiaalisiin hierarkioihin, joita esiintyy vielä nyky-yhteiskunnissakin.³² Menneinä vuosisatoina monet länsimaiset kuvaukset menneisyyden ihmisistä ja sivilisaatioista olivat **eurosentrisiä**, ja niillä pyrittiin lujittamaan ajatusta eurooppalaisten ylivertauudesta.³³

27 Sturtevant 1940

28 Martin 1975

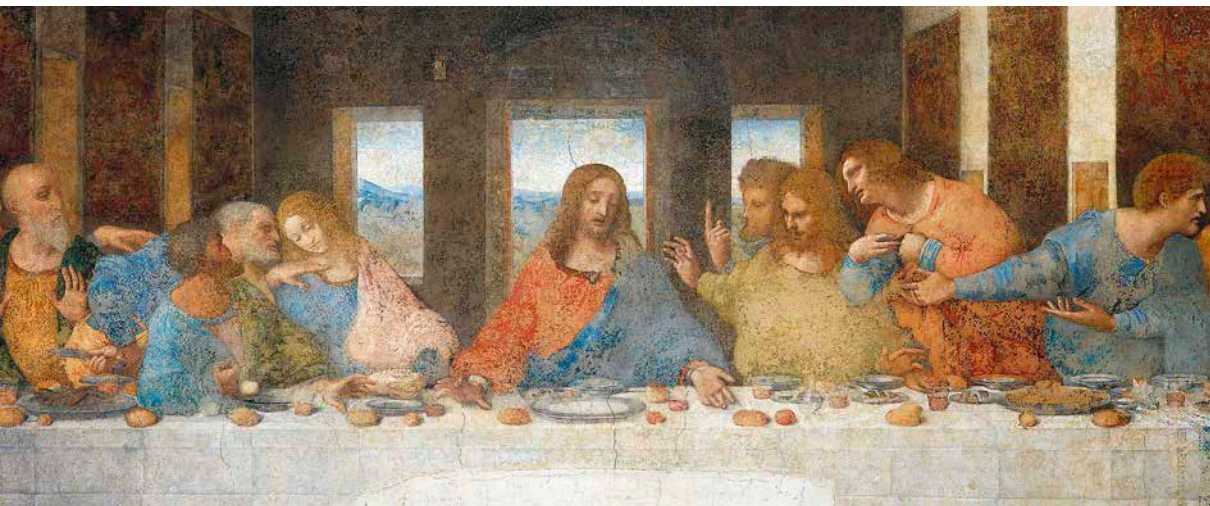
29 esim. Sturm & Larsson 2009

30 ks. esim. Schroeder 2023, Koivisto 2024

31 ks. esim. Kunnas 2024a

32 esim. Frost 1990

33 ks. esim. Kunnas 2024b; Wintle 2021



Kuva 0.3. Leonardo da Vincin seinämaalaus Pyhä ehtoollinen (1498) esittää Jeesuksen opetuslapsineen tyypillisen eurooppalaisen näköisinä. Kuva: Santa Maria delle Grazie, Milano.

Vuonna 2002 **forensinen** taiteilija Richard Neave esitteli Jeesuksen kasvoista laatimansa ennallistuksen,³⁴ joka perustui arkeologisiin ja antropologisiin tietoihin siitä, miltä keskiverto Lähi-Idän alueella 2 000 vuotta sitten elänyt mies todennäköisesti näytti.³⁵ Ennallistuksen kasvat ovat varsin tummapiirteiset ja leveät. Jo renessanssin taiteessa Jeesus kuitenkin kuvattiin hyvin toisennäköisenä: vaaleaihoisena ja sinisilmäisenä (kuva 0.3).³⁶ Ilmiötä voidaan pitää osana laajempaa taipumusta kuvitella merkittävät uskonnolliset ja historialliset hahmot tavalla, joka vastaa kunkin aikakauden käsitystä ”meistä”.³⁷ Tällainen kuvallinen samastaminen voi joskus johtaa vääristäviin tai ideologisesti latautuneisiin tulkintoihin, mutta toisaalta sillä voidaan pyrkiä myös positiiviseen samaistumiseen. Esimerkiksi 1900-luvun loppupuolella **neandertalinihmisen** esitettiin usein vaaleaihoisena ja lempeäilmeisenä – tavalla, joka korostaa yhteyttä ”meihin”, nykyeurooppalaisiin. Tämä eroaa aiemmista kuvauksista, jotka korostivat neandertalinihmisen alkukantaisuutta ja muukalaisuutta.³⁸ Tämäkin

34 Fillon 2002

35 Oliver 2014: 110–111

36 ks. esim. Ryan 2021

37 esim. Pindi & De La Garza 2018

38 Drell 2002; M’charek 2024

kuvaustapa on kuitenkin alkanut vaikuttaa ongelmalliselta sen jälkeen, kun muinais-DNA:n avulla on saatu tarkempaa tietoa neandertalinihmisten ulkonäöllisestä vaihtelusta.

Joidenkin mielessä muinaisyksilöiden tumma ihonväri saattaakin yhdistyä ennakkoluuloisiin mielikuviin ”muista”, ja heidän muodostamistaan (kuvitelluista) uhkista eurooppalaisuudelle. Ihonväri nousee näin identiteettikysymykseksi: osa ihmisistä saattaa kokea historian omaksi vain, jos menneisyyden ihmiset näyttävät samalta kuin he itse.³⁹ Tällainen näkökulma on kuitenkin virheellinen ja vaarallinen, sillä se perustuu varsin pinnallisiin käsityksiin ulkonäön historiallisesta merkityksestä. Vaikka tietyillä ulkoisilla piirteillä on voinut olla merkitystä, merkitykset eivät ole olleet universaaleja tai muuttumattomia. Punaiset hiukset ovat tästä hyvä esimerkki. Ne ovat herättäneet erilaisia reaktioita eri aikakausina ja eri kulttuureissa. Aina punaisiin hiuksiin ei ole kiinnitetty erityisempää huomiota, kun taas joskus ne ovat olleet ihailun kohteena ja toisinaan epäluuloa tai jopa syrjintää aiheuttava piirre.⁴⁰

Väestöistä yksilötasolle

Ulla Nordforsin luvussa 6, ”Arkeogenetiikka yksilöllisten ominaisuuksien jäljillä”, tarkastellaan Suomesta löytyneiden arkeologisten yksilöiden geneettisiä ominaisuuksia, etenkin sukupuolta, veriryhmiä, vuorokausirytmisiä ja tiettyjä fyysisiä piirteitä, kuten silmien ja hiusten väriä, korvavahan koostumusta ja kykyä haistaa kukkaistuosku. Geenit voivat myös antaa tietoa terveydestä ja terveysriskeistä – joskin riskien tunnistaminen geneistä voi olla spekulatiivista, sillä ne eivät yleensä määräydy yksittäisten geenien perusteella vaan ovat tulosta useiden eri geenien ja ympäristötekijöiden yhteisvaikutuksesta (ks. luku 7, Nordfors & Paasikivi).

Arkeogeneettinen tutkimus voi kuitenkin osaltaan auttaa selvittämään tautien syitä ja seurauksia.⁴¹ Tutkija voi esimerkiksi kysyä, miten yleisiä tietyt taudit olivat menneisyydessä, miten ne vaikuttivat ihmisiin ja väestöihin ja

³⁹ vrt. Kunnas 2024a: 77

⁴⁰ Esim. Ayres & Maier 2021

⁴¹ ks. esim. Stone & Ozga 2019; Moilanen & Paasikivi 2023

millä tavalla sairastuneisiin suhtauduttiin. Esimerkiksi sodissa olosuhteet ovat usein olleet otollisia taudinaiheuttajien leviämislle, sillä sotilaat ovat asuneet tiiviisti ja yleensä tavanomaista epähygieenisemmissä olosuhteissa. Rintamalla onkin usein menehdytty tartuntatauteihin.⁴² Vuonna 1812 Napoleon marssitti sotilaansa Venäjän keisarikuntaa vastaan huonolla menestyksellä. Vaikeissa olosuhteissa perääntynyt armeija kärsi kylmyydestä, varusteiden ja ravinnon puutteesta sekä taudeista, joiden seurauksena moni sotilaista menehtyi. Liettuassa sijaitsevista Napoleonin aikaisista joukkohaudoista löytyneiden sotilaiden hampaista on pystytty eristämään pilkkukuumeen aiheuttavaa *Rickettsia prowazekii* -bakteeria, joka leviää vaateiden välityksellä.⁴³ Etelä-Ranskasta on puolestaan löydetty esihistoriallisesta vainajasta toista täin välityksellä leviävää taudinaiheuttajaa: ampumahautakuumeen aiheuttavaa *Bartonella quintana* -bakteeria.⁴⁴ Sama bakteeri sairastutti ensimmäisen ja toisen maailmansodan rintamalla jopa miljoona sotilasta.⁴⁵

Luvussa 7, ”Muinais-DNA osana terveyden ja sairauden monitieteistä arkeologista tutkimusta”, Ulla Nordfors ja Sofia Paasikivi jatkavat humanistisen ja luonnontieteellisen tutkimuksen yhdistämistä ja tarkastelevat muinaisen ihmisen sairautteen, terveyteen ja vammaisuuteen liittyviä **bioarkeologia** tutkimustuloksia sekä sitä, minkälaisen loisten kanssa ihmiset ovat jakaneet historiaansa.

Eläimet, kasvit ja ympäristö

Muinais-DNA-tutkimus voi keskittyä myös ympäristön ja eliölajien menneisyyden tutkimukseen, kuten siihen, miten eri lajit ovat sopeutuneet muuttuviin ympäristöihin ja kuinka ne ovat muuttuneet ajan myötä. Tutkimus voi paljastaa yksityiskohtia esimerkiksi ihmisten toiminnan vaikutuksesta kasvien ja eläinten perimään, johon on voitu vaikuttaa esimerkiksi jalostamalla eri lajeista kotieläimiä ja viljelykasveja. Näihin teemoihin perehdytään teoksen luvuissa 8–10.

42 esim. Kaushik & Sougat 2018

43 Raoult et al. 2006

44 Drancourt et al. 2005; Mai et al 2020

45 Ohl & Spach 2000

Riikka Elon luku 8, ”DNA-viivakoodaus menneisyyden eliölajistojen ja ympäristöjen tutkimusmenetelmänä”, johdattaa **metagenomiikan** menetelmään, joka mahdollistaa esimerkiksi maaperästä tai jäätiköiden kerrostumista otettujen näytteiden sisältämien useiden eri lajien DNA:n samanaikaisen analysoinnin. Elon luvussa esiteltyjen esimerkkien lisäksi metagenomiikkaa on hyödynnetty esimerkiksi Kaakkois-Tiibetin ylätasangolla tutkittaessa alueen 18 000 vuoden aikaista ympäristöhistoriaa. Tutkimuksen mukaan arot ja niityt muuttuivat alueella noin 14 000 vuotta sitten metsämaaksi, mikä johti jakkipopulaatioiden korvautumiseen peura-populaatioilla.⁴⁶ Samaan aikaan vesiekosysteemeissä tapahtui siirtymä jäätikkölevistä monimuotoisiin eliöyhteisöihin, joihin kuului vesikasveja, kaloja ja saukkoja.⁴⁷ Ympäristöjen pitkäaikaisten muutosten tutkimus on tärkeää, sillä nykyään esimerkiksi vuoristoalueilla jäätiköiden sulaminen ja maankäytön tehostuminen uhkaavat paikallisia ekosysteemejä. Ymmärtämällä lajistojen reagointia historiallisiin ympäristömuutoksiin voidaan paremmin ennakoida tulevia muutoksia ja niiden vaikutuksia sekä valita parhaat suojelutoimenpiteet.⁴⁸

Tutkijat ovat myös analysoineet ympäristönäytteistä kerättyjen bakteerien DNA-jaksoja tutkiessaan **antibioottiresistenssin** kehitystä.⁴⁹ Näihin tutkimuksiin on kerätty bakteereja sellaisista ympäristönäytteistä, joihin nykyaikainen ihmistoiminta ei ole vaikuttanut – toisin sanoen bakteereja, jotka eivät ole altistuneet nykyaikaiselle antibioottien käytölle. Tässä tapauksessa metagenomiikka tarjoaa keinoja nykypäivän antibioottikriisin ratkaisemiseen. Maailmassa yleistyy ilmiö, jossa taudinaiheuttajat muuttuvat vastustuskykyisiksi olemassa oleville antibiooteille, mikä uhkaa tehdä monista infektiosta jälleen hengenvaarallisia. Tehokkaampia keinoja uusien antibioottien löytämiseksi voidaan kuitenkin kehittää tutkimalla bakteerien kehitystä aikojen kuluessa.

Mia Lempiäinen-Avcin luku 9, ”Kasvien muinais-DNA-tutkimus tarkentaa tietoa viljelyn historiasta”, kertoo konkreettisesti, miten kasvien geneettinen tutkimus on samalla myös ihmisten historiaa. Kasvien **domestikaatio**

46 Liu et al. 2024

47 Liu et al. 2024

48 Liu et al. 2024

49 Torres-Cortés et al. 2011; Rascovan et al. 2016



Kuva 0.4. Koproliitti on kivettyntä ulostetta. Kuvassa on jääkauden aikana eläneen laiskiaisen koproliitteja. Niistä on pystytty eristämään eläinten itsensä sekä eläinten syömien kasvien DNA:ta (Poinar et al. 2003). Kuva: Smithsonian National Museum of Natural History.

on ollut keskeinen osa kulttuurien kehitystä, ja arkeologisten ja nykyisten viljelykasvien geenitutkimus auttaa jäljittämään, missä ja milloin tietyt kasvit on otettu käyttöön ja miten ne ovat levinneet eri puolille maailmaa. Kasvien geneettinen monimuotoisuus ja niiden sopeutuminen eri ympäristöihin kertoo myös siitä, miten ihmisyhteisöt ovat sopeutuneet ja hyödyntäneet kasveja ravintona tai kaupankäynnin välineinä ja antaa siten käsityksen ihmisten elinkeinoista ja taloudesta eri aikakausina.⁵⁰ Luvussa 9 esiteltyjen viljelykasvien lisäksi muinais-DNA-tutkimus on tuottanut tietoa muidenkin kasvien käytöstä menneisyydessä. Vuonna 2008 julkaistussa tutkimuksessa onnistuttiin eristämään kasvien DNA:ta Texasissa Hinds Cave -luolassa säilyneistä 5 000–3 000 vuotta vanhoista ihmisen **koproliiteista** (kuva 0.4).⁵¹ Tutkimuksen mukaan osa havaituista kasveista oli todennäköisesti peräisin ihmisten nauttimasta ravinnosta, mutta osa oli mahdollisesti päätynyt ihmisten elimistöön epäsuorasti hengityksen tai juomaveden kautta. Tutkimuksessa havaittujen paatsamien, okotilokasvien ja koisojen DNA puolestaan yhdistettiin mahdollisesti lääkkeenä tai hallusinogeenina käytettyihin kasveihin.⁵²

Kasvien lisäksi myös monien eläinlajien historia kytkeytyy ihmisiin. Jouni Aspin luku 10, ”Arkeogenetiikka eläinten evolutiivisen historian tutkimuksessa”, tarkastelee ihmisen ja ympäristön vaikutusta luonnonvaraisten eläinten ja kotieläinten geeniperimään. Tarkemmin luvussa käsitellään sutta, saimaannorppaa, poroa, lammasta, nautaa ja suomenhevosta.

⁵⁰ esim. Schlumbaum et al. 2008

⁵¹ Reinhard et al. 2008

⁵² Reinhard et al. 2008

Hevosen domestikaatio tapahtui noin 3500 eaa. Keski-Aasian aroilla nykyisen Kazakstanin alueella Botain kulttuurin piirissä.⁵³ Näitä hevosia käytettiin ratsuina ja niiden maitoa hyödynnettiin ravintona.⁵⁴ Noin tuhat vuotta myöhemmin Mustanmeren–Kaspian aroilla kasvatettujen hevosten perimässä tapahtui mutaatioita, joiden seurauksena eläimen ominaisuudet muuttuivat: selkävaiivat vähenivät ja hevosista tuli entistä helpommin käsiteltäviä ja tottelevaisempia. Geenitutkimusten mukaan nykyhevoset kantavat perimää juuri näistä hevosista.⁵⁵ On esitetty, että vuosien 2700–2200 eaa. välillä hevosista tuli arvostettuja hyödykkeitä ja statussymboleita, sillä ne sujuvoittivat eliitin kaukokauppaa – mikä puolestaan edesauttoi eläinten leviämistä laajalle alueelle.⁵⁶ Suomenhevonen on melko uusi hevosrotu, ja Jouni Aspi käsittelee luvussa 10 sen historiaa 1900-luvun alusta lähtien. Muiden nykyhevosten lailla suomenhevonen on sukua pronssikaudella Eurooppaan levinneille hevosille, mutta se on toistaiseksi ainoa moderni hevosrotu, jossa on säilynyt sama **emälinjainen haplotyyppi** (F) kuin aasianvillihevosen (przewalskinhevonen).⁵⁷ Aasianvillihevonen ei kuitenkaan ole suomenhevosen suora esivanhempi, sillä DNA-tutkimusten mukaan aasianvillihevosen polveutuvat Botain ensimmäisistä domestikoituista hevosista.⁵⁸ Tulos kuitenkin kertoo suomenhevosen olevan geneettisiä yhteyksiä varhaisiin itäisiin hevosrotuihin.⁵⁹

Täydennyksiä, sovellutuksia ja eettisiä näkökulmia

Pohjimmiltaan muinais-DNA-tutkimus soveltaa molekyylibiologisia tekniikoita arkeologisen aineiston tutkimukseen. Muut molekyyliarkeologiset menetelmät sisältävät muun muassa proteiinien sekä lipidien eli rasva-aineiden analyysjä. Erityisesti paleoproteomiikkaa on kutsuttu muinais-DNA-tutkimuksen sisaralaksi.⁶⁰ Proteiinien avulla on mahdollista laajentaa tietoa

53 de Barros Damgaard et al. 2018

54 Outram et al. 2009

55 Librado et al. 2024

56 Librado et al. 2024

57 Kvist et al. 2019

58 Gaunitz et al. 2018

59 Kvist et al. 2019

60 Warinner et al. 2022

ihmisen hyödyntämistä eläinlajeista sekä ihmisen terveydentilasta tai tämän syömästä ravinnosta. Proteiinien tutkimus onkin erinomainen tapa täydentää DNA-tutkimusta ja toisinaan myös paikata sitä, sillä proteiinit saattavat säilyä arkeologisessa aineistossa DNA:ta paremmin. Proteiinitutkimuksen mahdollisuuksiin ja tutkimustuloksiin perehdytään Ulla Nordforsin ja Sofia Paasikiven luvussa 11, ”Proteiinien tutkimus täydentää muinais-DNA:sta saatavaa tietoa”.

Luvussa 12, ”Suomessa puhutut kielet kivikaudelta rautakauden loppuun”, Minerva Piha käsittelee Suomen alueen kielellistä historiaa eri aikoina. Vaikka useimpien arkeologisten ihmisyksilöiden puhumaa kieltä ei voida tietää, eivätkä geenit suoraan kerro kielestä, kielihistoria kiinnostaa geneetikkoja ja kulkee jatkuvasti muinais-DNA-tutkimusten rinnalla.⁶¹ Kielten leviäminen ja muutokset voivat heijastaa – tai olla heijastamatta – ihmisten muuttoliikkeitä, jotka ovat jättäneet jälkensä väestöjen geneettiseen koostumukseen (ks. myös luku 3, Salmela). Tutkimalla kielten ja geneettisten ryhmien leviämisen yhteneväisyyksiä ja eroja voidaan paremmin ymmärtää väestöjen historiallisia liikkeitä, sekoittumista ja eristäytymistä. Kielihistorian ja genetiikan yhdessä tuottama tieto on arvokasta, sillä se auttaa rakentamaan moniulotteista kuvaa ihmiskunnan menneisyydestä. Luku 12 ei kuitenkaan ole varsinainen tutkimus genetiikan ja kielitieteen yhteydestä eikä pyri esittämään kattavaa synteesiä aiheesta. Sen tarkoitus on lähinnä auttaa lukijaa pohtimaan, miten kielihistoria voi yhdistyä tietoon Suomen geneettisestä historiasta.

Arkeogenetiikka on etenkin arkeologisiin yksilöihin keskittyessään ihmisjäännösten tutkimusta, joten siihen liittyy aina myös eettisiä kysymyksiä.⁶² Tutkittavat yksilöt ovat aikoinaan olleet eläviä ihmisiä, jotka kuuluivat omiin yhteisöihinsä. Heillä oli omat kulttuuriset ja sosiaaliset käytäntönsä, joiden vuoksi heidän elämänsä saattoi poiketa nykyihmisten elämästä. Biologisesti he olivat kuitenkin meidän kaltaisiamme: he olivat fyysisesti samanlaisia, ja heillä oli samanlainen kyky kokea tunteita kuin meillä. Millä oikeudella näitä ihmisiä voidaan tutkia? Menneisyyden henkilöiltä on mahdotonta saada suostumusta muinais-DNA-tutkimukseen, joten voisiko lupaa tutkimukseen pyytää henkilön jälkeläiseltä?

61 esim. Haak et al. 2015; Saag et al. 2019

62 esim. Tarlow 2006; Masterton 2010; Sayer 2017, Moilanen 2021

Käytännössä luvan pyytäminen vainajan tutkimuksiin jälkeläisiltä on usein mahdotonta, kun otetaan huomioon jälkeläisten tunnistamisen vaikeus (ks. luku 5, Salmela). Myös pelkkä ajatus siitä, että muinainen vainaja kuuluisi ainoastaan (tietyille) jälkeläisille, on eettisesti ongelmallinen, sillä jo muutamassa sukupolvessa mahdollisten jälkeläisten määrä kasvaa huomattavasti. Esimerkiksi 1600-luvulla eläneellä henkilöllä voi olla tuhansia jälkeläisiä, joita kaikkia ei välttämättä voi selvittää kirjallisista lähteistä tai edes DNA:n avulla. Vertailun vuoksi, vuonna 1850 ilmestyi amerikkalainen sukuselvitys seitsemästä 1600-luvulla mantereelle saapuneesta uudisasukkaasta, joilta pystyttiin jäljittämään kymmenentuhatta jälkeläistä.⁶³ Suomessa puolestaan tunnetaan hyvin Sursill-suku, jonka seitsemällä 1500-luvulla eläneellä sisaruksella on nykyään arviolta puoli miljoonaa jälkeläistä.⁶⁴ Onkin perusteltua ajatella, että keskiaikaiset, rautakautiset, pronssikautiset ja kivikautiset arkeologiset yksilöt ovat kaikille yhteisiä. Jos esimerkiksi Valkeakosken Toppolanmäelle tai Tampereen Vilusenharjulle 1100-luvulla haudatulla henkilöllä on nykyään eläviä jälkeläisiä, heitä ovat todennäköisesti kaikki sellaiset nykysuomalaiset, joilla on juuria Suomen alueella. Lisäksi jälkeläisiä olisi vuosisatojen aikana tapahtuneiden muuttoliikkeiden vuoksi myös muissa maailman väestöissä.

Alkuperäiskansojen tapauksessa jälkeläisyyskysymys on hieman erilainen. Alkuperäiskansoiksi määritellään usein sellaiset vähemmistöksi jääneet väestöt, jotka asuttivat tiettyjä maantieteellisiä alueita nykyisten kansallisvaltioiden muodostumisen aikaan (yleensä 1800–1900-lukujen vaihteessa), ja joilla oli kulttuurisia erityispiirteitä valtion valtaväestöön verrattuna. Alkuperäiset pohjoisamerikkalaiset (engl. *Native North Americans*), Australian aboriginaalit ja Uuden-Seelannin māorit on helppo tunnistaa alkuperäiskansoiksi: he asuttivat alueitaan ennen eurooppalaisten siirtomaavaltojen saapumista ja kokivat kolonialismin vaikutukset, kuten maidensa menetyksen, kulttuurinsa tukahduttamisen ja aktiivisen syrjinnän. Sen sijaan esimerkiksi islantilaiset voidaan määritellä saaren alkuperäisväestöksi, mutta ei alkuperäiskansaksi, sillä heillä on oma valtionsa.⁶⁵ Myös suomalaiset luetaan yhdeksi Euroopan valtaväestöistä, kun taas saamelaiset

63 Morse 1850

64 Puhto 2018

65 ks. esim. Koponen 2018

Kuva 0.5. Johannes Schefferus kuvasi vuonna 1673 ilmeystyneessä *Lapponia*-teoksessaan saamelaiden elämää ja kulttuuria. Kannessa kuvataan poronhoitajia. Ks. poronhoidon historiasta luku 10 tässä teoksessa. Kuva: Kungliga biblioteket, Tukholma.



täyttävät alkuperäiskansan määritelmän. Saamelaisilla on oma kieli ja kulttuuri (kuva 0.5), ja heihin on kohdistunut kolonialistisia käytäntöjä, kuten tavoitteellinen sulauttaminen osaksi valtaväestöä korvaamalla oma kieli ja kulttuuri valtaväestön kielellä ja kulttuurilla.⁶⁶

Yleisenä periaatteena on pidetty lähtökohtaa, että tutkittaessa ihmisjännöksiä, jotka voidaan varmuudella yhdistää alkuperäiskansaansa, huomioidaan kansan oikeudet, kulttuuri ja perinteet. Asiaan voi myös kuulua esimerkiksi yhteisön suostumus ennen tutkimuksen aloittamista tai alkuperäiskansojen edustajien ottaminen mukaan tutkimuksen suunnitteluun ja toteutukseen.⁶⁷ Tätä lähestymistapaa on hyödynnetty Pohjois-Amerikassa alkuperäiskansoja ja afroamerikkalaisia koskevissa muinais-DNA-tutkimuksissa.⁶⁸

66 ks. saamelaiden kokemuksista Suomessa Ranta & Kanninen 2019

67 esim. Alpaslan-Roodenberg et al. 2021

68 esim. Moltke et al. 2021; Fleskes et al. 2023; First Rider et al. 2024

Hienotunteisuutta noudatetaan toki myös valtaväestöön kuuluvien ihmisjäännösten tutkimuksessa sekä ajallisesti niin vanhojen ihmisyksilöiden tapauksessa, että heidän kulttuurinsa ja tapansa eivät enää ole tiedossa. Arkeologian ja arkeogenetiikan tutkijat noudattavat ihmisjäännöksiä tutkiessaan yleisiä tieteentekemisen hyviä periaatteita ja ohjeistuksia. Esimerkiksi eettisesti kestävässä muinais-DNA- ja proteiinitutkimuksessa näytteenoton tulee aiheuttaa jäännöksille mahdollisimman vähäistä vahinkoa,⁶⁹ ja sen tulee tapahtua tarkasti määritellyillä ja dokumentoiduilla menetelmillä (ks. luku 1, Saari, Peltola & Salmela ja luku 11, Nordfors & Paasikivi). Tutkimuksessa noudatettavien hyvien käytäntöjen lisäksi tutkijoilla on lukuisia vastuita ja velvollisuuksia niin laajaa yleisöä kuin menneisyyden yksilöitäkin kohtaan.⁷⁰ Näihin kuuluu esimerkiksi tutkimustulosten avoin jakaminen, sillä kaikilla ihmisillä on oikeus saada tietoa siitä, mitä yhteisistä esivanhemmistamme on saatu selville.⁷¹ Myös kasvien (luku 9, Lempiäinen-Avci), eläinten (luku 10, Aspi) ja ympäristöjen (luku 8, Elo) vastuullinen tutkimus tarkoittaa, että aiheita käsittelevien tutkimustulosten tulee olla avoimia ja julkisia. Näissä tutkimuksissa tulosten avoimuus voi myös edistää esimerkiksi ekosysteemien ja lajien suojelua.

Yksi tärkeimmistä tutkijan tehtävistä on kuitenkin tutkittavien yksilöiden ihmisarvon kunnioittaminen. Tämä tarkoittaa tasapainottelua tieteellisen uteliaisuuden, yhteiskunnallisen merkityksen ja vainajien yksityisyyden välillä. Menneisyyden ihmiset eivät voi itse vaikuttaa siihen, miten heidän jäännöksiään tutkitaan tai millaisia tarinoita heistä kerrotaan. Moni on kuitenkin törmännyt lausahdukseen, jonka mukaan henkilö elää vain niin kauan kuin hänet muistetaan.⁷² Tämä on kaunis ajatus, johon voi kytkeä näkemyksen siitä, että kaikilla menneisyyden ihmisillä on oikeus tulla muistetuksi.⁷³ Ihmisjäännösten monitieteinen tutkimus nostaa usein esiin menneisyyden henkilöitä, ihmisryhmiä tai jopa lajeja, jotka ovat muutoin jääneet unohduksiin ajan saatossa (ks. luku 2, Peltola & Onkamo). Tutkimuksista saatu tieto auttaa ymmärtämään paremmin menneisyyden yksilöiden elämää ja tuo heidät osaksi historiaa.⁷⁴

69 Alpaslan-Roodenberg et al. 2021

70 Tarlow 2006; Wagner et al. 2020; Moilanen 2021: 39

71 ks. Sayer 2017: 131

72 ks. esim. Koski & Moilanen 2019: 96–97

73 ks. esim. Moilanen 2021: 39, 41

74 esim. Masterton 2010: 10; Moilanen 2021: 39

Muinais-DNA: Avain menneisyyteen -näyttely museokeskus Vapriikissa

Museokeskus Vapriikin projektissa on tuotettu mittava kokonaisuus viimeisimpään tieteelliseen tutkimukseen pohjautuvaa tietoa Suomen menneisyydestä. Tämän julkaisun ja näyttelyn avulla tieto välittyy laajalle yleisölle niin tiedeyhteisössä kuin sen ulkopuolellakin. Monitieteisen tutkimuksen tieteellinen merkitys on kiistaton. Sen avulla on mahdollista tuottaa tietoa eri lajeista menneisyydessä (luku 2, Peltola & Onkamo ja luku 10, Aspi), ihmisten kulttuureista ja käytänteistä (luku 5, Salmela), elintavoista ja terveydestä (luku 7, Nordfors & Paasikivi), ruokavaliosta (luku 9, Lempiäinen-Avcı ja luku 11, Nordfors & Paasikivi), väestöjen liikkeistä (luku 3, Salmela ja luku 12, Piha) sekä ympäristöstä (luku 8, Elo).

Ulla Nordfors, kirjan toinen toimittaja ja yksi kirjoittajista, on johtanut Vapriikin monitieteistä tutkimushanketta ja kuulunut samalla Sugrige/Sumragen-hankkeeseen toimien näin yhteytenä tieteellisten hankkeiden ja näyttelyprojektin välillä. Kiitämme lämpimästi Sugrige/Sumragen-hankkeiden johtajaa professori Päivi Onkamo ja tutkimusryhmän muita jäseniä Sanni Peltolaa (joka on myös kuulunut näyttelytyöryhmään ja oikolukennut kirjan tekstiä), Elina Salmelaa, Sofia Paasikiveä ja Nelli-Johanna Saarta. Heidän ansiostaan tutkimustulosten välittäminen laajalle yleisölle on ollut mahdollista. Kiitämme myös teoksen muita kirjoittajia Riikka Eloa, Mia Lempiäinen-Avcia, Jouni Aspia ja Minerva Pihaa, joiden asiantuntemus täydentää Vapriikin hanketta ja kirjan teemoja parhaalla mahdollisella tavalla. Kiitos myös näyttelytyöryhmän jäsenelle Kreetta Lesellille käsikirjoituksen kommentoinnista sekä suurelle joukolle muita asiantuntijoita, jotka ovat eri tavoilla tarjonneet osaamistaan hankkeessa, muun muassa analysoimalla aineistoja ja näytteitä erilaisin monitieteisin menetelmin: Laura Arppe, Heli Etu-Sihvola, Tuija Kirkinen, Anniina Kuha, Maria Lahtinen-Kaislaniemi, Anne-Mari Liira, Sanna Pätsi, Jenni Suomela, Tiina Väre, Shevan Wilkin ja Krista Wright.

Tutkimuskirjallisuus

- Alpaslan-Roodenberg, S., Anthony, D., Babiker, H., Bánffy, E., Booth, T. et al. 2021. Ethics of DNA research on human remains: five globally applicable guidelines. *Nature* 599: 41–46. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-04008-x>
- Ayres, B. & Maier, S. W. 2021. *A vindication of the redbeard. The typology of red hair throughout the literary and visual arts*. Cham: Palgrave Macmillan.
- de Barros Damgaard, P., Martiniano, R., Kamm, J., Moreno-Mayar, J. V., Kroonen, G. et al. 2018. The first horse herders and the impact of early Bronze Age steppe expansions into Asia. *Science* 360: eaar7711. <https://doi.org/10.1126/science.aar7711>
- Champion, T. 1990. Debate; Migration Revived. *Journal of Danish Archaeology* 9(1): 214–218. <https://doi.org/10.1080/0108464X.1990.10590045>
- Dannemann, M. 2021. The population-specific impact of neandertal introgression on human disease. *Genome Biology and Evolution* 13(1): evaa250. <https://doi.org/10.1093/gbe/evaa250>
- Deshaque, M. 2023. *Palaeogenomic reconstruction of woolly mammoth evolutionary history and extinction dynamics*. Stockholm: Stockholm University.
- Drancourt, M., Tran-Hung, L., Courtin, J., de Lumley, H. & Raoult, D. 2005. Bartonella quintana in a 4000-year-old human tooth. *The Journal of Infectious Diseases* 191(4): 607–611. <https://doi.org/10.1086/427041>
- Drell, J. R. R. 2002. Neanderthals: A history of interpretation. *Oxford Journal of Archaeology* 19(1): 1–24. <https://doi.org/10.1111/1468-0092.00096>
- Fillon, M. 2002. The real face of Jesus: Advances in forensic science reveal the most famous face in history. *Popular Mechanics* 100: 68–69.
- First Rider, D., Crop Eared Wolf, A., Murray, J., De Flamingh, A., Campelo Dos Santos, A. L. et al. 2024. Genomic analyses correspond with deep persistence of peoples of Blackfoot Confederacy from glacial times. *Science Advances* 10(14). <https://doi.org/10.1126/sciadv.adl6595>
- Fischer, N. 2023. Muinais-dna kirjoittaa Euroopan historiaa uusiksi. *Tieteen kuvalehti* 6.3.2023. <https://tieteku.fi/ihminen/muinais-dna-kirjoittaa-euroopan-historiaa-uusiksi> [viitattu 15.6.2024]
- Fleskes, R. E., Cabana, G. S., Gilmore, J. K., Juarez, C., Karcher, E. et al. 2023. Community-engaged ancient DNA project reveals diverse origins of 18th-century African descendants in Charleston, South Carolina. *PNAS* 120(3): e2201620120. <https://doi.org/10.1073/pnas.2201620120>
- Fort, J. 2015. Demic and cultural diffusion propagated the Neolithic transition across different regions of Europe. *Journal of the Royal Society Interface* 12(106). <https://doi.org/10.1098/rsif.2015.0166>
- Frost, P. 1990. Fair women, dark men: The forgotten roots of colour prejudice. *History of European Ideas* 12(5): 669–679. [https://doi.org/10.1016/0191-6599\(90\)90178-H](https://doi.org/10.1016/0191-6599(90)90178-H)
- Gamba, C., Fernández, E., Tirado, M., Deguilloux, M. F., Pemonge, M. F. et al. 2011. Ancient DNA from an Early Neolithic Iberian population supports a pioneer colonization by first farmers. *Molecular Ecology* 21(1): 45–56. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2011.05361.x>
- Gaunitz, C., Fages, A., Hanghøj, K., Albrechtsen, A., Khan, N. et al. 2018. Ancient genomes revisit the ancestry of domestic and Przewalski's horses. *Science* 360(6384): 111–114. <https://doi.org/10.1126/science.aa03297>
- Gershon, L. 2021. DNA Analysis rewrites ancient history of Japan. *Smithsonian Magazine* 21.9.2021. <https://www.smithsonianmag.com/smart-news/japanese-ancestors-came-from-three-ancient-groups-180978725/> [viitattu 15.6.2024]
- Haak, W., Lazaridis, I., Patterson, N., Rohland, N., Mallick, S. et al. 2015. Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. *Nature* 522: 207–211. <https://doi.org/10.1038/nature14317>
- Hall, S. 1999. *Identiteetti*. (Suom. M. Lehtonen & J. Herkman.) Tampere: Vastapaino.
- Hirschman, E. C. & Panther-Yates, D. 2008. Peering inward for ethnic identity: Consumer interpretation of DNA test results. *Identity* 8(1): 47–66. <https://doi.org/10.1080/15283480701787368>
- Hofmanová, Z., Kreutzer, S., Hellenthal, G., Sell, C., Diekmann, Y. et al. 2015. Early farmers from across Europe directly descended from Neolithic Aegeans. *PNAS* 113(25): 6886–6891. <https://doi.org/10.1073/pnas.1523951113>
- Intagliata, C. 2020. Ancient DNA rewrites Dead Sea scroll history. *Scientific American* 9.7.2020. <https://www.scientificamerican.com/podcast/episode/ancient-dna-rewrites-dead-sea-scroll-history/> [viitattu 15.6.2024]

- Jones, E. D. 2017. *The search for ancient DNA in the media limelight: A case study of celebrity science*. Doctoral thesis, University College London. <https://discovery.ucl.ac.uk/id/eprint/1566827/>
- Kalmistopiiri 2021. Vuoden 2021 luetuimmat Kalmistopiiri-jutut. *Kalmistopiiri* 28.12.2021. <https://kalmistopiiri.fi/2021/12/28/vuoden-2021-luetuimmat-kalmistopiiri-jutut/> [viitattu 15.6.2024]
- Kalmistopiiri 2022. Vuoden 2022 luetuimmat julkaisut Kalmistopiirissä. *Kalmistopiiri* 27.12.2022. <https://kalmistopiiri.fi/2022/12/27/vuoden-2022-luetuimmat-julkaisut-kalmistopiirissa/> [viitattu 15.6.2024]
- Kaushik, R. & Sougat, R. 2018. War and epidemics A chronicle of infectious diseases. *Journal of Marine Medical Society* 20(1): 50–54. https://doi.org/10.4103/jmms.jmms_34_18
- Koivisto, A. 2024. Ensimmäiset Vantaan alueen asukkaat ja heidän ulkonäkönsä. *Blogi –Museon muruja* 11.2.2024. <https://kaupunginmuseo.vantaa.fi/fi/blogit/museon-muruja/ensimmaiset-vantaan-alueen-asukkaat-ja-heidan-ulkonakonsa> [viitattu 19.5.2024]
- Koponen, J. 2018. Alkuperäiskansat modernissa maailmassa. *AntroBlogi* 28.2.2018 <https://antrologi.fi/2018/02/alkuperaiskansat-modernissa-maailmassa/> [viitattu 9.4.2024]
- Koski, K. & Moilanen, U. 2019. Kuolema ja tuonpuoleinen. Teoksessa: Pajari, I., Jalonen, J., Miettinen, R. & Kanerva, K. (toim.) *Suomalaisen kuoleman historia*: 61–98. Helsinki: Gaudeamus.
- Kunnas, L. 2024a. *The furthest past historiography and the conceptual history of Stone Age archaeology in Finland, c. 1700–1940*. Dissertations Universitatis Helsingiensis 129/2024. Helsinki: Helsingin yliopisto.
- Kunnas, L. 2024b. Valkoiset ja mustat kivikaudella? Tuokiokuvia ihmisten ulkonäköön liittyvien käsitysten historiasta. *Kalmistopiiri* 27.3.2024. [viitattu 19.5.2024] <https://kalmistopiiri.fi/2024/03/27/valkoiset-ja-mustat-kivikaudella-tuokiokuvia-ihmisten-ulkonakoon-liittyvien-kasitysten-historiasta/>
- Kuppelomäki, P., Lindholm, J., Sunnarborg, T. & Tapio, S. 2021. *Helsingin yliopisto: Katsaus strategikauteen 2017–2020 ja vuoteen 2020*. Helsingin yliopisto.
- Kuppelomäki, P., Sunnarborg, T. & Tapio, S. 2019. *Helsingin yliopiston katsaus vuoteen 2018*. Helsingin yliopisto.
- Kvist, L., Niskanen, M., Mannermaa, K., Wutke, S. & Aspi J. 2019. Genetic variability and history of a native Finnish horse breed. *Genetics Selection Evolution* 51: 35. <https://doi.org/10.1186/s12711-019-0480-8>
- Källén, A., Mulcare, C., Nyblom, A. & Strand, D. 2019. Archaeogenetics in Popular Media: Contemporary Implications of Ancient DNA. *Current Swedish Archaeology* 27(1): 69–91. <https://doi.org/10.37718/CSA.2019.04>
- Librado, P., Tressières, G., Chauvey, L., Fages, A., Khan, N. et al. 2024. Widespread horse-based mobility arose around 2,200 BCE in Eurasia. *Nature* 631: 819–851. <https://doi.org/10.1038/s41586-024-07597-5>
- Liu, S., Stoof-Leichsenring, K., Harms, L., Schulte, L., Mischke, S. et al. 2024. Tibetan terrestrial and aquatic ecosystems collapsed with cryosphere loss inferred from sedimentary ancient metagenomics. *Science Advances* 10(21). <https://doi.org/10.1126/sciadv.adn8490>
- Mai, B. H., Barbieri, R., Chenal, T., Castex, D., Jonvel, R. et al. 2020. Five millennia of Bartonella quintana bacteraemia. *PLoS One* 15(11): e0239526. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0239526>
- Margaryan, A., Lawson, D. J., Sikora, M., Racimo, F., Rasmussen, S. et al. 2020. Population genomics of the Viking world. *Nature* 585: 390–396. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2688-8>
- Martin, N. G. 1975. No evidence for a genetic basis of tongue rolling or hand clasping. *Journal of Heredity* 66: 179–180.
- Masterton, M. 2010. Duties to past persons. Moral standing and posthumous interests of old human remains. Digital Comprehensive Summaries of Uppsala Dissertations from the Faculty of Medicine 557. Uppsala: Uppsala university.
- M'charek, A. 2024. Whitewashing the neanderthal: Doing time with ancient DNA. Teoksessa: Strand, D., Källén, A. & Mulcare, C. (toim.) *Critical Perspectives on Ancient DNA*. Cambridge, MA: The MIT Press.
- Moilanen, U. 2019. Muinais-DNA-tutkimuksen ajankohtaisia uutisia Vapriikissa – kooste tapahtumasta. *Kalmistopiiri* 20.1.2019. <https://kalmistopiiri.fi/2019/01/20/muinais-dna-tutkimuksen-ajankohtaisia-uutisia-vapriikissa/> [viitattu 15.6.2024]
- Moilanen, U. 2021. Mitä tarkoittaa ihmisjäännösten kunnioitettava kohtelu? *Muinaistutkija* 4/2021: 38–43.
- Moilanen, U. & Paasikivi, S. 2023. Esihistoriallisten tartuntatautien ja epidemioiden tutkimusmahdollisuudet Suomessa. *Ennen ja nyt – Historian tietosanomat* 2/2023. *Kalkkutautien historiaa*: 5–18. <https://doi.org/10.37449/ennenjanyt.125929>


- Moltke, I., Korneliusen, T. S., Seguin-Orlando, A., Moreno-Mayar, J. V., LaPointe, E. et al. 2021. Identifying a living great-grandson of the Lakota Sioux leader Tatanka Iyotake (Sitting Bull). *Science Advances* 7(44): eabh2013. <https://doi.org/10.1126/sciadv.abh2013>
- Morse, A. 1850. *Memorial of the Morses*. Boston: William Veazie.
- Nelson, A. 2008. Bio Science: Genetic genealogy testing and the pursuit of African ancestry. *Social Studies of Science* 38(5). <https://doi.org/10.1177/0306312708091929>
- Nordgren, A., & Juengst, E. T. 2009. Can genomics tell me who I am? Essentialistic rhetoric in direct-to-consumer DNA testing. *New Genetics and Society*, 28(2), 157–172. <https://doi.org/10.1080/14636770902901595>
- Nordfors, U., Peltola, S., O'Sullivan, R. J., Lamnidis, T., Majander, K. et al. (*tulossa*) Archaeogenetics reveals fine-scale genetic continuity and patterns of kinship and health in medieval Finland.
- Ohl, M. E. & Spach, D. H. 2000. *Bartonella quintana* and urban trench fever. *Clinical Infectious Diseases* 31(1): 131–135. <https://doi.org/10.1086/313890>
- Oliver, W. H. 2014. Reconsidering the skin colour (race) of Jesus and his ancestors. *Journal of Early Christian History* 4(2): 95–115. <https://doi.org/10.1080/2222582X.2014.11877306>
- Outram, A. K., Stear, N. A., Bendrey, R., Olsen, S., Kasparov, A. et al. 2009. The earliest horse harnessing and milking. *Science* 323(5919): 1332–1335. <https://doi.org/10.1126/science.1168594>
- Patch, C., Sequeiros, J. & Cornel, M. 2009. Genetic horoscopes: is it all in the genes? Points for regulatory control of direct-to-consumer genetic testing. *European Journal of Human Genetics* 17: 857–859. <https://doi.org/10.1038/ejhg.2008.246>
- Pindi, G. N., & De La Garza, A. T. 2018. "The colonial Jesus": Deconstructing white christianity. Teoksessa: McIntosh, D. M., D., Moon, D. G. & Nakayama, T. K. (toim.) *Interrogating the communicative power of whiteness*: 218–238. New York: Routledge.
- Pitt-Rivers, J. 1973. The kith and the kin. Teoksessa: Goody, J. (toim.) *The Character of Kinship*: 89 - 106. Cambridge: Cambridge University Press.
- Poinar, H., Kuch, M., McDonald, G., Martin, P. & Pääbo, S. 2003. Nuclear gene sequences from a Late Pleistocene sloth coprolite. *Current Biology* 13(13): P1150–1152. [https://doi.org/10.1016/S0960-9822\(03\)00450-0](https://doi.org/10.1016/S0960-9822(03)00450-0)
- Puhto, S. 2018. 7 sisarusta ja puoli miljoonaa jälkeläistä – Oletko sinäkin polveutunut Sursillin svuvusta, kuten Sibelius ja Danny? *Seura-lehti* 26.5.2018. <https://seura.fi/filmiot/mysteerit/7-sisarusta-ja-puoli-miljoonaa-jalkelaista-oletko-sinakin-polveutunut-sursillin-svuvusta/>
- Ranta, K. & Kanninen, J. 2019. *Vastatuuleen – Saamen kansan pakkosuomalaistamisesta*. Helsinki: S&S.
- Raoult, D., Dutour, O., Houhamdi, L., Jankauskas, R., Fournier, P-E. et al. 2006. Evidence for louse-transmitted diseases in soldiers of Napoleon's grand army in Vilnius. *The Journal of Infectious Diseases* 193(1): 112–120. <https://doi.org/10.1086/498534>
- Rascovan, N., Telke, A., Raoult, D., Rolain, J. M. & Desnues, C. 2016. Exploring divergent antibiotic resistance genes in ancient metagenomes and discovery of a novel beta-lactamase family. *Environmental Microbiology Reports* 8(5): 886–895. <https://doi.org/10.1111/1758-2229.12453>
- Rask, R. 2019. Aleksis Kiven sukujuuret on nyt selvitetty varmuudella – sitkeät huhut Kiven aatelisjuurista eivät pidä paikkansa. *Yle* 8.5.2019. <https://yle.fi/a/3-10768853> [viitattu 24.3.2024]
- Reinhard, K. J., Chaves, S. M., Jones, J. G. & Iñiguez, A. M. 2008. Evaluating chloroplast DNA in prehistoric Texas coprolites: medicinal, dietary, or ambient ancient DNA? *Journal of Archaeological Science* 35(6): 1748–1755. <https://doi.org/10.1016/j.jas.2007.11.013>
- Robb, J. & Preston, M. 2007. Beyond 'migration' versus 'acculturation': new models for the spread of agriculture. Teoksessa: Alasdair Whittle, and Vicki Cummings (toim.) *Going over: The Mesolithic-Neolithic transition in North-West Europe*. London: British Academy Scholarship Online. <https://doi.org/10.5871/bacad/9780197264140.003.0006>
- Roth, W. D. & Ivemark, B. 2018. Genetic Options: The impact of genetic ancestry testing on consumers' Racial and ethnic identities. *American Journal of Sociology* 124(1). <https://doi.org/10.1086/697487>
- Royal, C. D., J., Novembre, S. M., Fullerton, D. B., Goldstein, J. C., Long, M. J. et al. 2010. Inferring genetic ancestry: Opportunities, challenges, and implications. *The American Journal of Human Genetics* 86(5): P661–673. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2010.03.011>
- Ryan, M. 2021. What did Jesus look like? Reclaiming Jesus the Jew in art and religious education. *Journal of Religious Education* 69: 239–252. <https://doi.org/10.1007/s40839-021-00137-7>
- Saag, L., Laneman, M., Varul, L., Malve, M., Valk, H. et al. 2019. The arrival of Siberian ancestry connecting the Eastern Baltic to Uralic speakers further east. *Current Biology* 29(10): 1701–1711. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2019.04.026>

- Sayer, D. 2017. *Ethics and burial archaeology*. London: Bloomsbury Academic.
- Schlumbaum, A., Tensen, M. & Jaenicke-Després, V. 2008. Ancient plant DNA in archaeobotany. *Vegetation History and Archaeobotany* 17: 233–244. <https://doi.org/10.1007/s00334-007-0125-7>
- Schroeder, H. 2023. DNA-researcher: It's not 'woke' to portray prehistoric Europeans with dark skin. It's evolution. *Science Nordic* 28.11.2023. <https://www.sciencenordic.com/archaeology-denmark-history/dna-researcher-its-not-woke-to-portray-prehistoric-europeans-with-dark-skin-its-evolution/2273715>
- Scully, M., King, T. & Brown, S. T. 2013. Remediating Viking origins: Genetic code as archival memory of the remote past. *Sociology* 47(5): 921–938. <https://doi.org/10.1177/003803851349353>
- Scully, M., Brown, S. D. & King, T. 2016. Becoming a Viking: DNA testing, genetic ancestry and placeholder identity. *Ethnic and Racial Studies* 39(2): 162–180. <https://doi.org/10.1080/01419870.2016.1105991>
- Sihvo, H. 2018. Kivi, Aleksis (1834–1872). *Kansallisbiografia*. <https://kansallisbiografia.fi/kansallisbiografia/henkilo/2826>
- Sokal, R., Oden, N. & Wilson, C. 1991. Genetic evidence for the spread of agriculture in Europe by demic diffusion. *Nature* 351, 143–145. <https://doi.org/10.1038/351143a0>
- Stone, A. C., & Ozga, A. T. 2019. Ancient DNA in the study of ancient disease. Teoksessa: Buikstra, J. E. (toim.) *Ortner's identification of pathological conditions in human skeletal remains (Third edition)*: 183–210. Academic Press.
- Strand, D., & Källén, A. 2021. I am a Viking! DNA, popular culture and the construction of geneticized identity. *New Genetics and Society*, 40(4), 520–540. <https://doi.org/10.1080/14636778.2020.1868988>
- Sturtevant, A. H. 1940. A new inherited character in man. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 26: 100–102.
- Sturm, R. A. & Larsson, M. 2009. Genetics of human iris colour and patterns. *Pigment Cell & Melanoma Research* 22(5): 544–562. <https://doi.org/10.1111/j.1755-148X.2009.00606.x>
- Tarlow, S. 2006. Archaeological ethics and the people of the past. Teoksessa: Scarre, C. & Scarre, G. (toim.) *The ethics of archaeology: Philosophical perspectives on archaeological practice*: 199–216. Cambridge: Cambridge University Press.
- Torres-Cortés, G., Millán, V., Ramírez-Saad, H. C., Nisa-Martinez, R., Toro, N. et al. 2011. Characterization of novel antibiotic resistance genes identified by functional metagenomics on soil samples. *Environmental Microbiology* 13(4): 1101–1114. <https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2010.02422.x>
- Wagner, J. K., Colwell, C., Claw, K. G., Stone, A. C., Bolnick, D. A. 2020. Fostering responsible research on ancient DNA. *ASHG Guidance* 107(2): P183–195. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2020.06.017>
- Walker, R. 1990. *Ka whāwhai tonu mātou: struggle without end*. Auckland: Penguin.
- Warinner, C., Kozow Richter, K. & Collins, M. J. 2022. Paleoproteomics. *Chemical Reviews* 122(16): 13401–13446. <https://doi.org/10.1021/acs.chemrev.1c00703>
- Willerslev, E. & Meltzer, D. J. 2021. Peopling of the Americas as inferred from ancient genomics. *Nature* 594: 356–364. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03499-y>
- Wintle, M. 2021. Gender and race in the personification of the continents in the Early Modern Period: Building eurocentrism. Teoksessa: Cline Horowitz, M. & Arizzoli, L. (toim.) *Bodies and maps: Early Modern personification of the continents*: 39–66. Leiden: Brill.
- Zhang, S. 2018. Ancient DNA is rewriting human (and neanderthal) history. *The Atlantic* 14.3.2018. <https://www.theatlantic.com/science/archive/2018/03/ancient-dna-history/554798/> [viitattu 15.6.2024]


1

Muinais-DNA:n tutkimusmenetelmät kentältä laboratorioon ja datasta tuloksiksi

Nelli-Johanna Saari

 <https://orcid.org/0000-0001-9106-7718>

Sanni Peltola

 <https://orcid.org/0000-0002-7216-8713>

Elina Salmela

 <https://orcid.org/0000-0003-1326-4462>

Muinais-DNA:lla tarkoitetaan kuolleiden eliöiden perimäainesta. Sitä pystytään eristämään jopa satoja tuhansia vuosia vanhoista eloperäisistä materiaaleista, mutta se on yleensä pitkälle hajonnutta, ja siksi sen käsittely vaatii erikoistuneita laboratorio- ja laskentamenetelmiä. Muinai-DNA-tutkimuksen aineistona voidaan käyttää muinaiisperimää niin ihmisiltä kuin eläimiltä, kasveilta ja mikrobeiltakin.

Muinai-DNA-tutkimus on luonteeltaan hyvin monitieteistä, sillä sen tulosten tulkitseminen edellyttää niiden tiivistä yhdistämistä muiden tieteenalojen, esimerkiksi historian, arkeologian, **paleontologian** ja historiallisen kielitieteen, tuottamaan tietoon. Arkeologisista ja paleontologisista näytemateriaaleista saatua perimäainesta tutkivaa genetiikan alaa kutsutaan arkeogenetiikaksi tai paleogenetiikaksi. Sen tutkimuskysymykset yltyvät yksilötason tapaustutkimuksista aina mannertenlaajuisiin ja monituhatuvoisiin mittakaavoihin, ja tutkimuskohteena voivat olla niin lajien polveutumishistoriat, väestöjen muuttoliikkeet kuin yksilöiden sukulaisuus, perinnölliset ominaisuudet tai heitä vaivanneet taudinaiheuttajatkin.

Muinais-DNA:n ja elävistä eliöistä saadun DNA:n suurin ero on se, että muinais-DNA on yleensä heikkolaatuista ja sitä on näyttemateriaaleissa jäljellä vain vähän tai ei lainkaan. Orgaanisena molekyylinä DNA hajoaa ja maatuu kuten kaikki muukin eloperäinen aines. Elävät solut korjaavat ja huoltavat DNA:taan jatkuvasti, sillä virhe geneettisessä koodissa voi johtaa solun kannalta ikäviin seurauksiin, esimerkiksi solukuolemaan tai syöpään. Eliön kuoleman jälkeen DNA:ta ylläpitävät mekanismit lakkaavat kuitenkin toimimasta, ja DNA jää alttiiksi kuolemanjälkeisille hajoamisprosesseille.⁷⁵ Spontaanin hajoamisen lisäksi bakteerit ja muut mikro-organismit tuhoavat DNA:ta entisestään.

DNA:n hajotessa **kromosomien** pitkät DNA-juosteet katkeavat yhä lyhyemmiksi paloiksi, ja kemialliset prosessit saavat aikaan muutoksia DNA:n emäsjärjestyksessä eli **sekvenssissä**.⁷⁶ Hajoamisprosessit saavat DNA:n myös sitoutumaan tiukasti muihin molekyyliihin, ja siksi muinais-DNA:ta on hankalampi eristää kuin modernia DNA:ta. Ajan kuluessa nämä hajoamisprosessit johtavat DNA:n määrän vähenemiseen. Prosessi jatkuu, kunnes DNA on hajonnut lopullisesti.

DNA:n hajoamisen nopeus riippuu ympäristökijöistä. DNA säilyy parhaiten kylmässä, kuivassa ja emäksisessä maa-aineksessa, jossa on mahdollisimman vähän mikrobitoimintaa.⁷⁷ Erityisen vanhaa muinais-DNA:ta on saatu eristettyä ikiroudassa säilyneistä kudoksista, kuten yli miljoona vuotta sitten Itä-Siperiassa eläneestä mammutista.⁷⁸ Tällä hetkellä kaikkein vanhin onnistuneesti **sekvensoitu** DNA on **ympäristö-DNA:ta** (*eDNA*, *environmental DNA*) ja peräisin noin kaksi miljoonaa vuotta vanhoista sedimenttikerrostumista, joista pystyttiin eristämään eri kasvi- ja eläinlajien, kuten mastodonttien, **mitokondriaalista DNA:ta**.⁷⁹ Ikiroudan ulkopuolella DNA:n säilyvyys on selvästi rajallisempi: vanhimmat ikiroudan ulkopuoliset näytteet, joista DNA:ta on saatu eristettyä, ovat peräisin noin 430 000 vuotta vanhoista luolakarhun ja varhaisten **neandertalinihmisten** jäännöksistä (ks. luku 2).⁸⁰

75 Lindahl 1993

76 Kendall et al. 2018

77 Dabney et al. 2013

78 van der Valk et al. 2021

79 Kjær et al. 2022

80 Dabney et al. 2013; Meyer et al. 2016

Vastaavasti muinais-DNA hajoaa nopeasti lämpimissä ja kosteissa oloissa, kuten tropiikissa. Myös Suomelle tyypillisessä happamassa maaperässä muinaisgeneettinen aines säilyy erityisen huonosti. Palanut luuaines säilyy maassa palamatonta paremmin, mutta perusteellinen palaminen tuhoaa luusta sen sisältämän orgaanisen aineksen ja siten myös DNA:n,⁸¹ joten poltettuja luita ei voi käyttää DNA-tutkimuksiin. Palamattoman luun maatumisnopeuteen vaikuttavat useat eri tekijät,⁸² mutta yleensä maatuminen tapahtuu Suomen maaperässä nopeasti, ja siksi Suomessa on vain vähän ajanlaskun alun tienoille ajoittuvia luulöytöjä. Edes näkyvien orgaanisten jäännösten säilyminen ei aina takaa DNA:n säilymistä, ja siksi hyväkuntoisen näköisessäkin luussa ei välttämättä ole jäljellä DNA:ta. Koska myös happamuus tuhoaa DNA:n tehokkaasti, esimerkiksi Koillis-Euroopan soista löytyneistä **suoruumiista** ei juuri ole mahdollista saada DNA:ta, vaikka muu orgaaninen aines säilyy suossa poikkeuksellisen hyvin (kuva 1.1).⁸³

Muinais-DNA-tutkimuksen hidas alku ja nopea kasvu

Muinais-DNA-tutkimus on suhteellisen nuori tieteenala, jonka on mahdollistanut **molekyyligenetiikan** menetelmien kehitys viimeisten neljän vuosikymmenen aikana. Muinais-DNA-tutkimus otti ensiaskeleensa vuonna 1984, kun sukupuuttoon kuolleen seepralajin, kvaggan, DNA:ta onnistuttiin eristämään noin 140 vuotta vanhan museonäytteen lihaskudoksesta (ks. luku 10).⁸⁴ Onnistuminen oli kuitenkin suhteellista: kvaggan perimästä saatiin selvitettyä noin yksi kymmenesmiljoonasosa, mutta sen aikaisilla työläillä molekyyligenetiikan menetelmillä se oli huomattava saavutus. Muinaisgenetiikan tutkimusmahdollisuudet ovat kuitenkin parantuneet huomattavasti nyky-DNA:n tutkimuksessa käytettävien laboratoriomenetelmien kehittymisen myötä.

Ensimmäinen merkittävä edistysaskel oli, kun DNA:ta opittiin monistamaan tehokkaasti **PCR:llä** eli **polymeraasiketjureaktiolla**.⁸⁵ Menetelmä

81 Hansen et al. 2017

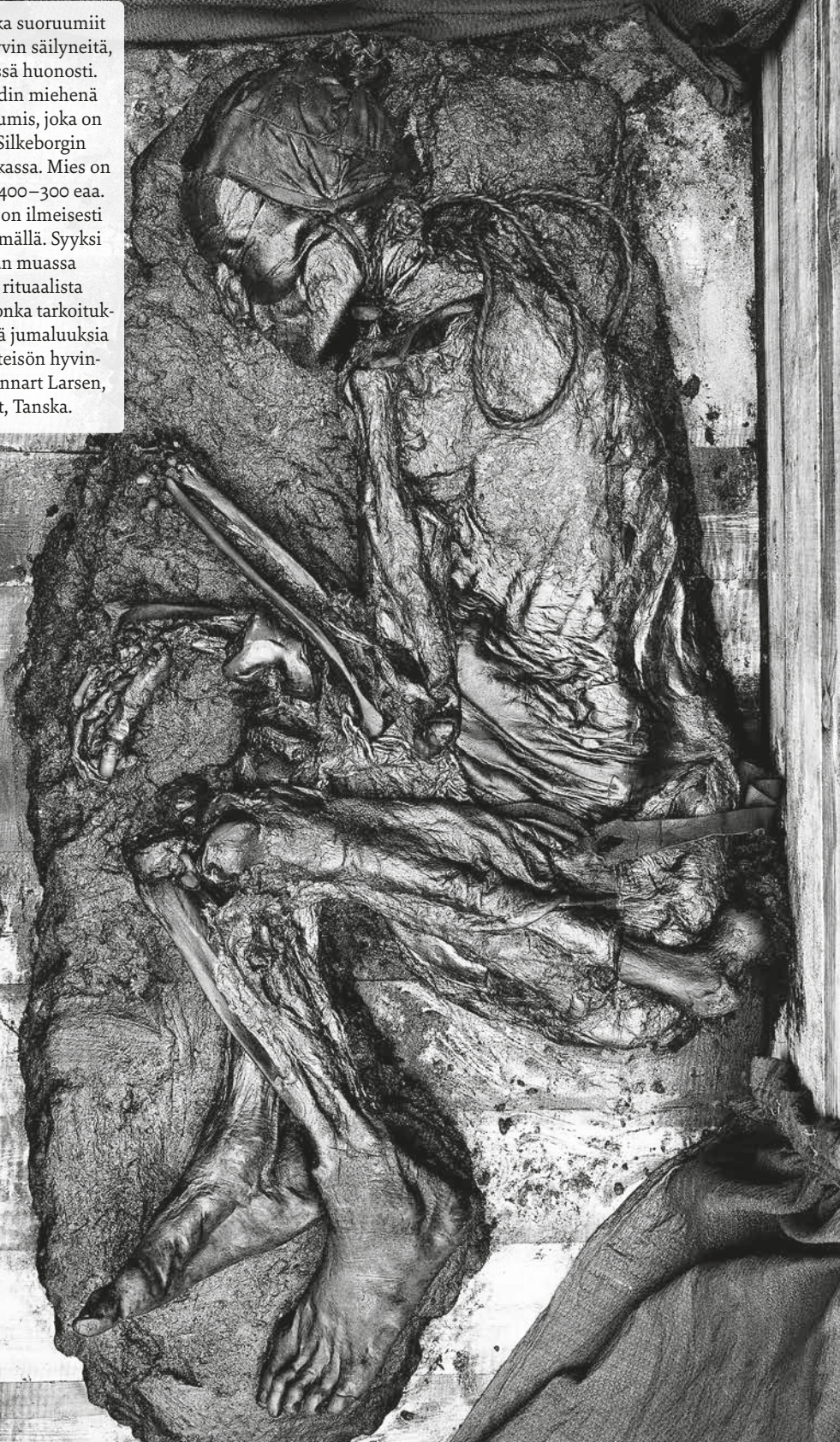
82 ks. Moilanen 2021: 31–32

83 Lynnerup 2015

84 Higuchi et al. 1984

85 Mullis & Faloona 1987

Kuva 1.1. Vaikka suoruumiit ovat muuten hyvin säilyneitä, DNA säilyy niissä huonosti. Kuvassa Tollundin miehenä tunnettu suoruumis, joka on nykyisin esillä Silkeborgin museossa Tanskassa. Mies on elänyt vuosien 400–300 eaa. välillä, ja hänet on ilmeisesti surmattu hirttämällä. Syyksi on esitetty muun muassa rangaistusta tai rituaalista surmaamista, jonka tarkoituksena oli lepyttää jumaluuksia ja varmistaa yhteisön hyvinvointi. Kuva: Lennart Larsen, Nationalmuseet, Tanska.



mahdollistaa muutaman DNA-juosteen monistamisen miljooniksi kopioiksi, ja se nopeutti DNA-tutkimusten tekemistä huomattavasti. PCR-monistuksen avulla tutkijat pääsivät paremmin käsiksi muinaisnäytteiden harvalukuisiin säilyneisiin DNA-molekyyleihin. Valitettavasti PCR-menetelmä monisti muinaisen DNA:n lisäksi helposti myös **kontaminaatiota** eli DNA:ta, joka on peräisin muualta kuin tutkittavasta yksilöstä, kuten maaperän ja ympäristön mikrobeista tai näytettä käsitelleistä ihmisistä. Tutkittavan eliön alkuperäistä eli **endogeenista DNA:ta** on muinaisnäytteessä usein jäljellä niin vähän, että pienikin määrä ulkopuolista biologista materiaalia, jopa yksittäinen solu, voi sisältää enemmän DNA:ta kuin itse näyte. Niinpä useiden varhaisten muinais-DNA-tutkimustulosten joukossa oli muutakin kuin tutkittavaksi tarkoitettua DNA:ta, ja muinais-DNA:ta raportoitiin löydetyn jopa miljoonia vuosia vanhoista materiaaleista, kuten meripihkassa säilyneestä yli 120 miljoonaa vuotta vanhasta kovakuoriaisesta ja 80 miljoonaa vuotta vanhoista dinosauruksen luista.⁸⁶ Kun kontaminaation riski ymmärrettiin, DNA:n autenttisuuden varmistamiseen alettiin kiinnittää tarkempaa huomiota. Kontaminaatio ja sen tunnistaminen ovat sittemmin olleet muinais-DNA-tutkimuksen keskeisiä kysymyksiä, ja kontaminaation estämiseen ja tunnistamiseen on kehitetty lukuisia menetelmiä ja protokollia.⁸⁷

Muinais-DNA-tutkimuksen kenttä laajeni 1980-luvun ensimmäisten tutkimusten jälkeen huomattavasti, kun selvisi, että DNA säilyy pehmytkudosten lisäksi luussa.⁸⁸ Pehmytkudokseen verrattuna muinais-DNA-tutkimukseen soveltuvaa luuaineistoa on säilynyt paljon suurempia määriä eri-ikäisiltä tutkimuskohteilta. Monipuolisemman tutkimusaineiston avulla muinais-DNA:n tutkimus lisääntyi, ja 1990-luvun kuluessa useissa tutkimuksissa sekvensoitiin muinais-DNA:ta arkeologisista ihmisluista.⁸⁹

Toinen muinais-DNA-tutkimuksen kannalta käännteentekevä kehityskäsi oli uudenlaisten sekvensointimenetelmien (**NGS** eli *next generation sequencing*) käyttöönotto vuoden 2005 vaiheilla.⁹⁰ Nämä menetelmät ovat paljon nopeampia ja kustannustehokkaampia kuin aiemmat sekvensointimenetelmät. Lisäksi ne soveltuvat muinais-DNA:n tutkimiseen erityisen

86 Cano et al. 1993; Woodward et al. 1994

87 Esim. Skoglund et al. 2014; Llamas et al. 2017; Peyrégne & Prüfer 2020

88 Hagelberg et al. 1989: 485

89 Hänni et al. 1990; Hummel & Herrmann 1991; Stone & Stoneking 1993

90 Margulies et al. 2005

hyvin, sillä niissä DNA:n sekvenssi eli emäsjärjestys selvitetään pienissä, enintään muutaman sadan emäksen pätkissä kerrallaan, joten niiden käyttöä ei haittaa, että muinais-DNA on lyhyiksi pätkiksi hajonnutta. Aikaisemmat sekvensointimenetelmät tähtäsivät pitkien yhtäjaksoisten DNA-sekvenssien tuottamiseen, ja niiden käyttö muinais-DNA:n tutkimuksessa oli siksi usein hankalaa tai jopa mahdotonta. NGS-menetelmät saivat muinais-DNA-tutkimuksen nopeaan kasvuun: vuonna 2013 **perimänlaajuinen** sekvenssi oli julkaistu vasta yhdeltätoista muinaisihmiseltä, mutta vuoteen 2017 mennessä jo yli tuhannelta, ja maaliskuussa 2023 määrä lähenteli kymmentätuhatta.⁹¹ Muista lajeista tehtyjen muinais-DNA-tutkimusten määrät ovat kasvaneet yhtä lailla. Menetelmät kehittyvät ja tarkentuvat yhä, ja tämä kehitys onkin nostanut muinais-DNA:n yhdeksi tärkeäksi tietolähteeksi menneisyyden tutkimuksessa.

Muinais-DNA-tutkimuksen näytemateriaalit

DNA:ta voidaan nykyään eristää hyvin monenlaisista orgaanisista jäännöksistä sekä materiaaleista, jotka ovat olleet kosketuksissa orgaaniseen aineeseen. Yleisimmin muinais-DNA:ta eristetään luista ja hampaista, sillä ne ovat tyypillisesti säilyneet arkeologisilla kohteilla paremmin kuin pehmytkudos, ja vastaavasti DNA säilyy niissä pitkiäkin aikoja.⁹² Luiden välillä on kuitenkin suuria eroja, sillä DNA säilyy paremmin tiiviissä ja kovassa kuin huokoisessa luussa.⁹³ Ihmisen muinais-DNA:ta saadaan eristettyä parhaiten kallon ohimoluun kallio-osasta (*pars petrosa*) tai sisäkorvan pienistä kuuloluista sekä hammasluusta tai hampaan juurisementistä (*cementum*) (kuva 1.2).⁹⁴ Myös selkänikamista, nilkan telaluusta sekä sormien ja varpaiden kärkiluista DNA-saanto on usein hyvä.⁹⁵ Huonosti säilyneissä luuaineistoissa tutkittavan yksilön DNA:ta saattaa olla vain alle prosentti koko näytteen

91 Marciniak & Perry 2017; Allen Ancient DNA Resource 2023

92 Adler et al. 2011

93 Alberti et al. 2018

94 Adler et al. 2011; Pinhasi et al. 2015; Damgaard et al. 2015; Hansen et al. 2017; Sirak et al. 2020

95 Parker et al. 2020



Kuva 1.2. Yleisimmät näytemateriaalit muinais-DNA-tutkimuksessa ovat hampaat ja kallon ohimoluun kallio-osa (*pars petrosa*) (ei mittakaavassa). Kuvat: Nelli-Johanna Saari.

DNA:sta,⁹⁶ joten näytemateriaalin valinnalla on huomattava merkitys tutkimuksen onnistumisessa.

Palamatonta luumateriaalia ei ole saatavilla kaikista arkeologisista kohteista. Lisäksi varovainenkin muinais-DNA-näytteenotto useimmiten tuhoaa luita, jotka ovat itsessään arvokasta tutkimusaineistoa muinoin eläneistä ihmisistä tai eläimistä. Laboratorio- ja laskentamenetelmien kehittymisen ansiosta muinais-DNA:ta on kuitenkin mahdollista eristää yhä pienemmistä näytemääristä ja monipuolisemmista tutkimusmateriaaleista. Muinaisten ihmisten elämästä on kertynyt myös paljon muuta aineistoa, josta nykyisin voidaan eristää ihmis-, eläin-, kasvi- tai mikrobiperäistä DNA:ta.

Luiden ja hampaiden lisäksi muinais-DNA:ta on mahdollista eristää säilyneistä pehmytkudoksista tai esimerkiksi kasvien jäännöksistä.⁹⁷ Lisäksi kivistyneistä ulosteista eli **koproliiteista** voidaan eristää ulosteen tuottaneen eläimen ja sen ravinnokseen käyttämien eläinten tai kasvien DNA:ta.⁹⁸ Joskus DNA voi säilyä myös käyttöesineissä. Eristämällä DNA:ta ihmisen käyttämästä esineestä pystytään yhdistämään esine uudella tavalla sen käyttäjään. Esimerkiksi kivikautisesta hammasriipuksesta ja historiallisesta liitupiipusta (kuva 1.3) on eristetty onnistuneesti ihmisen DNA:ta.⁹⁹ DNA:n avulla on mahdollista tunnistaa, mistä eläimestä nahka- ja luuesineet tai

⁹⁶ Hansen et al. 2017

⁹⁷ Allaby et al. 2015

⁹⁸ Iñiguez et al. 2003: 3

⁹⁹ Schablitsky et al. 2019; Essel et al. 2023



Kuva 1.3. Liitupiiput ovat valkosavesta valmistettuja tupakointivälineitä, joita käytettiin 1600–1800-luvuilla. Kuvassa on Turun kaupunkikaivauksilta löytyneitä piippuja. Yhdysvaltalaisessa tutkimuksessa vastaavasta 1800-luvun alkuun ajoittuvasta liitupiipusta eristettiin onnistuneesti tupakoijan DNA:ta. Tutkimuksen mukaan piippua on polttanut nainen, joka kuului perimältään Länsi-Afrikan Sierra Leonessa elävään mende-väestöön. Sierra Leone oli yksi transatlanttisen orjakaupan alkuperäalueista ja luultavasti naisen tai tämän esivanhempien lähtöpaikka. Kuva: Turun museokeskus. CC BY 4.0.

pergamentti on valmistettu, tai mitä kasvilajeja savitiilien tiilimassaan on aikoinaan sekoitettu.¹⁰⁰ Purupihkasta – koivuntuohitervasta valmistetusta muinaisesta liima-aineesta – on saatu eristettyä DNA:ta, joka oli peräisin purupihkaa suussaan pehmittäneestä ihmisestä, hänen suuontelonsa mikrobeista ja jopa hänen ravintonsa jäämistä.¹⁰¹ Jos tutkittavana on hammas, johon on kertynyt hammaskiveä, siitäkin on mahdollista eristää ihmisen DNA:n lisäksi myös suun bakteerien DNA:ta.¹⁰²

Maailmalla ihmisen ja monien muiden lajien DNA:ta on pystytty eristämään myös suoraan maaperästä ja sedimenteistä, erityisesti ihmisten tai eläinten asuttamista luolista.¹⁰³ Suomessa muinaisen DNA:n säilymistä maaperässä on tutkittu kivikautisista asuinpainanteista Loviisassa, Kotkassa, Virolahdella ja Taipalsaarella, veden alle jääneen asuinpaikan kerrostumista Savitaipaleen Kammarlahdella sekä yhdestä rautakautisesta ruumishaudasta Valkeakosken Toppolanmäellä,¹⁰⁴ mutta toistaiseksi niistä ei ole saatu eristettyä ihmis-DNA:ta. Menetelmien yhä kehittyessä muinais-DNA-tutkimus on todennäköisesti ottanut vasta ensiaskeleensa sen suhteen, miten ja minkälaisista näyttemateriaaleista muinaista perimäainesta pystytään tutkimaan.

Näytteen matka arkeologisilta kaivauksilta laboratorioon

Muinais-DNA-tutkimus pitää sisällään lukuisia eri työvaiheita (kuva 1.4), joiden avulla näytteestä saadaan selvitettyä tutkittavan yksilön DNA:n sekvenssi.¹⁰⁵ Näyttemateriaaleja hankitaan tutkimusta varten joko suoraan arkeologisilta kaivauksilta tai esimerkiksi museoiden, yliopistojen ja muiden tutkimuslaitosten ylläpitämistä arkeologisista ja luonnontieteellisistä kokoelmista. Arkeologisia materiaaleja tutkittaessa puhutaan yleensä *aDNA:sta* eli muinais-DNA:sta tai *sedaDNA:sta*, jos muinais-DNA on peräisin maaperästä tai sedimenttikerrostumista eikä yksilön jäännöksistä.

¹⁰⁰ Teasdale et al. 2015; Bastian et al. 2018; Bro-Jørgensen et al. 2018; Arbøll et al. 2023

¹⁰¹ Jensen et al. 2019; Kashuba et al. 2019; Kashuba 2024

¹⁰² Preus et al. 2011

¹⁰³ Slon et al. 2017; Slon et al. 2022; Massilani et al. 2021; Vernot et al. 2021

¹⁰⁴ Peltola 2019: 63

¹⁰⁵ Ks. esim. Key et al. 2017; Liu et al. 2022



Kuva 1.4. Yksinkertaistettu esitys muinais-DNA-tutkimuksen yleisimmistä työvaiheista. Näyte voidaan ottaa esimerkiksi luusta, josta porataan puhdistilaboratoriossa luujauhoa. Jauhosta eristetään sen sisältämä DNA. Varsinainen DNA-data tuotetaan sekvensoinnilla, ja erilaisten laskennallisten toimenpiteiden, kuten kontaminaatioarvioiden, jälkeen dataa päästään analysoimaan. Kuva: KMG Turku.

Muinais-DNA-tutkimuksen kannalta suoraan kaivauksilta saadut näytteet ovat otollisimpia, sillä silloin näytteen kontaminoituminen voidaan minimoida jo tutkimuksen alkuvaiheessa.¹⁰⁶ Kenttäolosuhteissa näytteen koskemista tulee välttää, ja näytteitä tulee käsitellä erillisillä välineillä, jotka vaihdetaan tai puhdistetaan eri näytteiden välillä. Ennen näytteiden valitsemista kannattaa neuvotella muinais-DNA:han erikoistuneen asiantuntijan kanssa, jotta näyte otetaan optimaalisimmista materiaaleista oikein menetelmin ja välinein. Ihanteellisessa tilanteessa näyte otetaan kentällä pukeutuneena suoja-asuun, joka muistuttaa laboratoriossa käytettävää asua. Siihen sisältyy koko vartalon peittävä suojapuku, hengityssuojain, hiusverkko ja kertakäyttöiset suojakäsineet ja -jalkineet (kuva 1.5). Näyte voidaan siirtää esimerkiksi kertakäyttöisiä pinsettejä käyttämällä tiivisti suljettavaan pussiin, johon on merkitty näytteen tarkka ottopaikka ja muut näytetiedot. Pussi on säilytettävä suljettuna, eikä sen sisältämää näytettä tule käsitellä ilman suojakäsineitä. Näytteenottoon saakka näyte tulee säilyttää mieluiten tasaisessa ja kylmässä lämpötilassa.

Näyttemateriaalit kuljetetaan laboratoriotyötä varten muinais-DNA-laboratorioon, joka on erikoistunut vain muinaisen DNA:n käsittelyyn.¹⁰⁷ Muinais-DNA-laboratorioita sijaitsee eri puolilla maailmaa, ja suurimmat laboratoriot ovat keskittyneet Saksaan, Yhdysvaltoihin, Englantiin ja Skandinaviaan. Muinais-DNA-laboratorioiden perustaminen ja ylläpitäminen on hyvin kallista, sillä niissä tilat ja työtavat on suunniteltu tavallista DNA-laboratoriota huomattavasti tarkemmin estämään näytteiden kontaminoitumista.

106 Ks. esim. Llamas et al. 2017

107 Esim. Knapp et al. 2012; Fulton & Shapiro 2019



Kuva 1.5. DNA-näytteenottoon valmistautumista Valkeakosken Toppolanmäen ristiretki-aikaisella (n. 1050–1200 jaa.) kalmistolla. Näytteenottoa varten on pukeuduttu kertakäyttöiseen suoja-asuun. Kuva: Ulla Nordfors.

Muinais-DNA-laboratoriossa näytteitä käsitellään erillisissä puhdas-tiloissa, joissa kaikki työntekijät ovat pukeutuneet suoja-pukuun ja -laseihin, maskiin, hiusverkkoon sekä kertakäyttöisiin suojakäsineisiin ja -jalkineisiin (kuva 1.6). Laboratorio on ylipaineistettu, jotta sinne ei pääsisi ulkopuolelta pölyhiukkastakaan. Kaikki työvälineet ja tilat siivotaan huolellisesti DNA:ta tuhoavilla kemikaaleilla ja säteilytetään UV-valolla.¹⁰⁸ Samoissa tiloissa ei myöskään saa tehdä DNA:n PCR-monistusta, sillä PCR tuottaa DNA-molekyyleistä miljoonia kopioita, ja ne leviävät helposti ilman välityksellä kontaminoimaan muinaisnäytteet. Myös muinais-DNA-tutkimuksessa käytetään

¹⁰⁸ Ks. esim. Kemp & Smith 2005; Llamas et al. 2017



Kuva 1.6. Muinais-DNA-laboratoriossa työskennellään suojavarusteissa kontaminaation välttämiseksi. Kuva: Sanni Översti.

PCR-menetelmää, mutta se tehdään aina erillisessä laboratoriossa, kaukana näytteiden ottoon ja käsittelyyn tarkoitetuista puhdistiloista. Näillä toimenpiteillä pyritään estämään kaikki mahdollinen kontaminaatio sekä moderneista DNA-lähteistä, kuten tutkijoista itsestään, näytteisiin että näytteestä toiseen. Lisäksi näytteiden rinnalla laboratoriovaiheissa käsitellään **negatiivisia kontrolleja** eli näytteitä, joissa ei ole lainkaan DNA:ta, jotta niistä voidaan seurata mahdollisen kontaminaation esiintyvyyttä eri työvaiheiden aikana.¹⁰⁹

Muinais-DNA-laboratorioon tuotu näytemateriaali säteilytetään ennen näytteenottoa kummaltakin puolelta UV-valolla, joka tuhoaa mahdolliset

109 Llamas et al. 2017

ulkupuoliset kontaminantti-DNA:t näyttemateriaalin pinnalta.¹¹⁰ Muinais-DNA-näytteiden näytteenottotapa vaihtelee sen mukaan, mikä näyttemateriaali on kyseessä, kuinka paljon sitä on ja kuinka hyvin se on säilynyt. Useimpia näyttemateriaaleja – kuten luuta – joudutaan näytteenoton yhteydessä tuhoamaan hieman, yleensä pienen reiän poraamisen eli muutamien kymmenien milligrammojen verran. Sen sijaan esimerkiksi maaperänäytteet voivat edetä DNA:n eristykseen ilman erillistä näytteen poraamista. Pergamenttien sisältämää DNA:ta on puolestaan saatu talteen pergamentin puhdistukseen käytetyn pyyhkekumin murusista,¹¹¹ jolloin arvokasta materiaalia ei tarvitse tuhota lainkaan.

Luista ja hampaista näytteenotto tehdään yleensä poraamalla luujauhetta puhdistetusta tai paljastetusta luun sisäosasta. On tärkeää, että poranterä ei kuumene liikaa, sillä kuumuus voi tuhota näytteen DNA:ta.¹¹² Esimerkiksi ohimoluun kallio-osasta (*pars petrosa*) näyte porataan yleisimmin luun sisimmästä ja tiiviimmästä osasta (sisäkorva), kun taas hampaasta näyte otetaan joko hammasluusta, juuresta tai hampaan ulkopintaan ihmisen eliniän aikana kertyneestä hammaskivestä.¹¹³ Näytteeksi porattu luujauhe siirretään steriiliin näyteputkeen, minkä jälkeen luujauheen DNA eristetään ja puhdistetaan proteiineista sekä muista solun jäännöksistä vakiintuneilla, muinais-DNA:lle soveltuvilla eristysmenetelmillä.¹¹⁴ Tästä vaiheesta eteenpäin näytteiden käsittely laboratoriossa on käytännössä samanlaista riippumatta siitä, mistä tutkittava materiaali on peräisin.

Eristyksen jälkeen DNA:sta valmistetaan **DNA-kirjasto**, jossa näytteen alkuperäisten DNA-molekyylien päihin on lisätty lyhyet DNA-pätkät, joiden emäsjärjestys tunnetaan. Nämä pätkät toimivat eräänlaisina molekyyli-tunnisteina: niiden avulla näytteen DNA:ta pystytään monistamaan ennen sekvensointia, ja eri näytteet voidaan sekvensoida yhdessä ja erotella niiden tulokset sekvensoinnin jälkeen. DNA:n monistaminen on tarpeen, koska endogeenista eli tutkittavan yksilön alkuperäistä DNA:ta tarvitaan suurempi määrä sekvensointia varten. Kirjastointi myös estää näytteen kontaminoitumisen myöhemmissä työvaiheissa, sillä vain alkuperäisissä, puhdistiloissa

110 Llamas et al. 2017

111 Teasdale et al. 2017

112 Adler et al. 2011

113 Esim. Sirak et al. 2018; Harney et al. 2021

114 Esim. Velsko et al. 2020

eristetyissä näytteissä on päässä molekyyliytunnisteet, eikä näytteeseen tämän jälkeen mahdollisesti päätyvä ulkopuolinen DNA monistu ilman niitä.¹¹⁵

DNA-näytteiden laatua ja negatiivisten kontrollien kontaminaatiota tarkastellaan useassa eri vaiheessa laboratoriotyön aikana, jotta huonosti toimivia näytteitä voidaan joko prosessoida uudestaan tai vaihtoehtoisesti jättää kokonaan sekvensoimatta. Näytteistä voidaan sekvensoida kaikkea niissä olevaa DNA:ta niin sanotulla **shotgun-sekvensoinnilla** tai vaihtoehtoisesti **rikastaa** niistä ensin kaikkein kiinnostavimpia perimän kohtia, kuten mitokondrion tai **Y-kromosomin** tai tietyn taudinaiheuttajan DNA:ta.¹¹⁶ Rikastaminen tekee sekvensoinnista kustannustehokkaampaa, koska tällöin suurempi osa tuotettavasta sekvenssidatasta on peräisin tutkimusta kiinnostavasta osasta perimää ja vastaavasti pienempi osa muualta, esimerkiksi maaperäbakteereista.

Sekvenssiaineiston analyysi

Valtaosa muinais-DNA-tutkimuksista tuottaa aineistonsa edellä kuvatuilla uuden sukupolven sekvensointimenetelmillä, jotka perustuvat miljoonien lyhyiden DNA-molekyylien samanaikaiseen sekvensointiin. Tuloksena on valtava määrä dataa, jonka käsittely ja analysointi vaativat tietokoneelta runsaasti laskentatehoa ja tallennustilaa, erityisesti silloin kun tutkitaan kokonaisia **genomeja** eli yksilöiden koko perimää. Sekvensointikoneen tuottamat lyhyet DNA-jaksot eivät sinänsä kerro tutkijalle paljoakaan, vaan ne täytyy koostaa genomiksi kuin palapelin palaset. Palapeli kootaan **linjaamalla**, eli sijoittamalla laskennallisesti sekvensointikoneen tuottamat lyhyet sekvenssit oikeille paikoilleen tutkittavan lajin perimän kokonaissekvenssissä.¹¹⁷ Tämä vaihe on melko suoraviivainen, jos tutkittavasta lajista on olemassa elävistä yksilöistä peräisin olevaa genomiaineistoa. Sukupuuttoon kuolleiden lajien kohdalla tilanne voi olla haastavampi, koska modernia vertailukohtaa ei ole saatavilla, ja genomi joudutaan kokoamaan käyttäen apuna jonkin nykyisin

115 Knapp & Hofreiter 2010; Meyer & Kircher 2010; Llamas et al. 2017; Aron et al. 2020; Orlando et al. 2021

116 Knapp & Hofreiter 2010; Orlando et al. 2021

117 Ks. esim. Kircher 2011

elävän sukulaislajin genomia. Tämä strategia toimii sitä paremmin, mitä läheisempää sukua verrokkilaji on tutkittavalle lajille. Linjauksessa käytettävät algoritmit on suunniteltu toimimaan hyvin yksilöiden välisistä pienistä geneettisistä eroista huolimatta, mutta suuret erot lajien välillä voivat johtaa siihen, ettei kaikkia sekvenssejä saada linjattua ja osa aineistosta menetetään. Genomi voidaan koota myös kokonaan ilman verrokkigenomia, mutta tämä vaatii erittäin hyvin säilynyttä DNA:ta ja sen syvää sekvensointia eli aineistoa, jossa jokainen genomien kohta on sekvensoitu monta kertaa.

On myös tilanteita, joissa ei tarkkaan tiedetä, mistä lajista sekvensoitu DNA on peräisin. Näin voi olla esimerkiksi tutkimuksessa, jossa selvitetään, minkä eläimen luusta muinainen esine on valmistettu, tai kun tutkitaan **ympäristö-DNA-näytteitä** (*eDNA*), jotka yleensä sisältävät monien eri lajien DNA:ta. Näissä tilanteissa ei välttämättä ole tarpeen koota kokonaisia genomeja, vaan DNA:ta käytetään vain lajin tai lajien tunnistamiseen (ks. luku 8). Tällaisissa tutkimuksissa sekvenssejä verrataan yhden verrokin sijaan kokonaiseen tietokantaan eri lajien genomeja ja määritetään algoritmien avulla, mistä lajista tai lajeista sekvenssit ovat todennäköisimmin peräisin. Myös nämä tutkimukset vaativat hyvää verrokkiaineistoa, sillä jos sopivan lajin genomi puuttuu tietokannoista, ei sekvenssejä välttämättä voida tunnistaa luotettavasti.

Kontaminaation arvioiminen laskennallisesti

Koska muinais-DNA-näytteet ovat alttiita kontaminaatiolle, on kontaminaation määrän arvioiminen valmiista sekvensoidusta aineistoista erottamaton osa muinais-DNA-datan analyysiä.¹¹⁸ Vaikka laboratoriotyöskentelyssä olisi noudatettu kaikkia mahdollisia varotoimia kontaminaation estämiseksi, osaan näytteistä päätyy vierasta DNA:ta, joka voi myöhemmissä analyseissä johtaa väärin tuloksiin. Laboratoriossa noudatetuilla varotoimiteillä voidaan vaikuttaa vain vähän sellaiseen kontaminaatioon, joka on tapahtunut jo ennen näytemateriaalin saapumista laboratorioon. Erilaisilla laskennallisilla menetelmillä kontaminaatio voidaan kuitenkin havaita, ja

¹¹⁸ Ks. esim. Skoglund et al. 2014; Llamas et al. 2017

sen määrää on mahdollista mitata. Tarvittaessa kontaminoitunut näyte voidaan jättää analyysien ulkopuolelle.

Kontaminaation havaitsemisessa voidaan hyödyntää DNA:n hajoamisesta johtuvia vaurioita. Osa vaurioista on muinais-DNA:lle niin leimallisia, että niitä voidaan käyttää varmistamaan, että sekvensoitu aineisto on peräisin muinaisesta näytemateriaalista eikä modernista kontaminaatiosta.¹¹⁹ Tällaisia vaurioita ovat erityisesti **sytosiini-emästen** hajoamisesta johtuvat muutokset DNA-molekyylien häntäpäissä. Näiden vaurioiden suuri määrä kielii DNA:n hajoamisesta, ja niiden puuttuminen puolestaan vihjaa modernista kontaminaatiosta. Dataa voidaan jopa puhdistaa huomioimalla vain ne sekvenssipätkät, joissa näkyy muinais-DNA:lle tyypillisiä vaurioita.

DNA-vaurioihin perustuva kontaminaation tunnistus on yleinen, mutta melko karkea menetelmä. Sen sijaan tai rinnalla käytetään lähes aina muita laskennallisia menetelmiä kontaminaation määrän arvioimiseksi.¹²⁰ Monet näistä menetelmistä käyttävät hyväkseen genomien luontaisesti **haploideja** osia eli alueita, jotka yksilö perii vain toiselta vanhemmalta. Näissä kohdissa havaittava ylimääräinen geneettinen muuntelu kertoo heti, että näyte sisältää DNA:ta useammasta kuin yhdestä yksilöstä. Käytetyimpiä haploideja perimänosia ovat mitokondrio-DNA ja miehillä **X-kromosomi**. Myös miesten Y-kromosomi on haploidi, mutta sitä ei juuri käytetä kontaminaation tunnistamisessa.

Mitokondrio on energiaa tuottava soluelin, jolla on oma pieni rengasmainen genomi. Se periytyy **äitilinjassa** eli vain äidiltä lapsille (ks. luku 4). Mitokondrio-DNA:n etu kontaminaation arvioinnissa on se, että mitokondrio-DNA:ta on useimmiten muinais-DNA-näytteissä runsaasti, paljon runsaammin kuin **autosomaalista** eli tuman DNA:ta. Toisaalta tämä epäsuhta aiheuttaa myös sen, ettei mitokondrio-DNA:sta mitattu kontaminaation määrä välttämättä kerro suoraan autosomaalisen DNA:n kontaminaatiosta, koska jos autosomaalista DNA:ta on näytteessä hyvin vähän, siinä kontaminaation määrä voi olla suhteessa suurempi. Paras arvio autosomaalisesta kontaminaatiosta saadaan X-kromosomista, jonka vastinparina on miehillä pieni Y-kromosomi, joten X-kromosomi on heillä mitokondrion tapaan haploidi. X-kromosomiin perustuvan menetelmän heikko kohta

119 Dabney et al. 2013

120 Esim. Kircher 2011; Renaud et al. 2015

on luonnollisesti se, että menetelmä toimii vain yksilöille, jotka ovat geneettisesti miespuolisia.

Edellisten lisäksi on kehitetty myös muita, toimintaperiaatteeltaan monimutkaisempia menetelmiä. Ne voivat esimerkiksi muodostaa kokonaisarvion kontaminaation määrästä huomioimalla sekä DNA-vauriot että mitokondrio-DNA:n muuntelun. Ne toimivat kuitenkin usein parhaiten silloin, kun aineisto on muinais-DNA:n mittapuulla hyvälaatuista. Mitä vähemmän DNA:ta näytteestä on saatu, sitä vaikeampaa on sen sisältämän kontaminaation laskeminen millään käytössä olevalla menetelmällä.

Muinais-DNA-datan erityispiirteet

Kontaminaation lisäksi muinais-DNA-aineiston toinen erityispiirre on aineiston määrällinen vähyys. Pohjimmiltaan muinaisnäytteestä sekvensoitu DNA-aineisto on samanlaista kuin tuoreesta näytteestä tuotettu, ja monet tavallisen sekvenssiaineiston käsittelyyn ja analyysiin kehitetyt laskenta-työkalut soveltuvat muinais-DNA:n tutkimiseen sellaisenaan. Nykyisen ja muinaisen DNA:n ero tulee kuitenkin esiin aineiston kattavuudessa, sillä hyvälaatuinenkin muinais-DNA-aineisto on nykydataan verrattuna harvaa: tutkittavan yksilön genomiin jää useita aukkoja, joiden kohdalta sekvenssietoa ei yksinkertaisesti ole. Niissäkin kohdissa genomia, joissa sekvenssiaineistoa on jäljellä, se on useimmiten ”ohutta”, eli yhtä genomista kohtaa edustaa vain yksi tai kaksi sekvenssipätkää, kun modernissa aineistossa vastaava luku on helposti kymmenkertainen. Koska monet genetiikan laskennalliset menetelmät ja työkalut on suunniteltu paljon parempilaatuiselle nykydatalle, ne eivät välttämättä anna luotettavia tuloksia muinaisdatasta. Sen vuoksi monista laskentamenetelmistä on kehitetty muinaisdataalle paremmin soveltuvia versioita, jotka huomioivat aineiston puutteet ja sen analysointiin liittyvän tilastollisen epävarmuuden.

Jotkut analyysit kärsivät datan puutteesta enemmän kuin toiset. Esimerkiksi geneettinen sukupuoli saadaan määritettyä melko luotettavasti suhteellisen pienestäkin määrästä DNA:ta. Toisaalta erityisesti yksilöiden **fenotyypin** eli ilmiön tutkiminen on haastavaa, sillä ilmiön ennustamisessa on useimmiten tarpeen havaita kaikki ominaisuuteen vaikuttavat

geenimuodot. Esimerkiksi ihminen, joka on veriryhmältään AB, kantaa perimässään veriryhmän määrittävästä geenistä kahta eri geenimuotoa eli **alleelia**, toista isältä ja toista äidiltä perittyinä. Jos näistä geenimuodoista saataisiin sekvensoitua vain toinen, hänen veriryhmäkseen pääteltäisiin virheellisesti A tai B. Koska muinaisdata on harvaa ja ohutta, on hyvin tavallista, että kahdesta geenimuodosta nähdään vain toinen – usein ei sitäkään. Lisäksi moniin yksilön ominaisuuksiin vaikuttavat useat geenit, minkä vuoksi ominaisuuksien ennustaminen on vaikeaa, jos kaikista niihin vaikuttavista perimäkohdista ei ole saatavilla dataa. Myös **geneettisen monimuotoisuuden** mittaaminen on muinaisdatasta hankalaa, koska on vaikea tietää, paljonko geneettisestä muuntelusta jää datan puuttumisen takia näkemättä. Väestögeneettisissä analyyseissä datan matala kattavuus ei haittaa yhtä paljon, koska perimänlaajuisten ilmiöiden tarkastelussa riittää, että dataa on yhteensä tarpeeksi. Tällaisia analyysejä varten datasta saatetaan jopa tehdä tarkoituksella **pseudohaploidia** poimimalla vain yksi geenimuoto edustamaan kutakin perimänkohtaa. Tämä mahdollistaa aineiston käytön analyyseissä huonosta kattavuudesta huolimatta.

Muinais-DNA vastaa monenlaisiin tutkimuskysymyksiin

Kun muinais-DNA-data on läpäissyt laaduntarkastuksen, ja se on todettu määrältään riittäväksi ja kontaminaatioltaan tarpeeksi vähäiseksi, alkaa varsinainen analyysi. Analyysimenetelmien valinta riippuu tutkimuskysymyksestä sekä -aineistosta. Hyvin usein muinais-DNA:n avulla halutaan tutkia jonkin lajin **evolutiivista historiaa** tai **populaatiohistoriaa**, esimerkiksi millä tavoin sukupuuttoon kuollut laji on sukua nykyisin eläville sukulaisilleen tai miten lajin **populaatiot** – kuten ihmisväestöt – ovat liikkuneet ajan saatossa.¹²¹ Lisäksi voidaan tutkia lajiin kohdistunutta **luonnonvalintaa** selvittämällä, miten ilmiasuun vaikuttavien geenimuotojen yleisyys on vaihdellut eri aikoina.¹²² Muinais-DNA-tutkijoiden suurimpana kiinnostuksen kohteena ovat olleet ihmiset ja ihmisen sukupuuttoon kuolleet **sisarajat**, kuten neandertalinihminen (ks. luku 2), mutta myös muiden lajien tutkimus

121 Esim. Slatkin & Racimo 2016; Reich 2018

122 Esim. Liu et al. 2022

on jatkuvassa kasvussa: muinais-DNA:n avulla on tutkittu niin mammutteja, koiria kuin viljelykasvejakin.¹²³ Muinais-DNA:ta hyödynnetään myös yksilöä koskevissa tutkimuskysymyksissä (ks. luku 6), joissa kiinnostuksen kohteena voi olla esimerkiksi yksilön geneettinen sukupuoli tai yksilöiden väliset sukulaisuussuhteet (ks. luku 5).

Evoluutio- ja populaatiohistorian tutkimus on lähtökohtaisesti vertailevaa, sillä yksittäisen yksilön genomi ei kerro tutkijoille kovin paljon. Siksi muinaisen yksilön perimää verrataan nykyisin elävien yksilöiden tai muiden muinaisten yksilöiden perimään. Yksinkertaistettuna kahden populaation tai lajin geneettinen samankaltaisuus kertoo tuoremasta yhteisestä menneisyydestä kuin geneettinen erilaisuus. Saatavilla oleva vertailuaineisto kuitenkin vaikuttaa huomattavasti tulosten tulkintaan. Ajalliset tai maantieteelliset aukot vertailuaineistossa voivat saada kaksi melko kaukaistakin sukua olevaa väestöä näyttämään siltä, että ne olisivat geneettisesti toistensa lähimmät sukulaiset, jos vielä läheisemmät väestöt puuttuvat vertailuaineistosta. Väestöhistoriasta saadaan paras kokonaiskuva, kun tutkitaan perimänlaajuista aineistoa (ks. luku 3), mutta myös mitokondrio-DNA ja Y-kromosomi kiinnostavat monia tutkijoita, sillä ne voivat kertoa eroista isä- ja äitilinjojen ja sitä kautta miesten ja naisten historiassa (ks. luku 4).

Aina muinais-DNA-tutkimuksissa ei tarvita laajaa perimänlaajuista dataa. Muinais-DNA:ta hyödynnetään esimerkiksi lajintunnistuksessa, kun halutaan selvittää, mitä kasvi- ja eläinlajeja tietyllä alueella on esiintynyt menneisyydessä. Silloin ympäristöstä, esimerkiksi maaperästä tai jäätikköiden kerrostumista, voidaan ottaa tarkasti ajoitettu näyte ja tutkia, minkä lajien DNA:ta kerrostuma sisältää (ks. luku 8). Tällaista koko lajiston tai lajiyhteisön DNA-tutkimusta kutsutaan **metagenomiikaksi**. Myös tietyn lajin ajallista tai maantieteellistä levinneisyyttä voidaan selvittää vastaavalla menetelmällä keräämällä eriaikaisia näytteitä eri paikoista.

Lajintunnistukseen tähtäävillä menetelmillä voidaan selvittää myös ihmistä lähempänä olevia tutkimuskysymyksiä: DNA voi esimerkiksi kertoa, mitä muinainen keramiikka-astia on pitänyt sisällään,¹²⁴ mitkä loiset ihmisistä ovat kiusanneet ja millaisten kotieläinten kanssa ihmiset ovat jakaneet elin-

¹²³ Ramos-Madrigal et al. 2016; Bergström et al. 2020; van der Valk et al. 2021

¹²⁴ Foley et al. 2012

tilojaan.¹²⁵ Näin voidaan todentaa jonkin tietyn lajin läsnäolo tietyssä paikassa tiettyinä aikoina, vaikka sen fyysisiä jäännöksiä ei olisikaan säilynyt. Tämänkaltaisten tutkimusten haasteena on kuitenkin DNA:n säilyminen. Jonkin lajin DNA:n puuttuminen näytteestä ei välttämättä tarkoita, ettei lajia olisi esiintynyt, vaan on mahdollista, ettei sen DNA ole säilynyt.

Luu- ja kudospäätteistä eristetty DNA sisältää usein vain pienen osan tutkittavan yksilön omaa DNA:ta. Suurin osa muusta DNA:sta on peräisin erilaisista maaperän tai muun ympäristön mikrobeista, jotka ovat päätyneet näytteeseen yksilön kuoleman jälkeen. Joskus osa mikrobi-DNA:sta voi kuitenkin olla peräisin yksilön elinajalta ja mahdollisesti paljastaa jopa tämän kuolinsyyn. Muinaisista yksilöistä on löydetty muun muassa ruttoa aiheuttavaa *Yersinia pestis* -bakteeria (ks. luku 7),¹²⁶ hepatiitti B -virusta ja *Salmonella enterica*, joka vaikuttaa olleen yhtenä syynä Meksikon alkuperäiskansojen väestöromahdukseen eurooppalaisten valloittajien saavuttua mantereelle.¹²⁷

Monet muinais-DNA-tutkimukset hyödyntävät aineistonaan ihmisjäännöksiä, minkä vuoksi eettisten kysymysten huomioiminen on keskeistä.¹²⁸ Mitä lähempänä nykyaikaa tutkittava yksilö on elänyt, sitä tarkemmin tutkijat joutuvat pohtimaan esimerkiksi hautarauhaan tai alkuperäiskansojen oikeuksiin liittyviä kysymyksiä. Nykyisin elävien ihmisten geenitietoa pidetään terveystietoihin rinnastettavana arkaluontoisena tietona, jonka käsittelyä ja säilytystä säädellään lailla. Lainsäädäntö ei kuitenkaan koske yksilöitä, jotka ovat eläneet 1800-luvulla tai sitä aiemmin. Arkeologisten ja historiallisten yksilöiden DNA-tietoa voidaankin pitää yhteisenä kulttuuriperintönä, minkä vuoksi arkeogenetiikassa on alusta asti pyritty julkaisemaan sekvenssiaineistot tutkimusartikkelien yhteydessä. Näin DNA-data on kaikkien saatavilla ja takaa tutkimuksen jatkuvuuden ja toistettavuuden. Toisaalta DNA-data tai tieteelliset tutkimusjulkaisut eivät useinkaan ole maallikoille helposti saavutettavia tai ymmärrettäviä, mikä voi johtaa virhetulkintoihin tai jopa väärinkäyttöön. Esimerkiksi osa kaupallisista DNA-testausta tarjoavista yrityksistä tarjoaa kuluttajille harhaanjohtavaa

125 Tams et al. 2018

126 Bos et al. 2011

127 Krause-Kyora et al. 2018; Vågene et al. 2018

128 Alpaslan-Roodenberg et al. 2021; Kowal et al. 2023

tietoa kuluttajien ja arkeologisten yksilöiden välisistä ”sukulaisuuksista”. Pelkona voi myös olla muinais-DNA-tulosten käyttäminen esimerkiksi **etnonationalististen** näkemysten tukemiseen.¹²⁹ Väärinkäytön estämiseksi onkin tärkeää, että muinais-DNA-tutkijat panostavat tulosten popularisointiin ja laadukkaaseen tiedeviestintään, jossa tuloksista kerrotaan yleistajuisesti ja ymmärrettävästi.

Muinais-DNA-tutkimus on paljastanut menneisyydestä paljon asioita, joita ei olisi ollut mahdollista selvittää muilla tutkimusmenetelmillä. Silti muinais-DNA ei pysty yksin valottamaan kaikkia menneisyyden ilmiöitä. Menetelmät myös kehittyvät nopeasti, eikä ole helppoa ennustaa, millaisia menetelmiä ja mahdollisuuksia tulevaisuudessa on tarjolla. Eettisesti kestävä tieteentekeminen huomioi myös tulevaisuudessa tehtävät tutkimukset. Tämä vaatii arkeologisilta kokoelmilta näyttemateriaalien säilyttämistä – myös sellaisten materiaalien, joita ei vielä tällä hetkellä osata hyödyntää. Näitä voivat olla esimerkiksi maaperänäytteet.¹³⁰

Parhaimmillaan arkeogenetiikka on monitieteistä yhteistyötä arkeologien, geneetikkojen ja muiden menneisyyttä tutkivien tieteilijöiden välillä. Erityisesti arkeologien ja historian­tutkijoiden osaaminen on keskeistä sekä näyttemateriaalien valinnassa että geneettisten tulosten asettamisessa oikeaan esihistorialliseen tai historialliseen kontekstiin. Tällainen monitieteinen yhteistyö välittää tietoa ja ymmärrystä hyvinkin erilaisten alojen välillä ja mahdollistaa kokonaan uudenlaiset tutkimusaiheet. Yhteistyö on tärkeää myös eettisesti kestävä­n tutkimuksen takaamiseksi. Arkeologinen aineisto on ainutlaatuista ja korvaamatonta yhteistä kulttuuriperintö­ämme, joten sitä tulee hyödyntää tavoilla, jotka tuottavat mahdollisimman monipuolista tietoa. Monitieteinen arkeogeneettinen tutkimus onkin nykyisin yleistynyt, ja eri alojen ammattilaisten yhteistyössä tekemät tutkimukset ovat tuottaneet monipuolisen katsauksen maapallon menneisyyden koko kirjoon.

129 Esim. Wolinsky 2019

130 Austin et al. 2019; Kirkinen 2024: 113

Tutkimuskirjallisuus

- Adler, C. J., Haak, W., Donlon, D. & Cooper, A. 2011. Survival and recovery of DNA from ancient teeth and bones. *Journal of Archaeological Science* 38(5): 956–964. <https://doi.org/10.1016/j.jas.2010.11.010>
- Alberti, F., Gonzalez, J., Pajjmans, J. L. A., Basler, N., Preick, M. et al. 2018. Optimized DNA sampling of ancient bones using Computed Tomography scans. *Molecular Ecology Resources* 18(6): 1196–1208. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12911>
- Allaby, R. G., Gutaker, R., Clarke, A. C., Pearson, N., Ware, R. et al. 2015. Using archaeogenomic and computational approaches to unravel the history of local adaptation in crops. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 370(1660), 20130377. <https://doi.org/10.1098/rstb.2013.0377>
- Allen Ancient DNA Resource (AADR). 2023. Downloadable genotypes of present-day and ancient DNA data, versio 54.1. <https://reich.hms.harvard.edu/allen-ancient-dna-resource-aadr-downloadable-genotypes-present-day-and-ancient-dna-data> [viitattu 27.3.2024]
- Alpaslan-Roodenberg, S., Anthony, D., Babiker, H., Bánffy, E., Booth, T. et al. 2021. Ethics of DNA research on human remains: five globally applicable guidelines. *Nature* 599: 41–46. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-04008-x>
- Arbøll, T. P., Rasmussen, S. L., de Jonge, N., Hansen, A. H., Pertoldi, C. et al. 2023. Revealing the secrets of a 2900-year-old clay brick, discovering a time capsule of ancient DNA. *Scientific Reports* 13: 13092. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-38191-w>
- Aron, F., Neumann, G. U. & Brandt, G. 2020. Half-UDG treated double-stranded ancient DNA library preparation for Illumina sequencing. *Protocols.io*. <https://dx.doi.org/10.17504/protocols.io.bmh6k39e>
- Austin, R. M., Sholts, S. B., Williams, L., Kistler, L. & Hofman, C. A. 2019. To curate the molecular past, museums need a carefully considered set of best practices. *PNAS* 116(5): 1471–1774. www.pnas.org/doi/epdf/10.1073/pnas.1822038116
- Bastian, F., Jacot-des-Combes, C., Hänni, C. & Perrier, M. 2018. Determination of the geographical origin of leather shields from Zanzibar using ancient DNA tools. *Journal of Archaeological Science: Reports* 19: 323–333. <https://doi.org/10.1016/j.jasrep.2018.03.002>
- Bergström, A., Frantz, L., Schmidt, R., Ersmark, E., Lebrasseur, O. et al. 2020. Origins and genetic legacy of prehistoric dogs. *Science* 370: 557–564. <https://doi.org/10.1126/science.aba9572>
- Bos, K. I., Schuenemann, V. J., Golding, G. B., Burbano, H. A., Waglechner, N. et al. 2011. A draft genome of *Yersinia pestis* from victims of the Black Death. *Nature* 478: 506–510. <https://doi.org/10.1038/nature10549>
- Bro-Jørgensen, M. H., Carøe, C., Vieira, F. G., Nestor, S., Hallström, A., et al. 2018. Ancient DNA analysis of Scandinavian medieval drinking horns and the horn of the last aurochs bull. *Journal of Archaeological Science* 99: 47–54. <https://doi.org/10.1016/j.jas.2018.09.001>
- Cano, R. J., Poinar, H. N., Pieniazek, N. J., Acra, A., & Poinar, G. O., Jr. 1993. Amplification and sequencing of DNA from a 120-135-million-year-old weevil. *Nature* 363(6429): 536–538. <https://doi.org/10.1038/363536a0>
- Dabney, J., Meyer, M. & Pääbo, S. 2013. Ancient DNA damage. *Cold Spring Harbor Perspectives in biology* 5:a012567. <https://doi.org/10.1101/cshperspect.a012567>
- Damgaard, P. B., Margaryan, A., Schroeder, H., Orlando, L., Willerslev, E. et al. 2015. Improving access to endogenous DNA in ancient bones and teeth. *Scientific Reports* 5(1): 11184. <https://doi.org/10.1038/srep11184>
- Essel, E., Zavala, E. I., Schulz-Kornas, E., Kozlikin, M. B., Fewlass, H. et al. 2023. Ancient human DNA recovered from a Palaeolithic pendant. *Nature* 618: 328–332. <https://doi.org/10.1038/s41586-023-06035-2>
- Foley, B. P., Hansson, M. C., Kourkoumelis, D. P., & Theodoulou, T. A. 2012. Aspects of ancient Greek trade re-evaluated with amphora DNA evidence. *Journal of Archaeological Science* 39: 389–398.
- Fulton, T. L. & Shapiro, B. 2019. Setting up an Ancient DNA laboratory. Teoksessa: Shapiro, B., Barlow, A., Heintzman, P., Hofreiter, M., Pajjmans, J. & Soares, A. (toim.) *Ancient DNA. Methods and Protocols* 1963: 1–13. New York: Humana Press. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9176-1_1
- Hagelberg, E., Sykes, B. & Hedges, R. 1989. Ancient bone DNA amplified. *Nature* 342(6249): 485. <https://doi.org/10.1038/342485a0>

- Hansen, H. B., Damgaard, P. B., Margaryan, A., Stenderup, J., Lynnerup, N. et al. 2017. Comparing ancient DNA preservation in petrous bone and tooth cementum. *PLoS One* 12 (1): e0170940. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0170940>
- Harney, É., Cheronet, O., Fernandes, D. M., Sirak, K. Mah, M. et al. 2021. A minimally destructive protocol for DNA extraction from ancient teeth. *Genome Research* 2021(31): 472–483. <https://doi.org/10.1101/gr.267534.120>
- Higuchi, R., Bowman, B., Freiberger, M., Ryder, O. A. & Wilson, A. C. 1984. DNA sequences from the quagga, an extinct member of the horse family. *Nature* 312(5991): 282–284. <https://doi.org/10.1038/312282a0>
- Hummel, S. and Herrmann, B. 1991. Y-chromosome-specific DNA amplified in ancient human bone. *Die Naturwissenschaften* 78(6): 266–267. <https://doi.org/10.1007/BF01134353>
- Hänni, C., Laudet, V., Sakka, M., Bègue, A. & Stéhelin, D. 1990. Amplification of mitochondrial DNA fragments from ancient human teeth and bones. *Comptes Rendus de l'Academie des Sciences, Serie III, Sciences de La Vie*, 310(9): 365–370.
- Iñiguez, A. M., Araújo, A., Ferreira, L. F. & Vicente, A. C. P. 2003. Analysis of ancient DNA from coprolites: A perspective with random amplified polymorphic DNA-polymerase chain reaction approach. *Methods and Techniques, Memórias do Instituto Oswaldo Cruz* 98. <https://doi.org/10.1590/S0074-02762003000900012>
- Jensen, T. Z. T., Niemann, J., Iversen, K. H., Fotakis, A. K., Gopalakrishnan, S. et al. 2019. A 5700 year-old human genome and oral microbiome from chewed birch pitch. *Nature Communications* 10(5520). <https://doi.org/10.1038/s41467-019-13549-9>
- Kashuba, N. 2024. *Mended by masticates. A study of archaeogenetic proxies of migration, settlement and health in North Eurasian Mesolithic*. Uppsala: Uppsala University.
- Kashuba, N., Kirdök, E., Damlien, H., Manninen, M. A., Nordqvist, B. et al. 2019. Ancient DNA from mastics solidifies connection between material culture and genetics of mesolithic hunter–gatherers in Scandinavia. *Communications Biology* 2(1): 185. <https://doi.org/10.1038/s42003-019-0399-1>
- Kemp, B. M. & Smith, D. G. 2005. bleach to eliminate contaminating DNA from the surface of bones and teeth. *Forensic Science International* 154(1): 53–61. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2004.11.017>
- Kendall, C., Eriksen, A. M. H., Kontopoulos, I., Collins, M. J. & Turner-Walker, G. 2018. Diagenesis of archaeological bone and tooth. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology* 491: 21–37. <https://doi.org/10.1016/j.palaeo.2017.11.041>
- Key, F. M., Posth, C., Krause, J., Herbig, A. & Bos, K. I. 2017. Mining metagenomic data sets for ancient DNA: Recommended protocols for authentication. *Trends in Genetics* 33(8): 508–520. <https://doi.org/10.1016/j.tig.2017.05.005>
- Kircher, M. 2011. Analysis of high-throughput Ancient DNA sequencing data. Teoksessa: Shapiro, B. & Hofreiter, M. (toim.) *Ancient DNA. Methods & Protocols* 840: 197–228. New York: Humana Press. https://doi.org/10.1007/978-1-61779-516-9_23
- Kirkinen, T. 2024. Maaperässä säilyneiden tekstiilikuitujen, turkisten ja sulkien mikroarkeologinen tutkimus. *Muinaistutkija* 4/2024: 104–113.
- Kjær, K. H., Winther Pedersen, M., De Sanctis, B., De Cahsan, B., Korneliusson, T. S. et al. 2022. A 2-million-year-old ecosystem in Greenland uncovered by environmental DNA. *Nature* 612: 283–291. <https://doi.org/10.1038/s41586-022-05453-y>
- Knapp, M., Clarke, A. C., Horsburgh, K. A. & Matisoo-Smith, E. A. 2012. Setting the stage – Building and working in an ancient DNA laboratory. *Annals of Anatomy - Anatomischer Anzeiger* 194(1): 3–6. <https://doi.org/10.1016/j.aanat.2011.03.008>
- Knapp, M. & Hofreiter, M. 2010. Next Generation Sequencing of Ancient DNA: Requirements, strategies and perspectives. *Genes* 1(2), 227–243. <https://doi.org/10.3390/genes1020227>
- Kowal, E., Weyrich, L. S., Argüelles, J. M., Bader, A. C., Colwell, C. et al. 2023. Community partnerships are fundamental to ethical ancient DNA research. *HGG Advances* 4(2): 100161. <https://doi.org/10.1016/j.xhgg.2022.100161>
- Krause-Kyora, B., Susat, J., Key, F. M., Kühnert, D., Bosse, E. et al. 2018. Neolithic and medieval virus genomes reveal complex evolution of hepatitis B. *Elife* 7: 3377. <https://doi.org/10.7554/eLife.36666>
- Lindahl, T. 1993. Instability and decay of the primary structure of DNA. *Nature* 362(6422): 709–715. <https://doi.org/10.1038/362709a0>
- Liu, Y., Bennett, E. A. & Fu, Q. 2022. Evolving ancient DNA techniques and the future of human history. *Cell* 185(15): P2632–2635. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2022.06.009>

- Llamas, B., Valverde, G., Fehren-Smith, L., Weyrich, L. S. Cooper, A. et al. 2017. From the field to the laboratory: Controlling DNA contamination in human ancient DNA research in the high-throughput sequencing era. *STAR: Science & Technology of Archaeological Research* 3(1): 1–14. <https://doi.org/10.1080/20548923.2016.1258824>
- Lynnepur N. 2015. Bog bodies. *The Anatomical Record* 298(6), 1007–1012. <https://doi.org/10.1002/ar.23138>
- Marciniak, S. ja Perry, G. H. 2017. Harnessing ancient genomes to study the history of human adaptation. *Nature Reviews Genetics* 18(11): 659–674. <https://doi.org/10.1038/nrg.2017.65>
- Margulies, M., Egholm, M., Altman, W. E., Attiya, S., Bader, J. S. et al. 2005. Genome sequencing in microfabricated high-density picolitre reactors. *Nature* 437(7057): 376–380. <https://doi.org/10.1038/nature03959>
- Massilani, D., Morley, M. W., Mentser, S. M., Aldeias, V. Vernet, B. et al. 2021. Microstratigraphic preservation of ancient faunal and hominin DNA in Pleistocene cave sediments. *PNAS* 119(1): e2113666118. <https://doi.org/10.1073/pnas.2113666118>
- Meyer, M., Arsuaga, J. L., De Filippo, C., Nagel, S., Aximu-Petri, A. et al. 2016. Nuclear DNA sequences from the Middle Pleistocene Sima de los Huesos hominins. *Nature* 531: 504–507. <https://doi.org/10.1038/nature17405>
- Meyer, M. & Kircher, M. 2010. Illumina sequencing library preparation for highly multiplexed target capture and sequencing. *Cold Spring Harbor Protocols* 2010: pdb.prot5448. <https://doi.org/10.1101/pdb.prot5448>
- Moilanen, U. 2021. *Variations in inhumation burial customs in Southern Finland (AD 900–1400): Case studies from Häme and Upper Satakunta*. Annales Universitatis Turkuensis, Hum B 555. Turku: University of Turku. <https://www.utupub.fi/handle/10024/152659>
- Mullis, K. B. & Faloona, F. A. 1987. Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction. *Methods in Enzymology* 155: 335–350. [https://doi.org/10.1016/0076-6879\(87\)55023-6](https://doi.org/10.1016/0076-6879(87)55023-6)
- Orlando, L., Allaby, R., Skoglund, P. Der Sarkissian, C. Stockhammer, P.W. et al. 2021. Ancient DNA analysis. *Nature Reviews Methods Primers* 1(14). <https://doi.org/10.1038/s43586-020-00011-0>
- Parker, C., Rohrlach, A. B., Friederich, S., Nagel, S., Meyer, M. et al. 2020. A systematic investigation of human DNA preservation in medieval skeletons. *Scientific Reports* 10(1): 18225. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-75163-w>
- Peltola, S. 2019. *Ancient DNA screening from Finnish Stone Age sediments*. Pro gradu. Helsingin yliopisto, Helsinki. <http://hdl.handle.net/10138/306560>
- Peyrégne, S. & Prüfer, K. 2020. Present-day DNA contamination in ancient DNA datasets. *BioEssays* 42(9): 2000081. <https://doi.org/10.1002/bies.202000081>
- Pinhasi, R., Fernandes, D., Sirak, K., Novak, M., Connell, S. et al. 2015. Optimal ancient DNA yields from the inner ear part of the human petrous bone. *PLoS One* 10(6): e0129102. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0129102>
- Preus, H. R., Marvik, O. J., Selvig, K. A. & Bennike, P. 2011. Ancient bacterial DNA (aDNA) in dental calculus from archaeological human remains. *Journal of Archaeological Science* 38(8): 1827–1831. <https://doi.org/10.1016/j.jas.2011.03.020>
- Ramos-Madrugal, J., Smith, B. D., Moreno-Mayar, J. V., Gopalakrishnan, S., Ross-Ibarra, J. et al. 2016. Genome sequence of a 5,310-year-old maize cob provides insights into the early stages of maize domestication. *Current Biology* 26: 3195–3201.
- Reich, D. 2018. *Who we are and how we got here: Ancient DNA and the new science of the human past*. Oxford: Oxford University Press.
- Renaud, G., Slon, V., Duggan, A. T. & Kelso, J. 2015. Schmutzi: estimation of contamination and endogenous mitochondrial consensus calling for ancient DNA. *Genome Biology* 16(224). <https://doi.org/10.1186/s13059-015-0776-0>
- Schablitsky, J. M., Witt, K. E., Madrugal, J. R., Ellegaard, M. R., Malhi, R. S. et al. 2019. Ancient DNA analysis of a nineteenth century tobacco pipe from a Maryland slave quarter. *Journal of Archaeological Science* 105: 11–18. <https://doi.org/10.1016/j.jas.2019.02.006>
- Skoglund, P., Northoff, B. H., Shunkov, M. V., Derevianko, A. P., Pääbo, S. et al. 2014. Separating endogenous ancient DNA from modern day contamination in a Siberian Neandertal. *PNAS* 111(6): 2229–2234. <https://doi.org/10.1073/pnas.1318934111>
- Slatkin, M. & Racimo F. 2016. Ancient DNA and human history. *PNAS* 113(23): 6380–6387. <https://doi.org/10.1073/pnas.1524306113>
- Sirak, K., Fernandes, D., Cheronet, O., Harney, E., Mah, M. et al. 2020. Human auditory ossicles as an alternative optimal source of ancient DNA. *Genome research* 30(3): 427–436. <https://doi.org/10.1101/gr.260141.119>

- Sirak, K. A., Fernandes, D. M., Cheronet, O., Novak, M., Gamarra, B. et al. 2018. A minimally-invasive method for sampling human petrous bones from the cranial base for ancient DNA analysis. *BioTechniques* 62(6). <https://doi.org/10.2144/000114558>
- Slon, V., Hopfe, C., Weiss, C. L., Mafessoni, F., de la Rasilla, M. et al. 2017. Neandertal and Denisovan DNA from Pleistocene sediments. *Science* 356 (6338): 605–608. <https://doi.org/10.1126/science.aam9695>
- Slon, V., Clark, J. L., Friesem, D. E., Orbach, M., Porat, N. et al. 2022. Extended longevity of DNA preservation in Levantine Paleolithic sediments, Sefunim Cave, Israel. *Scientific Reports* 12: 14528. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-17399-2>
- Stone, A. & Stoneking, M. 1993. Ancient DNA from a pre-Columbian Amerindian population. *American Journal of Physical Anthropology* 92(4): 463–471. <https://doi.org/10.1002/ajpa.1330920405>
- Tams, K. W., Jensen Søre, M., Merkyte, I., Valeur Seersholm, F., Henriksen, P.S. et al. 2018. Parasitic infections and resource economy of Danish Iron Age settlement through ancient DNA sequencing. *PLoS One* 13:e0197399. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0197399>
- Teasdale, M. D., van Doorn, N. L., Fiddyment, S., Webb, C. C., O'Connor, T. et al. 2015. Paging through history: parchment as a reservoir of ancient DNA for next generation sequencing. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 370(1660): 20130379. <https://doi.org/10.1098/rstb.2013.0379>
- Teasdale, M. D., Fiddyment, S., Vnouček, J., Mattiangeli, V., Speller, C. et al. 2017. The York Gospels: a 1000-year biological palimpsest. *Royal Society open science* 4(10): 170988. <https://doi.org/10.1098/rsos.170988>
- van der Valk, T., Pečnerová, P., Díez-del-Molino, D., Bergström, A., Oppenheimer, J. et al. 2021. Million-year-old DNA sheds light on the genomic history of mammoths. *Nature* 591(7849): 265–269. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03224-9>
- Velsko, I., Skourtanioti, E. & Brandt, G. 2020. Ancient DNA Extraction from Skeletal Material. *Protocols.io* <https://dx.doi.org/10.17504/protocols.io.baksicw6>
- Vernot, B., Zavala, E., Olivencia, A. G., Jacobs, Z., Slon, V. et al. 2021. Unearthing Neanderthal population history using nuclear and mitochondrial DNA from cave sediments. *Science* 372(6542). <https://doi.org/10.1126/science.abf1667>
- Vägene, Å. J., Herbig, A., Campana, M. G., García, N. M. R., Warinner, C. et al. 2018. Salmonella enterica genomes from victims of a major sixteenth-century epidemic in Mexico. *Nature ecology & evolution* 2: 520–528. <https://doi.org/10.1038/s41559-017-0446-6>
- Wolinsky, H. 2019. Ancient DNA and contemporary politics: The analysis of ancient DNA challenges long-held beliefs about identity and history with potential for political abuse. *EMBO Reports* 20(12): e49507. <https://doi.org/10.15252/embr.201949507>
- Woodward, S. R., Weyand, N. J., & Bunnell, M. 1994. DNA sequence from Cretaceous period bone fragments. *Science* 266(5188): 1229–1232. <https://doi.org/10.1126/science.7973705>

2

Neandertalinihmisten, denisovanihmisten ja varhaisten nykyihmisten muinais-DNA-tutkimus

Sanni Peltola

 <https://orcid.org/0000-0002-7216-8713>

Päivi Onkamo

 <https://orcid.org/0000-0002-5213-0072>

Nykyisin elävien lajien tutkimuksen perusteella on jo pitkään tiedetty, että simpanssi on **nykyihmisen** lähin elossa oleva sukulaislaji. Ihmisen ja simpanssin yhteisen **kantamuodon** on arvioitu eläneen Afrikassa noin 5–7 miljoonaa vuotta sitten,¹³¹ mutta kehitys tästä kantamuodosta nykyisin eläviin ihmisiin ei ollut suoraviivainen. Fossiiliaineiston perusteella tiedetään, että ihmisen sukuun kuului vuosimiljoonien varrella kymmeniä eri ihmislajeja. Niistä kaikki todennäköisesti kävelivät kahdella jalalla, ja ainakin osa valmisti työkaluja ja osasi käyttää tulta.¹³² Osa varhaisista ihmislajeista kulki pitkiä matkoja ja levittäytyi Aasiaan saakka. Nykyihmistä lukuun ottamatta jokainen näistä lajeista ajautui kuitenkin ennen pitkää sukupuuttoon. Kehityslinjamme viimeisinä selviytyjinä olemme luonnollisesti kiinnostuneita siitä, millaisia kadonneet sukulaisemme olivat. Suurinta osaa muinaisten ihmislajien fossiileista voidaan tutkia vain perinteisen **paleontologian** keinoin, sillä monet fossiilit ovat niin vanhoja, että niissä ei todennäköisesti ole säilynyt DNA:ta. Osa sukulaislajeistamme eli kuitenkin

¹³¹ F.-C. Chen & Li 2001; Suntsova & Buzdin 2020

¹³² Esim. Weiner et al. 1998

vielä 400 000–40 000 vuotta sitten, ja tämän ajanjakson fossiileissa DNA:ta saattaa vielä olla jäljellä.¹³³

Oma lajimme, nykyihminen, kehittyi Afrikassa noin 300 000–100 000 vuotta sitten, ja osa tästä afrikkalaisesta lajista levisi Euraasiaan **myöhäispleistoseenikaudella** noin 60 000–45 000 vuotta sitten. Nykyihminen ei kuitenkaan saapunut tyhjälle mantereelle. Euraasiaa asutti tuolloin ainakin kolme muuta ihmislajia. Vanhimmat muinaisista ihmisistä eristetyt DNA-näytteet ajoittuvat tälle ajanjaksolle, jolla nykyihminen eli rinnakkain **arkaaisten**, nyt jo kadonneiden sukulaislajiensa kanssa. Niistä tunnetuimpia ovat noin 40 000 vuotta sitten sukupuuttoon kuolleet **neandertalinihmiset**, jotka tunnistettiin fossiililöytöjen perusteella omaksi ihmislajikseen jo 1800-luvulla. Neandertalinihmisen **sisarlaji, denisovanihminen**, tunnetaan puolestaan pelkästään fossiileista ja maaperästä eristetyn muinais-DNA:n ansiosta. Vuonna 2003 löytyneiden fossiilien perusteella tiedetään myös, että Indonesiassa Floresin saarella saattoi elää yhtä aikaa nykyihmisen kanssa pienikokoinen ihmislaji, **floresinihminen**.¹³⁴ DNA:n huono säilyminen trooppisessa ilmastossa on kuitenkin ainakin toistaiseksi estänyt tämän lajin DNA-tutkimukset.

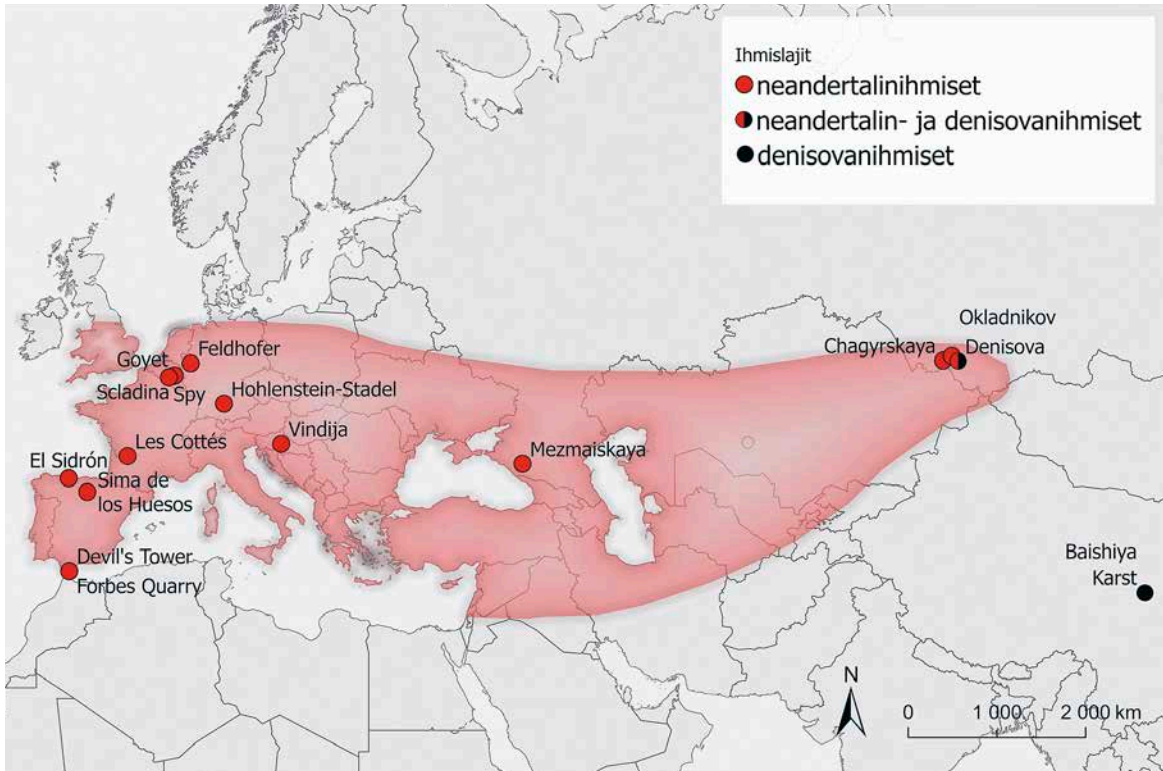
Muinais-DNA paljastaa uutta tietoa vanhoista luista

Neandertalinihmisten fossilisoituneita luita löydettiin ensimmäisen kerran jo 1820-luvulla, jolloin niiden ehdotettiin kuuluneen epämuodostuneille ihmisille.¹³⁵ Vuonna 1856 Neandertalin laaksossa Saksassa tehtiin kuitenkin uusi löytö, jonka perusteella jäännösten tunnistettiin olevan peräisin toisesta ihmislajista. Nykyään neandertalinihmisten jäännöksiä tunnetaan yhteensä satoja, ja niitä on tutkittu runsaasti. Tutkimusten perusteella tiedetään, että neandertalinihmiset elivät Euroopassa, Lähi-Idässä, Keski-Aasiassa ja Länsi-Siperiassa (kuva 2.1), ja että he olivat anatomisesti sopeutuneet jääkauden oloihin: he olivat rakenteeltaan nykyihmisiä rotevampia ja lyhytraajaisempia, ja heillä oli muun muassa laaja nenäontelo, joka auttoi

¹³³ Esim. Meyer et al. 2016

¹³⁴ Brown et al. 2004, Sutikna et al. 2016

¹³⁵ Drell 2000: 2



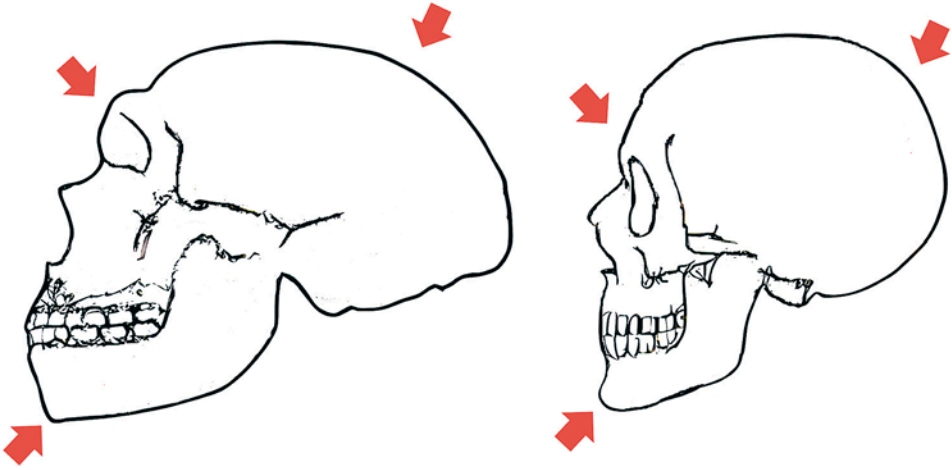
Kuva 2.1. Neandertalinihmisen elinalue (Krause et al. 2007b) ja kohteet, joilta on saatu neandertalinihmisen ja denisovanihmisen DNA:ta (Skov et al. 2022, Peyrégne et al. 2023). Lisäksi Taiwanista on tunnistettu denisovanihmiselle kuuluva leukaluu proteiini-utkimuksen avulla (Tsutaya et al. 2025). Kartta: Meeli Roose.

kylmää hengitysilmaa lämpenemään sisäänhengittäessä.¹³⁶ Neandertalinihmisen aivokoppa oli pitkulaisempi kuin nykyihmisellä ja aivot hieman nykyihmisen aivoja suuremmat. Otsa oli nykyihmisen pyöreään otsaan verrattuna luisumpi ja kulmakaaret vahvemmat. Neandertalinihmisiltä myös puuttui nykyihmisille tyypillinen leukakyyhmy (kuva 2.2).¹³⁷

Neandertalinihmisen ja nykyihmisen keskinäinen suhde oli kauan kiistanalainen – oliko neandertalinihminen nykyihmisen suora esivanhempi, vai kuuluiko se erilliseen kehityslinjaan? Tiukinta köydenvetoa käytiin kuitenkin siitä, lisääntyivätkö nämä lajit keskenään. Vuosien varrella useat

¹³⁶ de Azevedo et al. 2017; Wroe et al. 2018.

¹³⁷ Harvati et al. 2011



Kuva 2.2. Neandertalinihmisen ja nykyihmisen kalloissa on morfologisia eroja. Neandertalinihmisen aivokoppa oli pitkulaisempi ja kulmakaaret vahvemmat kuin nykyihmisellä. Lisäksi neandertalinihmisiltä puuttui nykyihmiselle tyypillinen leukakakyhmy. Kuva: Ulla Nordfors.

paleontologit esittivät, että tietyissä fossiileissa oli lajien sekoittumiseen viittaavia piirteitä, kun taas osa alan tutkijoista tyrmäsi tällaiset näkemykset täysin.¹³⁸ Risteytymisen mahdollisuus olikin keskeinen tutkimuskysymys muinais-DNA-menetelmien kehittyessä, ja vastauksen saamiseksi tehtiin hartiavoimin töitä, vaikka aluksi kovin kömpelöllä teknologialla. Ensimmäinen tutkimus neandertalinihmisen geeneistä julkaistiin vuonna 1997, ja se vaikutti tukevan risteytymistä vastustavaa koulukuntaa.¹³⁹

Neandertalinihmisen **mitokondrio-DNA** ei vastannut mitään nykyihmisillä esiintyvistä **äitilinjoista**, mikä puhui risteytymistä vastaan. Mitokondrio-DNA periytyy kuitenkin vain suoraa äitilinjaa pitkin (ks. luku 4). Oli siis edelleen mahdollista, että lajit olivat lisääntyneet keskenään, mutta sattuman kautta neandertalinihmisiltä periytyvä äitilinja oli jossain vaiheessa katkennut. Risteytymistä koskeva kysymys jäi avoimeksi siihen asti, että neandertalinihmisestä saatiin **perimänlaajuista** aineistoa.

Vuonna 2010 julkaistiin Kroatiaasta Vindijan luolan fossiileista eristetty DNA-aineisto, joka oli peräisin kolmesta lähes 40 000 vuotta sitten eläneestä neandertal-yksilöstä. Aineisto osoitti, että neandertalinihmiset eivät ole

¹³⁸ Ks. esim. Graves 1991; Trinkaus 2007; Herrera et al. 2009

¹³⁹ Krings et al. 1997

nykyihmisen suoria esivanhempia vaan sisarlaji, jonka arvioitiin DNA:han kertyneiden **mutaatioiden** perusteella erkaantuneen nykyihmisen kehityslinjasta satoja tuhansia vuosia sitten. Aineisto vastasi myös nykyihmisen ja neandertalinihmisen risteytymistä koskevaan kysymykseen: nykyihminen oli todella lisääntynyt neandertalinihmisen kanssa levittäytyttyään Afrikan ulkopuolelle. Kaikki tästä Afrikasta lähteneestä ihmisryhmästä polveutuvat nykyväestöt kantavat perimässään noin 1–4 prosenttia neandertalinihmisen DNA:ta.¹⁴⁰ Myöhemmät tutkimukset ovat täsmentäneet tulosta niin, että Afrikan ulkopuolella neandertal-perimän osuuden tiedetään nykyään olevan noin kaksi prosenttia.¹⁴¹ Myös afrikkalaisilta on tutkimuksissa löydetty neandertalinihmisen tai muun arkaaisen ihmislajin perimää, joskin suuri osa tästä selittyy eurooppalaisten ja afrikkalaisten väisellä myöhemmällä sekoittumisella.¹⁴² Eurooppalaisilla neandertal-perimää on keskimäärin hieman vähemmän kuin itäaasialaisilla. Eroa on selitetty sillä, että eurooppalaiset olisivat myöhemmin sekoittuneet sellaisen toistaiseksi tuntemattoman nykyihmisryhmän kanssa, joka erkani muista euraasialaisista nykyihmisistä ennen neandertalinihmisten kohtaamista.¹⁴³ Tämä risteytyminen olisi laimentanut neandertalinihmisten perimän osuutta eurooppalaisilla. Ero eurooppalaisten ja aasialaisten välillä kuitenkin pienenee huomattavasti, jos laskennassa huomioidaan myös afrikkalaisilla esiintyvä pieni määrä neandertal-perimää.

Neandertalinihmisen ja nykyihmisen risteytymisen todistaminen oli eräänlainen sensaatio, mutta muinais-DNA pystyi vieläkin parempaan: uuden lajin löytämiseen. Siperiasta Altai-vuorilta Denisovan luolasta löydetty pienelle lapselle kuulunut sormiluu päättyi muinais-DNA-tukijoiden työpöydälle, sillä sen sisältämä DNA oli poikkeuksellisen hyvin säilynyt. Fossiilin oletettiin kuuluneen neandertalinihmiselle, sillä luolasta oli aiemmin löytynyt merkkejä neandertalinihmisen läsnäolosta. Tutkijoiden yllätykseksi 50 000–30 000 vuotta vanha fossiili kuuluikin aiemmin tuntemattomalle ihmislajille,¹⁴⁴ joka sai löytöpaikkansa mukaan nimekseen denisovanihmisen. Lajille kuuluvia fossiileja on niin vähän, ettei niitä ole

¹⁴⁰ Green et al. 2010

¹⁴¹ Prüfer et al. 2014

¹⁴² L. Chen et al. 2020

¹⁴³ Lazaridis et al. 2016

¹⁴⁴ Krause et al. 2010; Reich et al. 2010



Kuva 2.3 Denisovanihmisellä oli geenimuotoja, jotka nykyihmisillä saavat aikaan tumman hiusten, ihon ja silmien värin. Kuva: Tom Björklund.

voitu tunnistaa uudeksi ihmislajiksi pelkästään **morfologian** perusteella, ja siksi denisovanihminen tunnetaan edelleen käytännössä pelkän DNA-aineiston ansioista. Fossiilien lisäksi myös Denisovan luolan sedimenteistä on saatu eristettyä DNA:ta – se kuuluu sekä denisovanihmiselle että neandertalinihmiselle.¹⁴⁵ Sedimenttien ajoituksen perusteella denisovanihmiset ovat asuttaneet luolaa jo yli 200 000 vuotta sitten. Denisovan luolan ulkopuolelta merkkejä denisovanihmisistä on löydetty vain yhdestä kohteesta, Baishiya Karst -luolasta Tiibetistä. Sieltä löydyntyt leukaluu tunnistettiin denisovanihmiseksi **proteomiikan** avulla (ks. menetelmistä luku 11).¹⁴⁶ Lisäksi myös Baishiya Karstin sedimenteistä on saatu eristettyä denisovanihmisen DNA:ta.¹⁴⁷

Fossiiliaineistossa on toistaiseksi vain kourallinen hampaita ja luunkappaleita, joiden tiedetään varmasti kuuluneen denisovanihmisille. Aineisto on niin vaatimaton, ettei denisovanihmisen ulkomuodosta tiedetä juuri mitään, mutta löydettyt hampaat ovat poikkeuksellisen suuria, mikä saattaa kertoa myös niiden kantajien olleen suurikokoisia. Denisovan luolasta löytyneestä sormiluusta eristetyyn DNA:n perusteella ainakin kyseinen yksilö on kantanut geenimuotoja, jotka nykyihmisillä tuottavat tumman hiusten, ihon ja silmien värin (kuva 2.3).¹⁴⁸ Näillä geenimuodoilla on kuitenkin voinut olla erilainen vaikutus denisovanihmisillä. Yksilöllä oli pigmenttiin vaikuttavissa geneeissä myös sellaisia geenimuotoja, joita ei esiinny nykyihmisellä, joten niiden vaikutusta ei tunneta.

DNA:n perusteella denisovanihmisestä tiedetään, että se oli läheisempää sukua neandertalinihmiselle kuin nykyihmiselle. Denisovanihminen ja neandertalinihminen olivat sisarlajeja, joiden kehityslinjat erkanivat toisistaan 440 000–390 000 vuotta sitten.¹⁴⁹ Näiden kahden lajin yhteinen kantamuoto puolestaan erkani nykyihmisiin johtaneesta kehityslinjasta jo 630 000–520 000 vuotta sitten (kuva 2.4). Vielä kiinnostavampi havainto tehtiin, kun denisovanihmisen perimää verrattiin nykyisin eläviin ihmisiin: kävi ilmi, että myös denisovanihminen oli risteytynyt varhaisten nykyihmisten kanssa. Toisin kuin neandertalinihmisen geneejiä, jotka ovat levinneet

145 Slon et al. 2017; Vernot et al. 2021; Zavala et al. 2021

146 F. Chen et al. 2019

147 Zhang et al. 2020

148 Reich et al. 2010; Meyer et al. 2014

149 Prüfer et al. 2017

kaikkiin Afrikan ulkopuolella eläviin väestöihin, denisovanihmisen geenejä löydettiin vain nykyisen Kaakkois-Aasian, Melanesian ja Oseanian väestöstä sekä pienemmässä määrin itäaasialaisilta, joille ne ovat luultavasti päätyneet ainakin osittain myöhempien väestöliikkeiden myötä. Denisovanihmisen perimän löytyminen maantieteellisesti rajatulta alueelta viittaa siihen, että risteytyminen on saattanut tapahtua Kaakkois-Aasiassa. Sieltä on kuitenkin pitkä matka Altai-vuorille, mistä denisovanihmisen fossiilit on löydetty. Todennäköisesti denisovanihmiset ovatkin eläneet laajalla alueella Aasiassa, mutta fossiilit ovat etelän lämpimämmässä ilmastossa säilyneet Altai-vuoristoa heikommin. Aasian eteläisemmistä osista on löydetty joitakin fossiileja, joiden arvellaan mahdollisesti kuuluneen denisovanihmisille, mutta ilman säilynyttä DNA:ta tai proteiineja asiaa ei toistaiseksi ole voitu varmentaa.¹⁵⁰

Arkaisten ihmislajien fossiileista eristetyn DNA:n perusteella on voitu tehdä päätelmiä lajien **populaatioista** ja niiden historiasta. Tiedetään esimerkiksi, että sekä neandertalinihmisen että denisovanihmisen **geneettinen monimuotoisuus** oli erittäin matala.¹⁵¹ Yhtä matalaa monimuotoisuutta on havaittu vain muutamilla lajeilla koko eliökunnassa.¹⁵² Matala monimuotoisuus viittaa siihen, että näiden ihmislajien yhteisöt ovat olleet pieniä. Vähäinen muuntelun määrä vaikeuttaa lajin sopeutumista muuttuviin ympäristöolosuhteisiin, sillä pienessä populaatiossa ei ole riittävästi hyödyllistä geneettistä muuntelua **luonnonvalinnan** materiaaliksi. Muuntelun puuttuessa luonnonvalinta ei voi poistaa haitallisia mutaatioita tehokkaasti, jolloin ne voivat sattuman kautta päästä yleistymään. Osa populaatioista on ollut niin pieniä, ettei sisäsiittoisuudeltakaan ole välttytty: erään Altain vuorilta löydetyn neandertalinihmisen perimän perusteella yksilön vanhemmat ovat olleet keskenään puolisisaruksia.¹⁵³ Denisovanihmisen perimästä puolestaan on löydetty merkkejä siitä, että yksilön vanhemmat ovat olleet etäistä sukua keskenään. Tämä on tyypillistä pienessä populaatiossa, kun puolisoehdokkaita on vähän ja kaikki yksilöt ovat jotain kautta sukua toisilleen.

¹⁵⁰ Peyrégne et al. 2023

¹⁵¹ Meyer et al. 2012; Skov et al. 2022

¹⁵² Leffler et al. 2012

¹⁵³ Prüfer et al. 2014

Toistaiseksi kolmesta neandertal-yksilöstä on sekvensoitu korkealaatuis- ta perimänlaajuista aineistoa ja useasta muusta yksilöstä pienempiä määriä muinais-DNA:ta (kuva 2.1).¹⁵⁴ Tällä näytämäärällä on ollut mahdollista selvittää myös neandertalinihmisten keskinäisiä eroja. Muinais-DNA-tutki- musten perusteella neandertalinihmiset ovat muodostaneet ainakin kaksi alaryhmää, itäisen ja läntisen. Läntinen ryhmä on läheisempää sukua niille neandertalinihmisille, jotka risteytyivät myös nykyihmisen kanssa.

Perimänlaajuisen aineiston avulla on mahdollista tutkia myös väestön koon muutoksia pitkällä aikavälillä. Vaikuttaa siltä, että sekä arkaaisten lajien että nykyihmisen kehityslinjoiden väestömäärät pienentyivät yli miljoona vuotta sitten. Nykyihmisen kehityslinjassa väestömäärä kääntyi kuitenkin kasvuun, kun linja oli erkaantunut neandertalinihmisen ja deniso- vanihmisen kehityslinjoista. Samalla arkaaisten lajien populaatiot jatkoivat pienentymistään.¹⁵⁵ Usein neandertalinihmisen katoamisesta syytetään nykyihmistä, mutta geneettisen aineiston perusteella arkaaiset lajit ovat olleet sukupuuton partaalla jo ennen nykyihmisen saapumista Euraasiaan. Nykyihmisen aiheuttama kilpailu resursseista on voinut olla se muutos, johon arkaaiset lajit eivät enää sopeutuneet, vaikkei nykyihminen olisikaan aktiivisesti edesauttanut sukulaislajiensa sukupuuttoa.

Lajien välisen risteytymisen yleisyys

Varhaiset ihmislajit elivät rinnakkain kymmeniä- tai satojatuhansia vuosia, joiden aikana lajien on osoitettu risteytyneen keskenään. Yksi tutkijoita kiin- nostava kysymys on risteytymisen yleisyys, ja vastausta on haettu varhaisten nykyihmisten fossiileista eristetyn muinais-DNA:n avulla. Tutkijoiden käy- tössä on kuitenkin vain niukasti muinais-DNA-aineistoa varhaisimmista eu- raasialaisista nykyihmisistä, sillä kymmeniätuhansia vuosia vanhat fossiilit ovat harvinaisia, ja DNA:n säilyminen niissä on vielä harvinaisempaa. Täs- sä pienessä joukossa on kuitenkin useita yksilöitä, joiden sukupuusta löy- tyy neandertalinihminen vain muutaman sukupolven takaa. Romaniasta Peștera cu Oasen luolasta löydetyllä, noin 40 000 vuotta vanhalla Oaser:ksi

154 Esim. Green et al. 2010; Prüfer et al. 2014; Prüfer et al. 2017; Vernot et al. 2021

155 Prüfer et al. 2014

kutsutulla nykyihmisellä oli sukupuussaan neandertalinihminen vain 4–6 sukupolvea aiemmin.¹⁵⁶ Bulgariasta Batšo Kirosta löydetyistä kolmesta yksilöstä puolestaan jokaisella oli neandertalinihminen sukupuussaan vain 6–7 sukupolvea aiemmin.¹⁵⁷ Vaikuttaa siis siltä, että lajienvälinen risteytyminen on ollut verrattain yleistä lajien eläessä rinnakkain.

Arkaaiset ihmislaajat eivät lisääntyneet ainoastaan nykyihmisen kanssa vaan myös keskenään. Tästä selvänä todisteena on toinen Denisovan luolasta löydetty fossiili, joka DNA-tutkimuksissa paljastui neandertal-äidin ja denisova-isän suoraksi jälkeläiseksi.¹⁵⁸ Tämän yksilön perimässä oli lisäksi merkkejä siitä, että näiden kahden lajin välistä risteytymistä oli tapahtunut aiemminkin. Neandertalin- ja denisovanihmisen välinen risteytyminen ei sinänsä ole yllättävää, kun ottaa huomioon, että Denisovan luolasta on aiemmin löydetty molempien lajien jäännöksiä. Yllättävää on kuitenkin se, että yksilön neandertal-äiti oli läheisempää sukua Euroopan neandertalväestölle kuin Denisovan luolasta löydetylle Altain neandertalinihmiselle, joka on eurooppalaisia näytteitä vanhempi. Siperian neandertal-populaatio on siis luultavasti vaihtunut näiden kahden yksilön elinajan välissä.

Maailman vanhin ihmis-DNA on peräisin espanjalaisen Sima de los Huesos -luolan fossiileista,¹⁵⁹ jotka on ajoitettu noin 430 000 vuoden ikäiseksi. Sima de los Huesosin fossiilien DNA on huonosti säilynyt, mutta se on silti paljastanut kaksi kiinnostavaa yksityiskohtaa. Kaikkien tutkittujen yksilöiden mitokondrio-DNA on lähimpänä denisovanihmisen äitilinjoja, mutta perimänlaajuuden aineiston perusteella yksilöt ovat läheisempää sukua neandertalinihmisille. Yksilöillä on morfologista samankaltaisuutta neandertalinihmisten kanssa, joten on melko todennäköistä, että he edustavat hyvin varhaisia neandertalinihmisiä tai näiden esivanhempia.

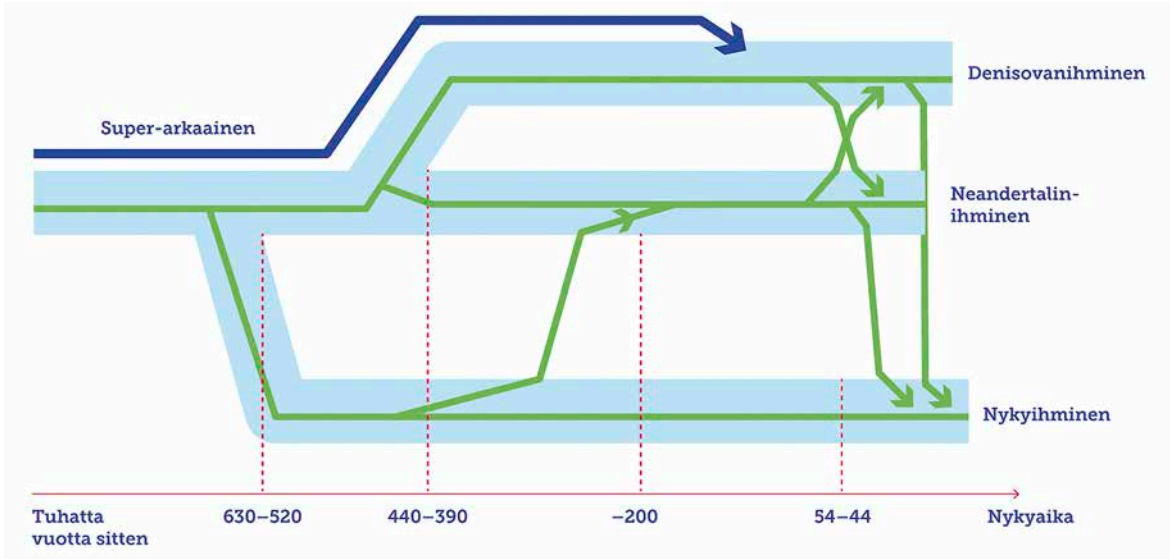
Mikä sitten selittää Sima de los Huesos -yksilöiden äitilinjojen yhteyden denisovanihmisiin? Varmaa vastausta ei vielä ole, mutta yksi mahdollinen selitys on, että neandertalinihmiset olisivat risteytyneet hyvin varhaisten nykyihmisten kanssa noin 300 000–200 000 vuotta sitten. Risteytymisen seurauksena näiden varhaisten nykyihmisten äiti- ja **isälinjat** olisivat siirtyneet neander-

156 Fu et al. 2015

157 Hajdinjak et al. 2021

158 Slon et al. 2018

159 Meyer et al. 2014; Meyer et al. 2016



Kuva 2.4. Varhaiset ihmislajit erkanivat eri kehityslinjoiksi satojatuhansia vuosia sitten, mutta DNA-tutkimus on paljastanut lajien risteytyneen keskenään tämänkin jälkeen. Kuvan vihreät nuolet esittävät lajista toiseen suuntautuvia geenivirtoja, ja aikajana osoittaa risteymien ajankohtia (Peyrégne, et al. 2023). Denisovanihmisen perimässä on todennäköisesti jälkiä risteytymisestä toistaiseksi tuntemattoman super-arkkaaisen ihmislajin kanssa. Kuva: KMG Turku.

talinihmisiin. Tämä selittäisi sen, että myöhempien neandertalinihmisten äiti- ja isälinjat ovat lähempänä nykyihmisten linjoja kuin denisovanihmisen linjoja. Arvioiden mukaan noin kolme prosenttia myöhempien neandertalinihmisten perimästä olisi lähtöisin näiltä varhaisilta nykyihmisiltä.¹⁶⁰ Fossiiliaineistoa, joka osoittaisi varhaisten nykyihmisten ja varhaisten neandertalinihmisten eläneen samoilla alueilla, ei kuitenkaan toistaiseksi ole löydetty.

Toinen mahdollisuus on, että jokin vielä toistaiseksi tuntematon super-arkkaainen ihmislaji (kuva 2.4) risteytyi sekä Sima de los Huesosin ihmisten että denisovanihmisten kanssa ja jätti jälkensä molempien äitilinjoihin. Denisovanihmisen osalta super-arkkaista risteytymisteoriaa tukee muun muassa se, että tiettyjen perimänkohtien osalta nykyaafrikkalaiset ovat lähempänä neandertalinihmisiä kuin denisovanihmisiä – tämä on odottamatonta, sillä neandertalinihmiset eivät eläneet Afrikassa tai risteytyneet suoraan afrikkalaisten kanssa. Parhaaksi selitykseksi jää siis se, että osa denisovanihmisten

¹⁶⁰ Hubisz et al. 2020

perimästä polveutuu joltakin sellaiselta ihmislajilta, joka on erkaantunut ihmisen kehityslinjasta jo neandertalinihmistä ja denisovanihmistä aikaisemmin.¹⁶¹ Eräiden mallinnusten mukaan yksi prosentti denisovanihmisen perimästä olisi peräisin tästä risteytymisestä, ja tästä prosentista 0,15 % olisi puolestaan siirtynyt nykyihmisiin risteytymisessä denisovanihmisen kanssa.¹⁶² Jotkut meistä saattavat siis kantaa perimässään geenimuotoja, jotka ovat peräisin erittäin kaukaisilta sukulaisiltamme.

Kokonaisuudessaan arkaaisten ihmislajien ja varhaisten nykyihmisten muinais-DNA-tutkimukset ovat paljastaneet edestakaisten risteymien verkoston (kuva 2.4). Vaikka risteymissä lajista toiseen siirtynyt geneettinen materiaali on ollut määrältään muutamien prosenttien luokkaa, siirtymien yleisyys kuitenkin osoittaa, että ihmislajit ovat lisääntyneet keskenään kohdatessaan. Merkit risteymistä toistaiseksi tuntemattomien ihmislajien kanssa kertovat myös siitä, kuinka paljon aukkoja näin kaukaisilta ajoilta peräisin olevassa fossiiliaineistossa on, ja miten paljon tämä on rajoittanut ymmärrystä ihmislajien historiasta. Jos esimerkiksi nykyihmisen esivanhemmat risteytyivät neandertalinihmisen kanssa jo 300 000–200 000 vuotta sitten, kertoo se, että lajimme on lähtenyt Afrikasta jo paljon aiemmin kuin on tiedetty. Tämä muuttoliike ei näytä jättäneen jälkiä sen enempää fossiiliaineistoon kuin nykyisin elävien ihmisten geeneihinkään, mutta se on jäljitettävissä sukupuuttoon kuolleen sisarlajimme perimästä.

Arkaaisten lajien perimä kertoo lajien välisistä eroista ja evoluutiosta

Arkaaisten ihmislajien perimä kertoo myös sellaisista sukupuuttoon kuolleiden lajien ominaisuuksista, joita ei voi saada selville pelkästään fossiilien fyysisiä piirteitä tarkastelemalla. DNA voi mahdollisesti kertoa lajin ominaisuuksista myös silloin kun fossiilit puuttuvat lähes kokonaan kuten denisovanihmisen tapauksessa. Esimerkiksi neandertalinihmisen puhekykyä koskevaan tutkimukseen on saatu lisänäyttöä DNA:n avulla. Osa paleontologeista uskoi pitkään, ettei neandertalinihminen voinut puhua

¹⁶¹ Rogers et al. 2020

¹⁶² Hubisz et al. 2020

nykyihmisen tavoin ja että neandertalinihmisen kurkunpään rakenne ei mahdollistanut nykyihmisten kaltaista monipuolista äänneiden muodostusta.¹⁶³ Kielellisessä kyvykkyydessä ei kuitenkaan ole kyse pelkästään äänneistä, kuten kuka tahansa viittomakielisten ihmisten keskustelua seurannut ymmärtää. Nykyihmisille ominaisten kielellisten kykyjen takana uskotaan olevan etenkin *FOXP2*-geenissä tapahtuneet mutaatiot. Nämä samat mutaatiot löytyvät myös neandertalinihmisen perimästä, mikä viittaa siihen, että sukulaislajillamme on ollut **kognitiiviset valmiudet** vivahteikkaan kielen tuottamiseen. Rakenteellisista syistä heidän kielensä on ehkä silti kuulostanut erilaiselta kuin meidän lajimme puhumat kielet.¹⁶⁴

Kun geenien vaikutusta yksilön ominaisuuksien määräytymisessä aletaan ymmärtää paremmin, voidaan myös muinaisista ihmislajeista tehdä entistä tarkempia päätelmiä pelkkien genomien perusteella.¹⁶⁵ Nykyisin kehitetään esimerkiksi **forensisia** menetelmiä, joiden avulla voidaan ennustaa rikoksista epäillyn henkilön ulkomuotoa rikospaikalta löytyvien DNA-todisteiden perusteella.¹⁶⁶ Tulevaisuudessa vastaavia menetelmiä voidaan mahdollisesti hyödyntää myös sukulaislajiemme ulkonäön rekonstruoinnissa. Erityisen mielenkiintoista tämä olisi denisovanihmisen tapauksessa, sillä fossiiliaineisto ei juuri tarjoa tietoa tämän lajin ulkonäöstä.

Arkaaisten ihmislajien genomien vertaaminen nykyihmisiin voi tuoda esiin merkittävää tietoa oman lajimme evoluutiosta. Lajitasolla tarkasteltuna arkaaiset ihmislajit ovat geneettisesti hyvin samanlaisia kuin nykyihmiset, mutta joitakin eroja kuitenkin on. Tarkastelemalla niitä perimän kohtia, joissa kaikki nykyihmiset eroavat neandertalinihmisistä, voidaan paikantaa nykyihmisen kehityslinjassa luonnonvalinnan kohteena olleita geenejä. Näiden geenien toimintaa tutkimalla on mahdollista selvittää, mitkä ovat ne ominaisuudet, jotka erottavat meitä ja lähimpiä sukulaislajejamme – mikä tekee meistä juuri sellaisia kuin olemme.

Monia tällaisia vain nykyihmisillä esiintyviä geenimuotoja onkin perimästäme paikannettu, mutta niiden täsmällisen vaikutuksen ymmärtäminen on haastavampaa. Monien geenimuutosten vaikutukset ovat monimutkaisia,

163 Esim. Lieberman 1975; ks. myös Gibbons 1992

164 Krause et al. 2007a

165 Brand et al. 2022

166 Kayser 2015

ja niiden ymmärtäminen vaatii lisää geenien toiminnan kokeellista tutkimusta. Alustavat löydökset viittaavat kuitenkin siihen, että nykyihmisillä positiivisen luonnonvalinnan kohteena ovat olleet erityisesti kognitiivisiin kykyihin ja luuston, erityisesti kallon, muotoon vaikuttavat geenit. Yksi tällainen geeni on *RUNX2*, jossa esiintyvät harvinaiset mutaatiot aiheuttavat luuston ja hampaiden kehityshäiriöitä.¹⁶⁷ Mielenkiintoista on, että osa näistä häiriöistä johtaa piirteisiin, jotka olivat tyypillisiä neandertalinihmisillä ja muilla nykyihmistä varhaisemmilla ihmislajeilla – esimerkiksi kellonmuotoiseen rintakehään.

Myös arkaaisilta ihmislajeilta risteytymisen kautta saadut geenimuodot ovat vaikuttaneet lajimme evoluutioon. Näistä geenimuodoista on voinut olla nykyihmisille sekä haittaa että hyötyä. Ihmisen perimässä on kohtia, joissa arkaaista perimää ei esiinny juuri lainkaan, mikä viittaa siihen, että luonnonvalinta on aktiivisesti pyrkinyt poistamaan arkaaisia geenimuotoja. Tällaisia alueita on erityisesti **X-kromosomissa**, jossa on paljon miesten hedelmällisyyteen vaikuttavia geenejä. Arkaaiset geenimuodot ovat ehkä heikentäneet miesten hedelmällisyyttä, joten ne ovat karsiutuneet luonnonvalinnan seurauksena.¹⁶⁸

Jotkin neandertalinihmisiltä saadut geenimuodot ovat olleet positiivisen luonnonvalinnan kohteena ja siten yleistyneet. Monet näistä geeneistä vaikuttavat immuunipuolustukseen. Tällaisia ovat esimerkiksi monet *HLA*-geenien **alleelit**. Ne koodaavat immuunipuolustuksen kannalta keskeisiä solujen pintaproteiineja, joiden avulla elimistö tunnistaa kehon omat solut vieraista. Monimuotoisuus on tässä järjestelmässä hyväksi: monipuolinen kokoelma *HLA*-alleeleja auttaa tunnistamaan useampia taudinaiheuttajia. Risteytymällä arkaisten ihmislajien kanssa varhaiset nykyihmiset ovat saaneet monipuolisemman valikoiman näitä alleeleja.¹⁶⁹ On arvioitu, että jopa puolet nykyisten euraasialaisten *HLA*-alleeleista olisi peräisin muinaisista risteytymistapahtumista.¹⁷⁰ Lisäksi Euraasiassa jo pitkään eläneiden neandertalinihmisten ja denisovanihmisten immuunipuolustuksen geenit olivat luultavasti paremmin sopeutuneet paikallisia taudinaiheuttajia vastaan kuin Afrikasta saapuneiden nykyihmisten geenit. Myös monet muut immuunipuolustusta ohjaavat geenimuodot ovat periytyneet euraasialaisille väestöille

167 Green et al. 2010

168 Sankararaman et al. 2014

169 Kerner et al. 2021: 119–121

170 Abi-Rached et al. 2011

neandertalin- tai denisovanihmisiltä. Risteytyminen näiden paikallisten ihmislajien kanssa on siis nopeuttanut nykyihmisen sopeutumista uuden ympäristön taudinaiheuttajiin.¹⁷¹

Taudeilta suojautumisen lisäksi varhaiset nykyihmiset joutuivat sopeutumaan uuteen, pohjoisempaan elinympäristöönsä myös muilla tavoin, ja myös tässä arkaaisilta ihmislajeilta saaduista geeneistä oli apua. Luonnonvalinta on suosinut esimerkiksi monia sellaisia neandertalinihmisiltä perittyjä geneejiä, jotka vaikuttavat ihon ja hiusten väriin ja rakenteeseen.¹⁷² Mielenkiintoista on, että niiden joukossa on sekä vaaleaan että tummaan väriytykseen liitettyjä geenimuotoja. Tämä viittaa siihen, että neandertalinihmiset ovat olleet väriykseltään monimuotoisia (kuva 2.5). Neandertalinihmisiltä perityt geenit vaikuttavat myös nykyihmisten uni-valverytmiin: heiltä perittyjen geenimuotojen kantajat ovat todennäköisemmin aamu- kuin iltaihmiisiä.¹⁷³ Joidenkin näistä geenimuodoista on havaittu olevan yleisempiä pohjoisessa kuin etelässä elävillä nykyväestöillä, mikä ehkä kielii geenimuodon autta- neen sopeutumisessa pohjoisten leveyspiirien vaihtelevaan valon määrään.¹⁷⁴

Jotkin arkaaisilta lajeilta perityt geenimuodot ovat olleet positiivisen luonnonvalinnan kohteena tietyissä väestöissä, vaikka kokonaisuutena näissä väestössä ei ole merkkejä risteytymisestä. Esimerkiksi Tiibetin ylängöllä elävillä ihmisillä esiintyy alun perin denisovanihmisiltä peräisin olevaa geenimuotoa *EPAS1*-geenistä, joka auttaa veren happipitoisuuden säätelyssä korkealla vuoristossa.¹⁷⁵ Tiibetiläisillä ei kuitenkaan ole muissa osissa perimää havaittu lainkaan denisovanihmisiltä perittyjä geneejiä.

Osa arkaaisista geenimuodoista altistaa nykyihmiä sairauksille. Esimerkiksi geenimuoto, joka altistaa vakavammalle COVID-19-taudille, on perityt neandertalinihmisiltä.¹⁷⁶ Tämä geenimuoto on huomattavasti yleisempi Kaakkois-Aasiassa kuin Euroopassa tai Itä-Aasiassa, mikä viittaa siihen, että geenimuoto on joskus aiemmin ollut positiivisen luonnonvalinnan kohteena Kaakkois-Aasian olosuhteissa – ehkä se on antanut suojaa jotakin muuta tautia vastaan. Toisaalta neandertalinihmisiltä on peräisin myös geenimuoto,

171 Kerner et al. 2021: 117

172 Dannemann & Kelso 2017

173 Velasquez-Arcelay et al. 2023

174 Dannemann & Kelso 2017

175 Huerta-Sánchez et al. 2014

176 Zeberg & Pääbo 2020



Kuva 2.5. Neandertalinihmisillä esiintyi vaaleaan ja tummaan värytykseen liittyviä geenimuotoja, minkä vuoksi lajiin kuului todennäköisesti erinäköisiä ihmisiä. Kuva: Tom Björklund.

joka suojaa kantajaansa vakavalta COVID-19-taudilta.¹⁷⁷ Koronavirusta sellaisena kuin me sen tunnemme (SARS-CoV-2) ei tietenkään ole ollut olemassa neandertalinihmisten aikaan, mutta isännän ja taudinaiheuttajien välinen sopeutumiskilpailu on ikuinen ja suosii eri aikoina kummallakin eri geenimuotoja. Ehkä muinaiset koronavirukset ovat aiheuttaneet valintapainetta muinaisten ihmisten genomissa.

¹⁷⁷ Kerner et al. 2021: 118; Zeberg & Pääbo 2021

Eräs neandertalinihmisiltä peritty geenimuoto hermosolujen toimintaa säätelevässä geenissä on puolestaan yhdistetty nykyihmisillä suurempaan kipuherkkyyteen.¹⁷⁸ Ei tiedetä, onko tämä geenimuoto tehnyt myös neandertalinihmisistä kipuherkkiä, sillä kipuaistimuksen muodostuminen on monitasoinen prosessi. Kyseinen geenimuoto vaikuttaa kipua aistivien hermosolujen lisäksi myös muiden hermosolujen, kuten haju- ja makuaisteja välittävien hermosolujen toimintaan.

Vaikka nykyihmisen sukulaislajit ovatkin kuolleet sukupuuttoon, muinais-DNA on antanut mahdollisuuden kurkistaa näiden lajien historiaan ja ymmärtää paremmin myös omaa menneisyyttämme. Denisovanihmisen löytyminen on osoitus siitä, että sukupuumme saattaa vielä laajentua, kun uusia fossiileja tutkitaan muinais-DNA:n avulla. Arkaaisten ihmislajien DNA-tutkimus on ollut tieteellinen läpimurto, ja alan tutkimuksen uranuurtajana tunnetulle Svante Pääbölle myönnettiin lääketieteen Nobel-palkinto vuonna 2022. Neandertalinihmisten ja denisovanihmisten muinais-DNA-tutkimus on tuottanut runsaasti lisää tietoa sukupuuttoon kuolleiden sukulaislajiemme ominaisuuksista sekä niiden ja nykyihmisten välisestä suhteesta. Tämä tieto laajenee hieman jokaisen uuden tutkitun yksilön myötä. Arkaaisen perimän avulla voimme paremmin ymmärtää myös omaa evolutiivista historiaamme sekä sitä, mikä perimässämme on ominaista juuri omalle lajillemme.

Lopuksi on vielä syytä huomioida kaupallisia geenitestejä tarjoavien yritysten tulokset, joissa kerrotaan testaajan DNA:sta havaittava neandertal-perimän osuus. Vaikka tällaiset tulokset ovat kiehtovia ja saavat yhteyden muinaisiin ihmislajeihin tuntumaan konkreettisemmalta, on hyvä pitää mielessä, että väestötasolla havaittu yhteys arkaaisen geenimuodon ja tietyn ominaisuuden välillä ei useinkaan päde yksilötasolla. Suurin osa ihmisen ominaisuuksista määräytyy kymmenien tai satojen geenien sekä ympäristön yhteisvaikutuksen tuloksena (ks. myös luku 6). Yksittäinen neandertal-variantti ei yksinään kerro juuri mitään henkilön ominaisuuksista. Yhden ihmisen perimästä lasketut neandertal-perimän osuudet ovat myös hyvin karkeita, sillä ne perustuvat vain kouralliseen dataa.¹⁷⁹ Tämä tarkoittaa, että menetelmän virhemarginaali on suurempi kuin yksilöiden väliset erot tällä tavoin lasketun neandertal-perimän määrässä.

¹⁷⁸ Zeberg et al. 2020

¹⁷⁹ Smith et al. 2020

Tutkimuskirjallisuus

- Abi-Rached, L., Jobin, M. J., Kulkarni, S., McWhinnie, A., Dalva, K. et al. 2011. The shaping of modern human immune systems by multiregional admixture with archaic humans. *Science* 334: 89–94. <https://doi.org/10.1126/science.1209202>
- de Azevedo, S., González, M. F., Cintas, C., Ramallo, V., Quinto-Sánchez, M. et al. 2017. Nasal airflow simulations suggest convergent adaptation in Neanderthals and modern humans. *PNAS* 114(47): 12442–12447. <https://doi.org/10.1073/pnas.1703790114>
- Brand, C. M., Colbran, L. L. & Capra, J. A. 2022. Predicting archaic hominin phenotypes from genomic data. *Annual Review of Genomics and Human Genetics* 23: 591–612. <https://doi.org/10.1146/annurev-genom-111521-121903>
- Brown, P., Sutikna, T., Morwood, M. J., Soejono, R. P., Jatmiko, E. et al. 2004. A new small-bodied hominin from the Late Pleistocene of Flores, Indonesia. *Nature* 431:1055–1061. <https://doi.org/10.1038/nature02999>
- Chen, F., Welker, F., Shen, C.-C., Bailey, S. E., Bergmann, I. et al. 2019. A Late Middle Pleistocene Denisovan mandible from the Tibetan Plateau. *Nature* 569: 409–412. <https://doi.org/10.1038/s41586-019-1139-x>
- Chen, F.-C. & Li, W.-H. 2001. Genomic divergences between humans and other hominoids and the effective population size of the common ancestor of humans and chimpanzees. *American Journal of Human Genetics* 68: 444–456. <https://doi.org/10.1086/318206>
- Chen, L., Wolf, A. B., Fu, W., Li, L. & Akey, J. M. 2020. Identifying and interpreting apparent Neanderthal ancestry in African individuals. *Cell* 180: 677–87.e16. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.01.012>
- Dannemann, M. & Kelso, J. 2017. The contribution of Neanderthals to phenotypic variation in modern humans. *The American Journal of Human Genetics* 101: 578–589. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2017.09.010>
- Drell, J. R. R. 2000. Neanderthals: A history of interpretation. *Oxford Journal of Archaeology* 19(1): 1–24. <https://doi-org.ezproxy.utu.fi/10.1111/1468-0092.00096>
- Fu, Q., Hajdinjak, M., Moldovan, O. T., Constantin, S., Mallick, S. et al. 2015. An early modern human from Romania with a recent Neanderthal ancestor. *Nature* 524: 216–219. <https://doi.org/10.1038/nature14558>
- Gibbons, A. 1992. Neanderthal language debate: Tongues wag anew. *Science* 256(5053). <https://doi.org/10.1126/science.1566057>
- Graves, P. 1991. New models and metaphors for the Neanderthal debate. *Current Anthropology* 32(5): 513–541. <https://doi.org/10.1086/203997>
- Green, R. E., Krause, J., Briggs, A. W., Maricic, T., Stenzel, U. et al. 2010. A draft sequence of the Neanderthal genome. *Science* 328: 710–722. <https://doi.org/10.1126/science.1188021>
- Hajdinjak, M., Mafessoni, F., Skov, L., Vernot, B., Hübner, A. et al. 2021. Initial Upper Palaeolithic humans in Europe had recent Neanderthal ancestry. *Nature* 592: 253–257. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03335-3>
- Harvati, K., Singh, N. & López, E. N. 2011. A three-dimensional look at the Neanderthal mandible. Teoksessa: Condemi, S., Weniger, G. C. (toim.) *Continuity and Discontinuity in the Peopling of Europe. Vertebrate Paleobiology and Paleoanthropology*: 179–192. Dordrecht: Springer.
- Herrera, K. J., Somarelli, J. A., Lowery, R. K. & Herrera, R. J. 2009. To what extent did Neanderthals and modern humans interact? *Biological Reviews* 84(2): 245–257. <https://doi.org/10.1111/j.1469-185X.2008.00071.x>
- Hubisz, M. J., Williams, A. L. & Siepel, A. 2020. Mapping gene flow between ancient hominins through demography-aware inference of the ancestral recombination graph. *PLoS Genetics* 16:e1008895. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1008895>
- Huerta-Sánchez, E., Jin, X., Asan, Bianba, Z., Peter, B. M. et al. 2014. Altitude adaptation in Tibetans caused by introgression of Denisovan-like DNA. *Nature* 512: 194–197. <https://doi.org/10.1038/nature13408>
- Kayser, M. 2015. Forensic DNA phenotyping: Predicting human appearance from crime scene material for investigative purposes. *Forensic Science International Genetics* 18: 33–48. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2015.02.003>
- Kerner, G., Patin, E. & Quintana-Murci, L. 2021. New insights into human immunity from ancient genomics. *Current Opinion in Immunology* 72: 116–125. <https://doi.org/10.1016/j.coi.2021.04.006>

- Krause, J., Lalueza-Fox, C., Orlando, L., Enard, W., Green, R. E. et al. 2007a. The derived FOXP2 variant of modern humans was shared with Neandertals. *Current Biology* 17: 1908–1912. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2007.10.008>
- Krause, J., Orlando, L., Serre, D., Viola, D., Prüfer, K. et al. 2007b. Neandertals in central Asia and Siberia. *Nature* 449: 902–904. <https://doi.org/10.1038/nature06193>
- Krause, J., Briggs, A. W., Kircher, M., Maricic, T., Zwyns, N. et al. 2010. A complete mtDNA genome of an early modern human from Kostenki, Russia. *Current Biology* 20: 231–236. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2009.11.068>
- Krings, M., Stone, A., Schmitz, R. W., Krainitzki, H., Stoneking, M. et al. 1997. Neanderthal DNA sequence and the origin of modern humans. *Cell* 90: 19–30. [https://doi.org/10.1016/S0092-8674\(00\)80310-4](https://doi.org/10.1016/S0092-8674(00)80310-4)
- Lazaridis, I., Nadel, D., Rollefson, G., Merrett, D. C., Rohland, N. et al. 2016. Genomic insights into the origin of farming in the ancient Near East. *Nature* 536: 419–424. <https://doi.org/10.1038/nature19310>
- Leffler, E. M., Bullaughey, K., Matute, D. R., Meyer, W. K., Ségurel, L. et al. 2012. Revisiting an old riddle: What determines genetic diversity levels within species? *PLoS Biology* 10: e1001388. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001388>
- Lieberman, P. 1975. More discussion of Neanderthal speech. *Linguistic Inquiry* 6(2): 335–339.
- Meyer, M., Fu, Q., Aximu-Petri, A., Glocke, I., Nickel, B. et al. 2014. A mitochondrial genome sequence of a hominin from Sima de los Huesos. *Nature* 505: 403–406. <https://doi.org/10.1038/nature12788>
- Meyer, M., Arsuaga, J. L., De Filippo, C., Nagel, S., Aximu-Petri, A. et al. 2016. Nuclear DNA sequences from the Middle Pleistocene Sima de los Huesos hominins. *Nature* 531: 504–507. <https://doi.org/10.1038/nature17405>
- Peyrégne, S., Slon, V. & Kelso, J. 2023. More than a decade of genetic research on the Denisovans. *Nature Reviews Genetics* 25: 83–103. <https://doi.org/10.1038/s41576-023-00643-4>
- Prüfer, K., De Filippo, C., Grote, S., Mafessoni, F., Korlevi, P. et al. 2017. A high-coverage Neanderthal genome from Vindija Cave in Croatia. *Science* 358: 655–658. <https://doi.org/10.1126/science.aao1887>
- Prüfer, K., Racimo, F., Patterson, N., Jay, F., Sankararaman, S. et al. 2014. The complete genome sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains. *Nature* 505: 43–49. <https://doi.org/10.1038/nature12886>
- Reich, D., Green, R. E., Kircher, M., Krause, J., Patterson, N. et al. 2010. Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia. *Nature* 468: 1053–1060. <https://doi.org/10.1038/nature09710>
- Rogers, A. R., Harris, N. & Achenbach, A. A. 2020. Neanderthal-Denisovan ancestors interbred with a distantly related hominin. *Science Advances* 6(8). <https://doi.org/10.1126/sciadv.aay5483>
- Sankararaman, S., Mallick, S., Dannemann, M., Prüfer, K., Kelso, J. et al. 2014. The genomic landscape of Neanderthal ancestry in present-day humans. *Nature* 507: 354–357. <https://doi.org/10.1038/nature12961>
- Skov, L., Peyrégne, S., Popli, D., Iasi, L. N. M., Deviese, T. et al. 2022. Genetic insights into the social organization of Neanderthals. *Nature* 610: 519–525. <https://doi.org/10.1038/s41586-022-05283-y>
- Slon, V., Hopfe, C., Weiss, C. L., Mafessoni, F., de la Rasilla, M. et al. 2017. Neanderthal and Denisovan DNA from Pleistocene sediments. *Science* 356 (6338): 605–608. <https://doi.org/10.1126/science.aam9695>
- Slon, V., Mafessoni, F., Vernot, B., de Filippo, C., Grote, S. et al. 2018. The genome of the offspring of a Neanderthal mother and a Denisovan father. *Nature* 561: 113–116. <https://doi.org/10.1038/s41586-018-0455-x>
- Smith, R. P., Kleinman, A., Bryc, K., Mountain, J. Durand, E. Y. et al. 2020. Neanderthal ancestry inference. *23andMe White Paper* 23-05. https://permalinks.23andme.com/pdf/23-05_neanderthal_ancestry_inference.pdf
- Suntsova, M. V. & Buzdin, A. A. 2020. Differences between human and chimpanzee genomes and their implications in gene expression, protein functions and biochemical properties of the two species. *BMC Genomics* 21 (Suppl 7): 535. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-06962-8>
- Sutikna, T., Tocheri, M., Morwood, M., Saptomo, E. W., Jatmiko et al. 2016. Revised stratigraphy and chronology for Homo floresiensis at Liang Bua in Indonesia. *Nature* 532: 366–369. <https://doi.org/10.1038/nature17179>
- Trinkaus, E. 2007. European early modern humans and the fate of the Neandertals. *PNAS* 104(18): 7367–7372. <https://doi.org/10.1073/pnas.0702214104>

- Tsutaya, T., Sawafuji, R., Taurozzi, A. J., Fagernäs, Z., Patramanis, I. et al. 2025. A male Denisovan mandible from Pleistocene Taiwan. *Science* 388(6743): 176–180. <https://doi.org/10.1126/science.ads38>
- Velazquez-Arcelay, K., Colbran, L. L., McArthur, E., Brand, C. M., Rinker, D. C. et al. 2023. Archaic introgression shaped human circadian traits. *Genome Biology and Evolution* 15(12). <https://doi.org/10.1093/gbe/evad203>
- Vernot, B., Zavala, E., Olivencia, A. G., Jacobs, Z., Slon, V. et al. 2021. Unearthing Neanderthal population history using nuclear and mitochondrial DNA from cave sediments. *Science* 372(6542). <https://doi.org/10.1126/science.abf1667>
- Weiner, S., Xu, G., Goldberg, P. Liu, J. & Bar-Yosef, O. 1998. Evidence for the Use of Fire at Zhoukoudian, China. *Science* 281(5374): 251–253. <https://doi.org/10.1126/science.281.5374.251>
- Wroe, S., Parr, W. C. H., Ledogar, J. A., Bourke, J. Evans, S. P. et al. 2018. Computer simulations show that Neanderthal facial morphology represents adaptation to cold and high energy demands, but not heavy biting. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 285(1876). <https://doi.org/10.1098/rspb.2018.0085>
- Zavala, E. I., Jacobs, Z., Vernot, B., Shunkov, M. V., Kozlikin, M. B. et al. 2021. Pleistocene sediment DNA reveals hominin and faunal turnovers at Denisova Cave. *Nature* 595: 399–403. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03675-0>
- Zhang, D., Xia, H., Chen, F., Li, B., Slon, V. et al. 2020. Denisovan DNA in Late Pleistocene sediments from Baishiya Karst cave on the Tibetan Plateau. *Science* 370: 584–587. <https://doi.org/10.1126/science.abb6320>
- Zeberg, H., & Pääbo, S. 2020. The major genetic risk factor for severe COVID-19 is inherited from Neanderthals. *Nature* 587: 610–612. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2818-3>
- Zeberg, H. & Pääbo, S., 2021. A genomic region associated with protection against severe COVID-19 is inherited from Neanderthals. *PNAS* 118:e2026309118. <https://doi.org/10.1073/pnas.2026309118>
- Zeberg, H., Dannemann, M., Sahlholm, K., Tsuo, K., Maricic, T. et al. 2020. A Neanderthal sodium channel increases pain sensitivity in present-day humans. *Current Biology* 30: 3465–3469. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2020.06.045>

3

Mitä DNA kertoo Suomen asutushistoriasta?

Elina Salmela

 <https://orcid.org/0000-0003-1326-4462>

Ihmisväestöjen geneettistä menneisyyttä voidaan tutkia kahdella erilaisella lähestymistavalla. Nykyväestöjen DNA:sta voidaan yrittää laskennallisesti päätellä menneisyyden tapahtumia, jotka ovat tuottaneet nykyiset perimän piirteet, kun taas muinais-DNA:n tutkiminen kertoo suoraan, miltä tiettyyn aikaan tietyssä paikassa eläneiden ihmisten perimä on näyttänyt. Muinais-DNA-tutkimusten ajallinen ja paikallinen tarkkuus on yleensä paljon parempi kuin nykyväestöistä tehtyjen laskennallisten päätelmien, joissa aika-arvioiden luottamusvälit ovat tyypillisesti tuhansien vuosien luokkaa. Toisaalta nykyväestöjen tutkittavissa oleva yksilömäärä on moninkertainen muinais-DNA-tutkimuksiin verrattuna. Lähestymistavat myös vastaavat osittain eri kysymyksiin: nykyaineistoista tutkitaan kunkin väestön geneettistä historiaa, kun taas muinais-DNA-tutkimukset keskittyvät tyypillisesti tietyn alueen menneisyyteen. Jos alueen nykyasukkaat ovat tulleet muualta, heidän geneettinen historiansa voi olla erilainen kuin alueen muinais-DNA:n kertoma historia.

Muinais-DNA apuna asutushistorian selvittämisessä

Muinais-DNA-tutkimusten avulla päästään suoraan käsiksi tietyn alueen väestögeneettiseen menneisyyteen. Suomessa muinais-DNA-tutkimuksiin soveltuva näyteaines kuitenkin säilyy huonosti muun muassa happaman maaperän takia (ks. Luku 1). Niinpä DNA:ta sisältävää, yli tuhat vuotta

vanhaa (palamatonta) luumateriaalia on Manner-Suomessa hyvin vähän, yli kaksituhatta vuotta vanhaa ei juuri lainkaan. Toistaiseksi varhaisimmat Suomesta olevat yksilöt, joiden muinais-DNA-tuloksia on julkaistu, ovat 1200–1600 vuoden takaa. Koska Suomen alueen ensimmäiset asukkaat saapuivat pian jääkauden jälkeen, yli kymmenentuhatta vuotta sitten, geneettistä väestöhistoriaa jää Suomessa muinais-DNA-tutkimuksen ulottumattomiin tuhansien vuosien ajalta.

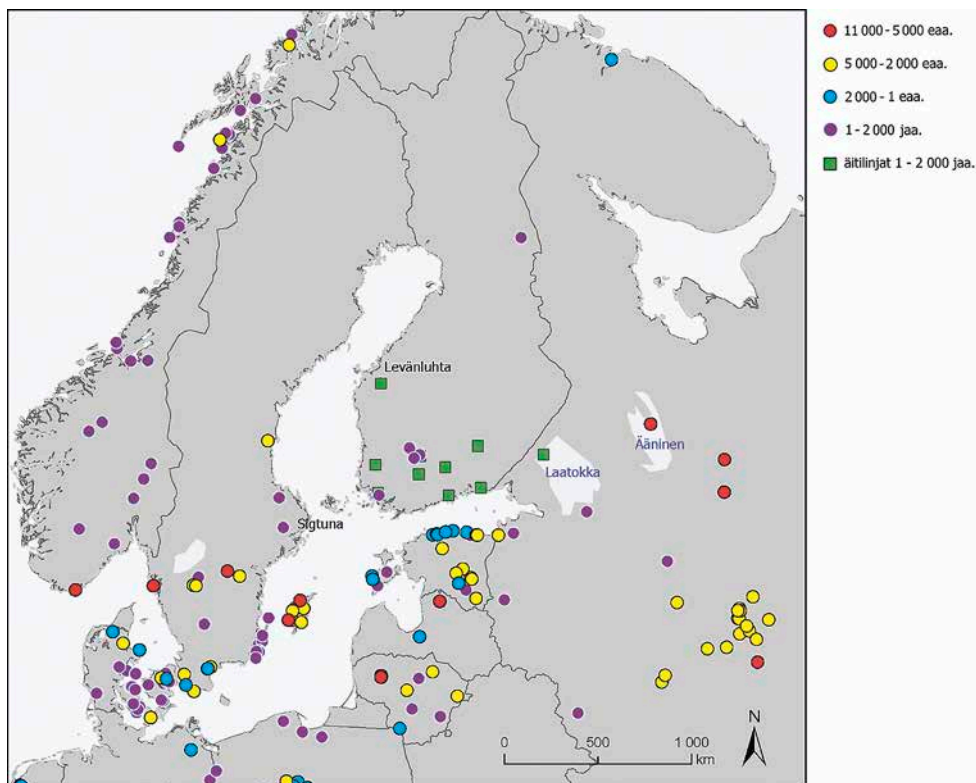
Jatkossa Suomessakin saatetaan pystyä tutkimaan muinais-DNA:ta kauempaa menneisyydestä uudenlaisten näytemateriaalien avulla. Esimerkiksi Tanskassa ja Ruotsissa on pystytty eristämään muinais-DNA:ta 6000–10000 vuotta vanhoista purupihkoista.¹⁸⁰ Purupihkat ovat koivuntuohitervaa, jota on käytetty liima-aineena; liimaamista varten niitä on ensin pehmitetty suussa pureskelemalla. Niistä onkin saatu eristettyä sekä pureskelelijän itsensä että hänen suubakteeriensa ja jopa suussa olleiden ruoan jäänteiden DNA:ta. Purupihkoja on löydetty runsaasti myös Suomen kivikautisilta asuinpaikoilta, ja Ruotsin ja Tanskan esimerkkien innoittamana niistäkin on yritetty eristää DNA:ta, mutta onnistumisia ei ole toistaiseksi raportoitu.

Muinais-DNA Suomen lähialueilta antaa osviittaa Suomenkin menneisyydestä

Suomen varhaista väestöhistoriaa voi välillisesti hahmotella tarkastelemalla tutkimustuloksia Suomen lähialueilta, missä muinais-DNA:ta on säilynyt paremmin: Skandinaviasta, Baltiasta, Venäjän-Karjalasta ja Kuolan niemimaalta (kuvat 3.1 ja 3.2). Vanhin Suomen lähialueilta tutkituista muinais-DNA-näytteistä on yli 12000 vuoden takaa Luoteis-Venäjältä, runsaat 120 kilometriä Ääniseltä itään.¹⁸¹ Geneettiseltä profiililtaan se edustaa niin kutsuttuja itäeurooppalaisia metsästäjä-keräilijöitä (engl. *Eastern European hunter-gatherer*, lyhennettynä usein EEHG tai EHG). Tämä perimätyyppi oli vallitseva laajalla alueella jääkauden jälkeisessä Itä-Euroopassa: sitä on löydetty niin Venäjän-Karjalasta kuin Samaran alueelta, läheltä suomen-sukuisten kielten historiassa kuuluisaa Volgan mutkaa.

¹⁸⁰ Jensen et al. 2019; Kashuba et al. 2019

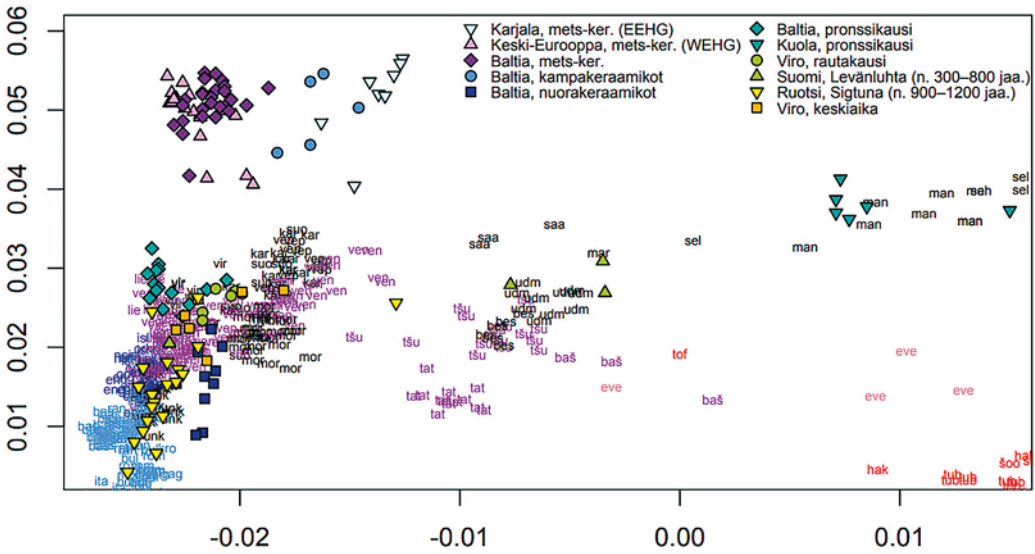
¹⁸¹ Saag et al. 2021



Kuva 3.1. Suomen ja lähialueiden muinais-DNA-tutkimuksia. Neliöllä merkityistä kohteista on tutkittu äitilinjoja, ympyrällä merkityistä koko perimää. Ympyrän väri kertoo kohteen iän. Kartta: Meeli Roose.

Lännempänä Euroopassa jääkauden jälkeiset arkeologiset yksilöt olivat geneettiseltä profiililtaan erilaisia, niin kutsuttuja länsieurooppalaisia metsästäjä-keräilijöitä (engl. *Western European hunter-gatherer*, lyh. WEHG tai WHG). Sekä läntinen että itäinen perimätyyppi olivat muodostuneet jääkauden aikana mannerjään eteläpuolisilla alueilla moninaisten vaiheiden ja sekoittumisten kautta. Näiden kahden perimätyypin raja- tai vaihtumisyöhyke kulki Ukrainan ja Romanian tienoilla sekä Baltian poikki: Baltian varhaisimmilla – enimmillään 9 000 vuotta vanhoilla – DNA-tutkituilla yksilöillä oli perimässään noin 70 prosenttia länsieurooppalaisten ja 30 prosenttia itäeurooppalaisten metsästäjä-keräilijöiden perimätyyppiä.¹⁸²

182 Mathieson et al. 2018



Kuva 3.2. Luoteis-Euroopan nyky- ja muinaisyksilöiden perimäaineisto toisiinsa suhteutettuna. Kukin symboli on yksi muinaisyksilö ja kukin kolmikirjainlyhenne yksi nyky-yksilö. Symbolien väliset etäisyydet vastaavat yksilöiden geneettisiä etäisyyksiä pääkomponenttianalyysin (PCA) kuvaamina. Mustalla merkityt nyky-yksilöt edustavat suomensukuisia kieliä puhuvia väestöjä: suo - suomalaiset, kar - karjalaiset, vep - vepsäläiset, vir - virolaiset, mor - mordvat, unk - unkarilaiset, saa - saamelaiset, udm - udmuritit, bes - besermanit, mar - marit, man - mansit, sel - selkupit. Muiden nyky-yksilöiden värit kuvastavat väestöjen maantieteellistä sijaintia. Violetit ovat Itä-Euroopasta: lie - liettualaiset, ukr - ukrainalaiset, tse - tsekit, val - valkovenäläiset, ven - venäläiset, tšu - tšuvassit, tat - tataarit, baš - baškiirit. Tummansiniset ovat Luoteis-Euroopasta: nor - norjalaiset, isl - islantilaiset, eng - englantilaiset, sko - skotit, ork - orkneylaiset. Vaaleansiniset ovat Etelä-Euroopasta: ran - ranskalaiset, esp - espanjalaiset, bas - baskit, kro - kroatialaiset, rom - romanialaiset, bul - bulgarialaiset, mol - moldovalaiset, gag - gagauzit, ita - italialaiset. Punaisella ja vaaleanpunaisella merkityt nyky-yksilöt ovat Aasiasta: tof - tofalarit, eve - evenit, hak - hakassit, tub - tubalarit, šoo - šoorit; näiden väestöjen yksilöitä on rajautunut myös kuvan ulkopuolelle. Kuva: Elina Salmela.

Kahden perimätyypin rajavyöhyke Baltiassa ei liene ollut kovin kapea – eikä myöskään staattinen. **Kampakeraamisen** (kuva 3.3) kulttuurin¹⁸³ aikana 6000 vuotta sitten Baltiaan saapui lisää itäeurooppalaisten metsästäjäkeräilijöiden perimää: muutamilla Viron ja Latvian arkeologisilla yksilöillä, joiden hautauskonteksti on kampakeraaminen, on 70–100 prosenttia itä-

183 Ilmiö liittyy mahdollisesti niin sanotun tyypillisen kampakeraamian aikaan, vaikka tutkittuja yksilöitä on toistaiseksi vasta vähän.

eurooppalaisten metsästäjä-keräilijöiden perimätyyppiä.¹⁸⁴ Vaikuttaa siltä, että perimätyyppien osuudet kääntyivät siis viimeistään kampakeraamisen ajan kuluessa suurin piirtein päinvastaisiksi alueen aiempiin asukkaisiin nähden.

Myös Skandinavian varhaiset jääkauden jälkeiset asukkaat olivat geneeltään länsi- ja itäeurooppalaisten metsästäjä-keräilijöiden perimätyyppien sekoituksia. Eri alueilla ja yksilöillä itäisen perimän osuus vaihteli noin 35–50 prosentin välillä. Vaihtelun maantieteellinen jakauma viittaa siihen, että länsieurooppalainen metsästäjä-keräilijäperimä saapui Skandinaviaan etelästä ja itäeurooppalainen koillisesta, mannerjäystä vapautunutta Norjan rannikkoa pitkin.¹⁸⁵ Uusimmissa analyyseissa erottuu myös kolmas metsästäjä-keräilijöiden perimätyyppi, joka on lähtöisin nykyisen Ukrainan alueelta ja jota esiintyy erityisesti Kaakkois-Euroopan, Baltian ja Etelä-Skandinavian metsästäjä-keräilijäyksilöillä, Ruotsissa paikoin jopa 60 prosenttia.¹⁸⁶

Maanviljelyn ja viljelijäväestön levitessä Skandinavian eteläosiin noin 6000 vuotta sitten sen mukana saapui myös uudenlainen perimätyyppi. Sitä kutsutaan usein varhaisten eurooppalaisten maanviljelijöiden perimäksi (engl. *Early European farmer*, lyh. EEF). Se oli lähtöisin Anatoliasta, mistä se oli vähitellen vuosituhansien kuluessa kulkeutunut Euroopan halki maanviljelyksen leviämisen mukana. Matkallaan se oli myös jonkin verran sekoittunut paikalliseen eli länsieurooppalaistyyppiseen metsästäjä-keräilijäperimään. Nykyisen Tanskan alueella maanviljelijöiden perimätyyppi syrjäytti sikäläisen metsästäjä-keräilijäperimän lyhyessä ajassa lähes tyystin,¹⁸⁷ kun taas Etelä-Ruotsissa metsästäjä-keräilijät ilmeisesti pysyivät geneettisesti erillään varhaisista maanviljelijöistä useiden kymmenien sukupolvien ajan.¹⁸⁸

Tämänhetkisen tiedon mukaan vastaava varhaisten eurooppalaisten maanviljelijöiden geneettinen vaikutus ei yltänyt Baltiaan eikä Suomeen saakka. Sen sijaan Baltiaan saapui noin 5000 vuotta sitten **nuorakeraamisen kulttuurin** (kuva 3.3) mukana uusi perimätyyppi, joka muistutti läheisesti Euraasian arovyöhykkeen länsiosissa asuneiden, jamnajakulttuuriin kuuluneiden

184 Mittnik et al. 2018

185 Günther et al. 2018

186 Allentoft et al. 2024b

187 Allentoft et al. 2024a

188 Skoglund et al. 2014



Kuva 3.3. Vasemmalla kampakeraaminen (4000–3000 eaa.) saviastia Hankasalmen Ripatinsalosta, oikealla nuorakeraamisen kulttuurin (n. 2500–2300 eaa.) saviastia ja sarakirveitä Kaarinan Tammenmäestä. Kuvat: Museovirasto, arkeologian esinekokoelma. CC BY 4.0.

paimentolaisten geneettistä koostumusta.¹⁸⁹ Sama perimätyyppi on havaittu nuorakeraamiseen kulttuuriin kuuluvilla yksilöillä myös Ruotsissa ja Länsi-Venäjällä.¹⁹⁰ Nuorakeraaminen kulttuuri ulottui myös läntiseen Suomeen, mutta ei ole tietoa, millainen tšekäläisten nuorakeraamikkojen perimä oli.

Kuolan niemimaalta on tutkittu noin 3500 vuoden takaisia yksilöitä. Heidän geneettinen profiilinsa osoittautui ennennäkemättömäksi: siinä oli noin puolet itäeurooppalaisten metsästäjä-keräilijöiden perimätyyppejä ja puolet vielä itäisempää perimää, joka oli hyvin samankaltaista kuin nykypäivän nganasaneilla.¹⁹¹ Nganasanit asuvat Pohjois-Siperiassa Taimyrin niemimaalla ja puhuvat suomeille kaukaista sukua olevaa samojedikieltä. Kyseisen perimätyypin alkuperä oli pitkään tuntematon, koska sitä ei havaittu millään muinaisväestöllä sellaisenaan, vaan pelkästään muihin perimätyyppeihin sekoittuneena, kuten Kuolassa. Sitten hyvin samankaltaista perimää on löydyntynyt runsaan 4000 vuoden takaisesta Koillis-Siperiasta sekä

¹⁸⁹ Saag et al. 2017; Mittnik et al. 2018

¹⁹⁰ Malmström et al. 2019; Saag et al. 2021

¹⁹¹ Lamnidis et al. 2018

Etelä-Siperiasta läheltä Krasnojarskia.¹⁹² Perimätyypin esihistoriallinen kokonaislevinneisyys on kuitenkin edelleen hämärän peitossa. Siitäkään ei ole tarkempaa tietoa, onko siperialaistyyppisen ja itäeurooppalaisen metsästäjä-keräilijäperimän sekoittuminen tapahtunut Kuolan niemimaalla vai jossain muualla. Sekoittumisen ajankohta on kuitenkin ilmeisesti ollut runsaat 500 vuotta ennen Kuolan niemimaan yksilöiden elinaikaa eli noin 4000–4200 vuotta sitten.¹⁹³ Samoissa Kuolan yksilöissä nähdään ensi kertaa Euroopassa myös nykysuomalaisille ja monille kielisukulaisillemme tyypillinen, todennäköisesti itäistä alkuperää oleva **Y-kromosomihaploryhmä** nimeltä N1c (ks. Luku 4).

Virossa myöhäisen pronssikauden (noin 1200–400 eaa.) paasiarkku-röykkiöihin haudatuilla vainajilla on jälleen hieman erilainen geneettinen profiili: länsieurooppalaisten metsästäjä-keräilijöiden perimätyypin osuus on heillä suurempi kuin Baltian nuorakeraamikoilla.¹⁹⁴ On tulkittu, että lisäys voisi olla peräisin Skandinavian suunnasta tulleista kontakteista.

Varhaisella rautakaudella, 700-luvulta eaa. eteenpäin, Virossa havaitaan tarhakalmistohautausten saapumisen myötä uusi, siperialaistyyppinen perimäkomponentti.¹⁹⁵ Toisin kuin muutamia vuosisatoja aiemmin Kuolan niemimaalla, tämä komponentti ei ole erityisen suuri: sen osuus vaihtelee yksilöstä toiseen 0–8 prosentin välillä. Vaihtelu saattaa kertoa siitä, että komponentin saapumisesta oli tuolloin kulunut vasta vähän aikaa. Lisäksi kolmella kuudesta tutkitusta miehestä havaittiin itäinen Y-kromosomityyppi N1c – ensi kertaa Baltiassa. Se, että itäisen perimän osuus on **isälinjaisesti** periytyvissä Y-kromosomeissa suurempi kuin muualla perimässä, voisi viitata siihen, että itäisen perimän tuonut muuttoliike on ollut miespainotteinen. Koska tutkittuja miehiä on kuitenkin vain muutama, ero voi olla suurelta osin myös sattumaa.¹⁹⁶ Joka tapauksessa on mielenkiintoista, että itäisen perimän saapuminen ajoittuu kivi- ja pronssikauden taitteesta pronssikauden loppupuolelle (noin 1900–500 eaa.), jolloin kielitieteilijät arvelevat suomensukuisen kielimuodon saapuneen idästä Itämeren alueelle.¹⁹⁷

192 Kılınç et al. 2021; Zeng et al. 2023

193 Lamnidis et al. 2018; Childebayeva et al. 2024

194 Saag et al. 2019

195 Saag et al. 2019

196 ks. myös Moilanen et al. 2023

197 Kallio 2015

Useat edellä mainituista arkeologisista kulttuureista, joiden kontekstista on pystytty tutkimaan muinais-DNA:ta erityisesti Virossa, ovat ulottuneet vaihtelevan laajalti myös nykyisen Suomen alueelle.¹⁹⁸ Ei liene kaukaa haettava ajatella, että noille alueille olisi esihistoriallisten yhteyksien mukana saapunut samoja perimätyyppejä kuin Viroon. Arkeologisten kulttuurien suoraa samaistamista geneettisiin populaatioihin on kuitenkin syytä välttää, sillä muualla on havaittu tietyn arkeologisen kulttuurin toisinaan levittäneen geenejä joillekin alueille ja toisille ei. Yleisesti ottaen voidaan kuitenkin todeta, että Itämeren piiriin on selvästi ulottunut esihistorian aikana lukuisia, mittaviakin väestövaikutuksia ja että alueen väestön geneettinen koostumus on ollut hyvinkin dynaaminen.

Saamelaistyyppistä perimää oli muinoin Etelä-Suomessa, suomalaistyyppistä Virossa

Suomen alueen toistaiseksi vanhimmat muinaisgeneettisesti tutkitut yksilöt ovat Levänluhdan lähteen vesihaudasta Etelä-Pohjanmaan Isostakyröstä.¹⁹⁹ Ne ajoittuvat rautakaudelle, noin 1200–1600 vuoden taakse.²⁰⁰ Viidestä tutkitusta yksilöstä neljä muistuttaa perimältään varsin läheisesti nykysaamelaisia, ja viides vaikuttaa lähinnä skandinaaviselta.²⁰¹ Havainto saamelaistyyppisestä perimästä täsmää hyvin siihen historiallisen kieli-tieteen tietoon, että saamelaiskieliä on aiemmin puhuttu koko Suomen alueella (ks. Luku 13).²⁰² Yhden yksilön skandinaavisen kaltainen perimä voisi puolestaan viitata kontakteihin Pohjanlahden poikki, ja strontium-isotooppianalyysin perusteella hän onkin saattanut olla alun perin kotoisin muualta kuin Pohjanmaalta.²⁰³ Levänluhdan lisäksi seitsemältätoista muulta Suomen arkeologiselta ja historialliselta kohteelta on tutkittu yhteensä hieman yli sadan arkeologisen yksilön **mitokondrio-DNA:n** tyyppi eli **äitilinja** (ks. luku 4).

198 Esim. Lang 2020

199 Lamnidis et al. 2018; Sikora et al. 2019

200 Sikora et al. 2019

201 Lamnidis et al. 2018

202 Aikio 2012

203 Sikora et al. 2019

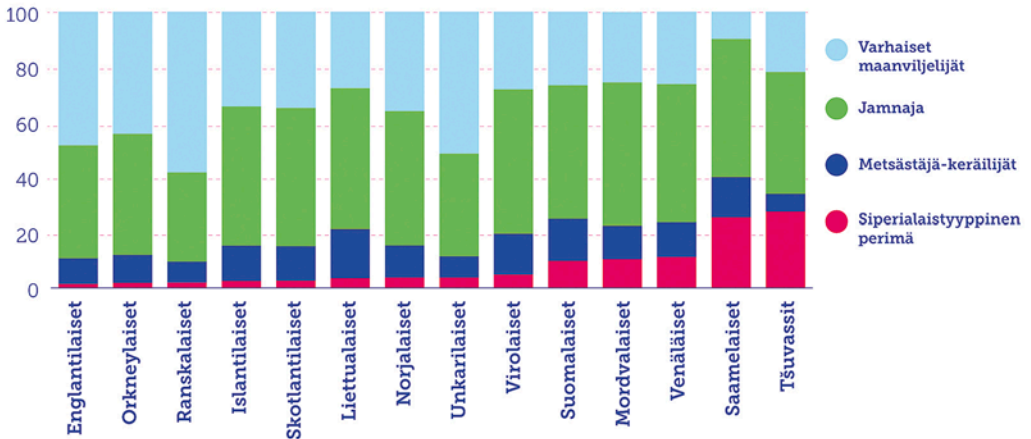
Keskiaikaa lähestyttäessä väestöjen väliset kontaktit jatkuivat tai lisääntyivät, mikä näkyy muinais-DNA-tutkimuksissa siten, että samalta kohteelta löydetään usein perimältään hyvin erilaisia yksilöitä. Tällainen havainto on tehty niin viikinkiaikaisesta ja varhaiskeskiaikaisesta (n. 900–1200 jaa.) Sigtunan kaupungista Ruotsissa kuin laajemmaltikin viikinkien vaikutusalueelta Euroopassa.²⁰⁴ Samoihin aikoihin Viron ja Suomen välillä vaikuttaa olleen mittava muuttoliike tai vähintäänkin tiivis yhteys. Yhteydestä kertoo se, että Viron keskiaikaiset (1200–1500 jaa.) yksilöt ovat geneettisesti lähempänä nykysuomalaisia kuin Viron pronssi- ja rautakautiset yksilöt. Viron keskiaikaiset yksilöt ovat itse asiassa geneettisesti lähempänä nykysuomalaisia kuin nykyvirolaiset.²⁰⁵ Yhteys on siis muodostunut varhaisen rautakauden (n. 500–1 eaa.) ja keskiajan välillä, mutta sitä on vaikea ajoittaa tarkemmin, koska Suomesta tai Virosta ei ole päästy tutkimaan tälle aikavälille ajoittuvia näytteitä. Samalle aikavälille osuu kielitieteen käsitys erään suomen kielen esimuodon, keskikantasuomen, saapumisesta Suomen alueelle (ks. Luku 13).

Esihistorian väestöliikkeiden jäljet näkyvät nykyväestöissä

Koska muinais-DNA:ta on osattu tutkia vasta varsin vähän aikaa ja Suomesta sitä on vaikea saada, suurin osa tiedoistamme Suomen geneettisestä väestöhistoriasta perustuu Suomen nykyväestön tutkimuksiin. Osa niistä on tehty varta vasten väestöhistorian selvittämiseksi, osassa päätavoite on ollut esimerkiksi tautigeenien tutkimus, ja historianäkökohtia on selvinnyt sen sivutuotteina. Tutkimusten näytteenantajat on valikoitu ja ryhmitelty vaihtelevin kriteerein: joskus yksilön oman asuin- tai syntymäpaikan, joskus hänen vanhempiensa tai isovanhempiensa syntymäpaikan mukaan. Valintakriteereistä riippuu, kuinka tarkasti tulokset heijastavat tilannetta Suomen koko nykyväestössä, johon luonnollisesti kuuluu myös ulkomailta muuttaneita ja heidän jälkeläisiään. Väestöhistorian tutkimuksissa suositaan usein isovanhempien syntymäpaikkatietoja, sillä niiden avulla päästään ajassa

204 Krzewińska et al. 2018; Margaryan et al. 2020

205 Kivisild et al. 2021



Kuva 3.4. Neljän perimäkomponentin osuudet eurooppalaisväestöissä. Vaaleansininen väri kuvaa varhaisten maanviljelijöiden, vihreä jamnajakulttuurin yksilöiden, tummansininen (länsieurooppalaisten) metsästäjä-keräilijöiden ja punainen siperialaistyyppisen perimän osuutta nykyeurooppalaisissa. Kuva on muokattu Lamnidis et al.:n (2018) tuloksista. Muissa tutkimuksissa on saatu samansuuntaisia tuloksia, mutta täsmälliset perimäosuudet vaihtelevat hieman analyysiasetelmasta riippuen. Kuva: KMG Turku.

kauemmas taaksepäin. Tällainen valikointi ei kuitenkaan ole geneetikkojen kannanotto siihen, kuka on tai ei ole suomalainen.

Uusimmissa tutkimuksissa on päästy vertaamaan nykysuomalaisten geneettistä koostumusta muinais-DNA-tutkimuksissa löytyneisiin esihistoriallisiin perimätyyppisiin. Nykysuomalaisissa näyttää olevan suurin osuus Viron nuorakeraamikkoja tai aron jamnajakulttuurin yksilöitä muistuttavaa perimää, noin 49–57 prosenttia. Metsästäjä-keräilijöitä muistuttavaa perimää on noin 15–18 prosenttia ja Euroopan varhaisia maanviljelijöitä muistuttavaa perimää noin 16–27 prosenttia. Neljäs, pienin komponentti on siperialaistyyppinen perimä, jota on noin 8–10 prosenttia. Komponenttien osuudet voivat vaihdella hieman mallinnuksesta toiseen ja sen mukaan, mitä väestöjä missäkin analyysissä on ollut mukana (kuva 3.4).²⁰⁶

Edellä luetelluilla neljällä perimäkomponentilla voidaan mallintaa useimpien eurooppalaisväestöjen perimä, joskin komponenttien prosentti-osuudet vaihtelevat jonkin verran väestöstä toiseen (kuva 3.4). Nykysuomalaisilla komponenttien osuudet muistuttavat erityisen paljon Baltian

206 Lamnidis et al. 2018; Tambets et al. 2018

nykyväestöjä, paitsi että Baltiassa siperialaistyyppinen komponentti on harvinaisempi, vain 0–5 prosenttia.²⁰⁷ Vielä harvinaisempi se on lännempänä Euroopassa – esimerkiksi englantilaisilla se on 1 prosentin luokkaa – ja monien länsi- ja keskieuropalaisten väestöjen perimä on mahdollista mallintaa myös kokonaan ilman siperialaistyyppistä komponenttia. Toisaalta saamelaisilla siperialaistyyppisen komponentin osuus on vielä suurempi kuin suomalaisilla, noin 25 prosenttia. Myös metsästäjä-keräilijöiden perimätyyppien osuus on Suomessa ja Baltiassa korkeampi kuin muualla Euroopassa. Suomessa korostuu erityisesti itäisen Euroopan metsästäjä-keräilijäperimä (EEHG), Baltiassa puolestaan läntisen Euroopan metsästäjä-keräilijäperimä (WEHG).²⁰⁸ Vastaavasti varhaisten maanviljelijöiden perimätyyppiä on Suomessa ja Baltiassa vähemmän kuin Länsi-Euroopassa, missä sitä on paikoin jopa 50 prosenttia tai ylikin.

Yllä luetellut perimätyyppien osuudet eivät tarkoita, että 50 prosenttia suomalaisista periytyisi suoraan nuorakeraamikoista ja 15 prosenttia jääkauden jälkeisistä metsästäjä-keräilijöistä. Perimätyyppien osuudet vaihtelevat hieman ihmisestä toiseen, mutta eri komponentit ovat kuitenkin sekoittuneet melko tasaisesti vuosituhsien kuluessa. Osuuksista ei suoraan voi päätellä sitäkään, paljonko väkeä Suomeen on tullut eri esihistorian vaiheissa, sillä useimmat komponentit lienevät saapuneet tänne jo valmiiksi keskenään sekoittuneina. Esimerkiksi varhaisten viljelijöiden varsinainen leviämisaalto ei koskaan ulottunut Suomen alueelle, joten maanviljelijöiden perimätyyppin on täytynyt kulkeutua alueelle kokonaisuudessaan muiden väestöliikkeiden mukana. Samoin nuorakeraamikkojen ja metsästäjä-keräilijöiden perimää on voinut tulla Suomeen esimerkiksi rautakaudella Virosta, missä kummankin osuus oli suuri. On joka tapauksessa selvää, että suomalaisten nykyinen geneettinen koostumus on varsin tuore. Esimerkiksi ensimmäisten jääkauden jälkeisten asuttajien on täytynyt näyttää geneettisesti hyvin toisenlaisilta, koska nykyisenkaltaista perimätyyppien yhdistelmää ei ole voinut olla nykyisen Suomen alueella vielä siihen aikaan.

207 Lamnidis et al. 2018; Tambets et al. 2018

208 Irving-Pease et al. 2024

Pieni väkimäärä vahvistaa geneettistä omaleimaisuutta

Eurooppalaisten kansojen geneettisissä vertailuissa suomalaiset näyttävät geneettisesti omaleimaisina.²⁰⁹ Osa omaleimaisuudesta johtuu yllä kuvatusta erosta perimätyyppien osuuksissa eli siitä, että Suomen alueelle on muuttanut väkeä eri ilmansuunnista hieman eri suhteissa kuin muualle. Lisäksi omaleimaisuuteen on vaikuttanut se, että tšekäläinen väestö on kautta vuosituhsien ollut varsin vähälukuinen. Pienet väestöt ovat erityisen alttiita geneettiselle **satunnaisajautumiselle** (engl. *random genetic drift*), joka saa väestöissä aikaan eri geenimuotojen yleisyyksien satunnaista vaihtelua sukupolvesta toiseen. Pitkään jatkuneen satunnaisajautumisen seurauksena monien geenimuotojen yleisyydet ovat Suomessa selvästi erilaiset kuin muualla Euroopassa. Useita geenimuotoja myös puuttuu meiltä kokonaan, ja siitä johtuen suomalaisten **geneettinen monimuotoisuus** on matalampi kuin samankokoisilla eurooppalaisväestöillä yleensä. Suomalaisten geneettisessä omaleimaisuudessa on siis kyse ennen kaikkea tällaisista eroista geenimuotojen yleisyydessä, ei niinkään siitä, että meillä olisi erityisen runsaasti geenimuotoja, joita muualla Euroopassa ei ole lainkaan – vaikka niitäkin on tullut siperialaistyyppisen perimän mukana.

Omaleimaisuudesta huolimatta suomalaisten kanssa geneettisesti läheisimmät väestöt ovat maantieteelliset naapurimme.²¹⁰ Vuosituhannen alkupuolella tosin uutisoitiin hollantilaisten olevan suomalaisten lähimpiä geneettisiä naapureita, mutta tuloksessa oli kyse sikäli havaintoharhasta, että maantieteellisesti läheisempiä väestöjä ei ollut tutkimuksessa mukana. Vain saamelaiset (kuva 3.5) ovat poikkeus maantieteellisten naapurien geneettisestä läheisyydestä: maantieteelliseen sijaintiinsa nähden he eroavat geneeiltaan suomalaisista ja muista naapuriväestöistään yllättävän paljon.²¹¹ Ero johtuu sekä aiempaan mainitusta saamelaisten suuresta siperialaistyyppisen perimäkomponentin osuudesta että saamelaisryhmien pienistä väkiluvuista ja niistä aiheutuneesta satunnaisajautumisesta. Saamelaisia on kuitenkin tutkittu geneettisesti varsin vähän, ja esimerkiksi eri saamelaiskielten puhujien väliset mahdolliset geneettiset erot tunnetaan huonosti.

209 Lao et al. 2008

210 Nelis et al. 2009; Tambets et al. 2018

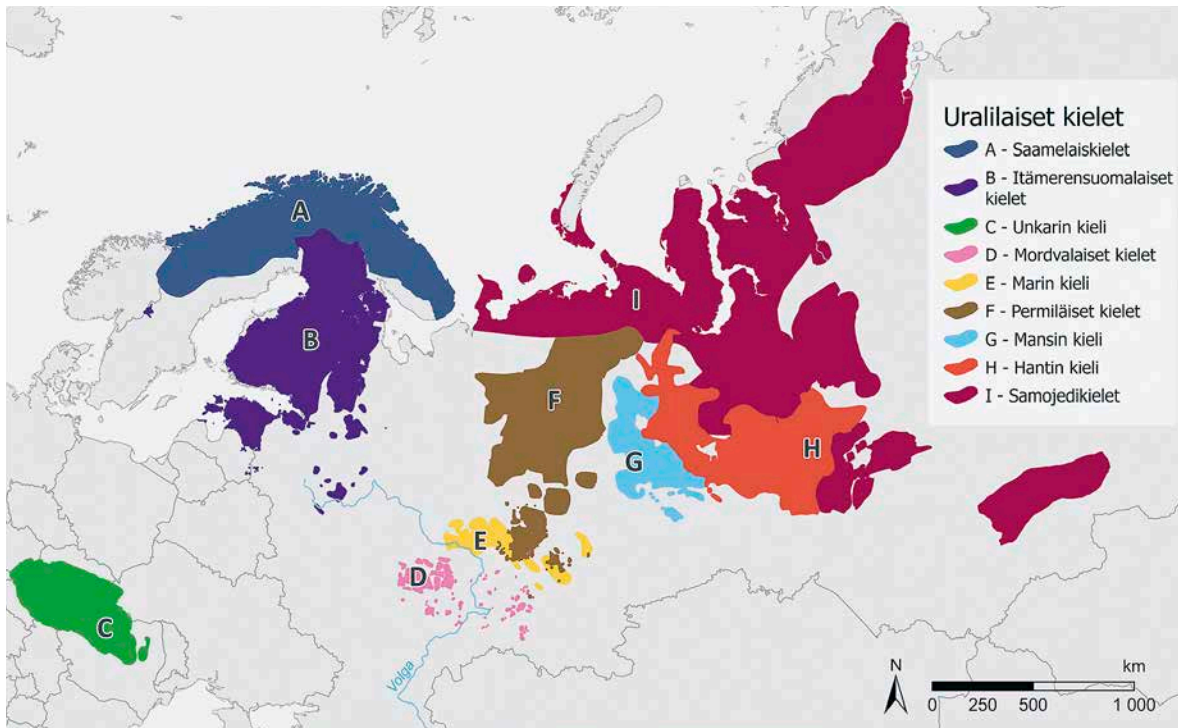
211 Tambets et al. 2018



Kuva 3.5. Vuonna 1867 Norjassa kuvattu pohjoissaamelainen nainen päässään perinteinen ladjogahpir, sarvilakki. Saamelaisten ja suomalaisten välisiä geneettisiä eroja selittää muun muassa historiallisten saamelaisryhmien pienestä väestömäärästä johtuva satunnaisajautuminen. Eri saamelaiskielten puhujien väliset mahdolliset geneettiset erot tunnetaan kuitenkin huonosti, sillä saamelaisia on tutkittu geneettisesti melko vähän. Kuva: J. A. Friis, Museovirasto, suomalais-ugrilainen kuvakokoelma. CC BY 4.0.

Sukukielten puhujilla on yhteisiä geenejä vain vähän

Vaikka suomalaisten perimässä näkyy itäinen, siperialaistyyppinen komponentti, valtaosa perimästä on läntistä, eurooppalaista alkuperää. Varhaisissa geenitutkimuksissa tämä tulos oli yllätys, sillä suomalaisten – geneeneen kaikkineen – oli pitkään ajateltu olevan lähtöisin idästä, koska suomen kieli on itäistä alkuperää. Ajatus lähes myyttisestä Volgan mutkasta suomalaisten



Kuva 3.6. Suomensukuisten eli uralilaisten kielten puhuma-alueet (Rantanen et al. 2022). Kartta: Meeli Roose.

alkukotina pesiytyi muun muassa oppikirjoihin vuosikymmeniksi. Suomen sukukieliä puhutaan laajalla alueella Itämereltä aina Keski-Siperiaan saakka (kuva 3.6). Kielellinen ja geneettinen sukulaisuus eivät kuitenkaan kulje käsi kädessä, vaan kuten aiemmin mainittiin, suomalaiset muistuttavat geneeiltaan lähinnä maantieteellisiä naapureitaan: niin uralilaiskieliä (eli suomen sukukieliä) puhuvia, kuten virolaisia ja karjalaisia, kuin muihin kielikuntiin kuuluvia väestöjä, kuten ruotsalaisia.²¹²

Vastaavasti kielisukulaisemme idempänä Euraasiassa muistuttavat geneetisestisesti enemmän sikäläisiä väestöjä kuin maantieteellisesti kaukaisempia Itämeren ympäristössä asuvia uralilaiskielten puhujia.²¹³ Sama pätee eteläisimpiin uralilaiskielen puhujiin eli unkarilaisiin, jotka eivät geneeiltaan juurikaan poikkea muita kieliä puhuvista keskieurooppalaisista naapureistaan. Se että

²¹² Tambets et al. 2018

²¹³ Tambets et al. 2018

väestöjen maantieteellinen ja geneettinen etäisyys tällä tavoin korreloivat mutta geneettinen etäisyys ja kielisukulaisuus eivät niinkään, on varsin yleistä.²¹⁴ Uralilaisten kielten puhujien kohdalla tämä viittaa siihen, että nämä kielet ovat aikanaan levinneet syntysijoiltaan suhteellisen pienen ihmisjoukon mukana ja että niiden varhaiset puhujat ovat sekoittuneet nykyisillä puhuma-alueillaan varsin suureen määrään muita, aiempia asukkaita tai myöhempiä tulijoita.²¹⁵

Vaikka paikallista sekoittumista on tapahtunut paljon, uralilaisten kielten leviämisestä muuttoliikkeiden mukana kertoo useimmilla uralilaisia kieliä puhuvilla väestöillä havaittava muutaman prosentin suuruinen yhteinen siperialainen perimäkomponentti, jota naapuriväestöillä on yleensä selvästi vähemmän tai ei lainkaan.²¹⁶ Lisäksi useimmat uralilaiset väestöt jakavat Y-kromosomaalisen haploryhmän N (ks. luku 4). Koska jaettu osuus on suurempi isänpuoleisesti periytyvissä Y-kromosomeissa, kieliä levittänyt muuttoliike on saattanut olla miespainotteinen. Vaihtoehtoisesti myöhempi paikallinen sekoittuminen on voinut olla naispainotteista.²¹⁷ Jos esimerkiksi avioliittoja solmittaessa naiset ovat liikkuneet kauemmas kuin miehet, naapuriväestöt ovat alkaneet muistuttaa toisiaan enemmän mitokondrio-DNA:n ja **perimänlaajuisten** komponenttien kuin Y-kromosomien osalta.

Suomen poikki kulkee vahva geneettinen raja

Geneettinen monimuotoisuus on Suomessa jonkin verran alempi kuin esimerkiksi samankokoisissa väestöissä Keski-Euroopassa, saati sitten Pohjois-Amerikan kaltaisessa väestöjen sulatusuunissa. Siitä huolimatta suomalaiset eivät ole geneettisesti homogeenisia, vaikka usein näkee niin väitettävän. Päinvastoin maan sisäiset geneettiset erot ovat Suomessa huomattavan suuret: Itä- ja Länsi-Suomen välillä, vain muutaman sadan kilometrin matkalla, geneettinen ero on suurempi kuin esimerkiksi englantilaisten ja pohjoissaksalaisten välillä.²¹⁸ Tulos perustuu tarkasteltujen yksilöiden isovanhempien syntymäpaikkoihin ja kuvaa siis väestörakennetta noin 1800- ja 1900-luvun

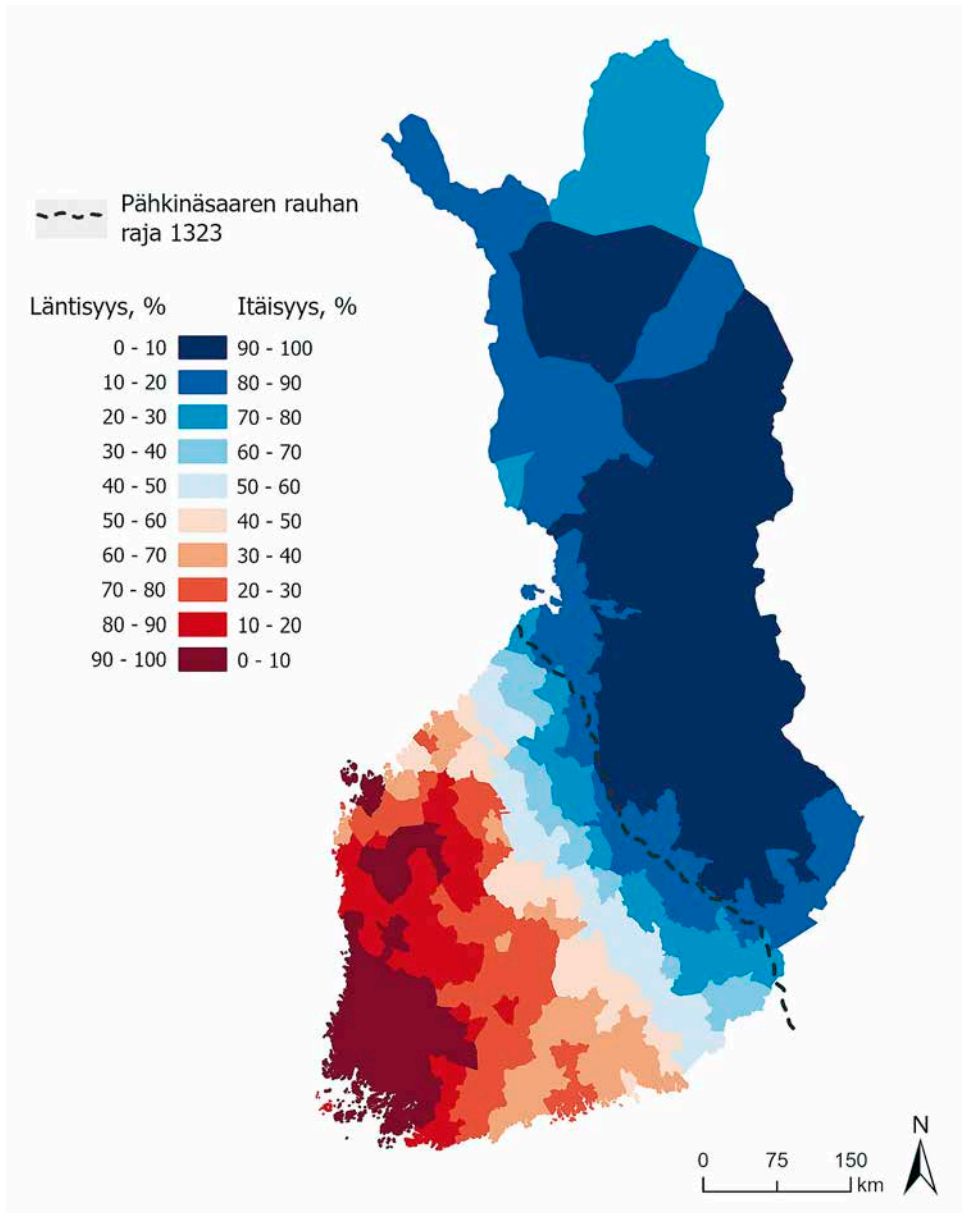
214 ks. esim. Barbieri et al. 2022

215 ks. esim. Grünthal et al. 2022

216 Tambets et al. 2018

217 Moilanen et al. 2023

218 Salmela et al. 2008



Kuva 3.7. Suomen geneettinen jakautuminen itään ja länteen. Kartassa kunnat on väritetty geneettisen itäisyytensä/läntisyytensä mukaisesti. Itäisyys ja läntisyys perustuvat analyysiin (Kerminen et al. 2021), jossa yli 18 000:lle Suomessa syntyneelle ihmiselle on ensin arvioitu geneettiset alkuperäprofiilit: miten suuri osuus kullakin heistä on itäsuomalaisia ja länsisuomalaisia vertailuyksilöitä muistuttavaa perimää. Näistä osuuksista on laskettu kuntakohtaiset keskiarvot painottaen kyseisessä kunnassa ja sen lähialueilla syntyneiden yksilöiden tuloksia. Katkoviiva kuvaa Pähkinäsaaren rauhaja tulkittua rajalinjasta (1323). Kartta: Meeli Roose.

vaihteessa. Tässäkin kyse on pitkälti geenimuotojen yleisyyseroista Itä- ja Länsi-Suomessa eikä kokonaan erilaisista geenimuodoista.

Itä- ja Länsi-Suomen geneettinen raja noudattelee löyhästi vuoden 1323 Pähkinäsaaren rauhan rajaa kulkien Viipurin itäpuolelta suunnilleen Raahen seudulle.²¹⁹ Voisikin olla täsmällisempää puhua lounais–koillis-erosta, mutta termi itä–länsi-ero on vakiintunut. Itä- ja Länsi-Suomen välinen geneettinen raja ei kuitenkaan ole veitsenterävä,²²⁰ vaan sen kohdalla on kapea vaihtumisvyöhyke (kuva 3.7). Näin selvä geneettinen ero on Euroopan mittakaavassa poikkeuksellinen, varsinkin koska raja sijaitsee paikassa, jossa ei ole vuoristoa, suurta vesistöä tai muuta itsestään selvää estettä väestön liikkumiselle.

Monet nykysuomalaisten perimän omaleimaisista piirteistä korostuvat nimenomaan itäsuomalaisessa väestössä. Itä-Suomessa geneettinen monimuotoisuus on pienempi kuin Länsi-Suomessa, ja itäisen perimän osuus on suurempi,²²¹ erityisesti Y-kromosomeissa (ks. luku 4).²²² Myös metsästäjäkeräilijöille tyypillisten mitokondrio-DNA-tyyppien osuus on korkeampi Itä-Suomessa.²²³ Kahtiajaon lisäksi Itä- ja Länsi-Suomen sisällä on monisyisempi geneettinen hienorakenne maakunnallisella tai jopa kunnallisella tasolla,²²⁴ Itä-Suomessa hieman voimakkaampana kuin lännessä. Se heijastelee jälleen pienen väkiluvun aiheuttamia satunnaisvaikutuksia ja sitä, että menneinä vuosisatoina puoliso on yleensä löydetty maantieteellisesti varsin läheltä, usein omasta tai naapurikylästä. Varsinaisia sukulaisasioliittoja on tiettävästi kuitenkin vältetty melko tarkasti.

Koska geneettinen itä–länsiraja myötäilee Pähkinäsaaren rauhan rajaa, sen on usein oletettu myös johtuvan kyseisestä rajanvedosta. Tämä lienee kuitenkin totta vain osittain,²²⁵ sillä raja ei välttämättä vaikuttanut ihmisten elämään kovin paljon.²²⁶ Sitä ei enimmäkseen merkitty maastoon eikä vartioitu, joten se ei estänyt kulkemista, kaupankäyntiä eikä muutakaan kanssakäymistä. Rajan tarkka sijainti ei myöskään ole enää tiedossa.²²⁷

219 Kerminen et al. 2017

220 Kerminen et al. 2017

221 Salmela et al. 2008

222 Lappalainen et al. 2006

223 Neuvonen et al. 2015

224 Kerminen et al. 2017; Martin et al. 2018

225 Kerminen et al. 2017

226 Katajala 2012

227 Sarviaho 2017

Myöhemmin, erityisesti 1500-luvulta alkaen, pysyvä maanviljelysasutus levittäytyi varsinkin Etelä-Savosta kohti itää ja pohjoista väestönkasvun, Ruotsin kuninkaan määräyksen ja uusien viljelymenetelmien turvin.²²⁸ Tuolloin olosuhteet olivat monella tapaa otolliset geneettiselle satunnaisajautumiselle: muuttajien määrät olivat varsin pieniä ja uudisasutus suhteellisen eristäytynyttä. Etäisempiä paikkakuntia myös asutettiin uudisasutusalueelta käsin, mikä voimisti satunnaisajautumista entisestään. Itä-Suomen alentunut geneettinen monimuotoisuus täsmää hyvin tähän kehityskulkuun.

Pelkkä satunnaisajautuminen ei kuitenkaan selitä geneettistä itä-länsieroaa, vaan eron synty on selvästi ollut monisyisempi prosessi kuin yksinomaan Pähkinäsaaren rauhaan tai savolaisten levittäytymiseen perustuvissa selitysmalleissa, eivätkä sen kaikki yksityiskohdat ole tiedossa. Alue, jolle pysyvä maanviljelysasutus levittäytyi, ei ollut autio ja tyhjä, vaan siellä asui vanhastaan saamelaiskielistä pyyntiväestöä.²²⁹ On epäselvää, missä määrin pyyntiväestö vetäytyi pohjoisemmas, tuhottiin tai sulautui levittäytyviin uudisasukkaisiin. Sulautuminen voisi selittää itäisen perimän yleisyyttä Itä-Suomessa, jota silkka satunnaisajautuminen ei ole voinut aiheuttaa.²³⁰

Geenit eivät määritä suomalaisuutta

Perimän ja erityisesti muinais-DNA:n tutkimukset ovat osoittaneet, että Suomen ja Itämeren piirin väestöhistoria on ollut dynaamisempi ja vaihtelevampi kuin aiemmin luultiin. Pohjoisetkaan väestöt eivät ole olleet niin eristyneitä kuin on kuviteltu, vaan kautta vuosituhansien väkeä on saapunut monesta ilmansuunnasta ja perimän päätyyppi on ehtinyt vaihtua moneen kertaan. Väkimäärä on kuitenkin ollut pieni, mikä on johtanut geneettiseen omaleimaisuuteen ja tuottanut jyrkän geneettisen rajan Suomen poikki. Väestön perimän muovautuminen ei myöskään ole päättynyt, vaan suomalaisten perimässä näkyvät niin esihistorialliset väestöliikkeet

²²⁸ Pitkänen 2007

²²⁹ Aikio 2012

²³⁰ Salmela et al. 2008

kuin evakoiden asuttamisen ja kaupungistumisen aiheuttamat muutokset viime vuosikymmeniltä sekä yhä enemmän myös globaalit muuttoliikkeet.²³¹

Geneettisestä väestöhistoriasta puhuttaessa on hyvä muistaa, että perimä ei tee kenestäkään suomalaista. Suurin osa tutkimusten tarkastelemista perimän eroista ei vaikuta ihmisten ominaisuuksiin, eikä perimä muutenkaan tuota eikä määrää ihmisen etnistä, kansallista tai muutakaan identiteettiä. Kun geneetikot käyttävät termejä *siperialainen* tai *eurooppalainen perimä*, kyseessä on maantieteellinen viittaus. Näin ollen *suomalaisten geenit* tarkoittavat geenimuotoja, joita nykysuomalaisilla (tai kuhunkin tutkimukseen valituilla suomalaisyksilöillä) on. Vastaavasti *saamelaistyyppinen perimä* tarkoittaa tutkituilla nykysaamelaisilla havaitun kaltaista perimää. Vaikka väestön perimän koostumus on pohjimmiltaan väestöhistorian tulos, sama väestöhistoria olisi sattuman vaikutuksesta voinut tuottaa myös varsin toisenlaisen koostumuksen. Tietyt geenit eivät liity myöskään muinaisten ihmisten elinkeinoihin muuten kuin poikkeustapauksissa. Tällaisia poikkeuksia ovat esimerkiksi karjanhoidon omaksumisen myötä yleistyneet geenimuodot, joita kantavat ihmiset pystyvät pilkkomaan laktoosia eli maitosokeria ruoansulatuksessaan vielä aikuisiällä (ks. luku 6). Muut vastaavat esimerkit ovat kuitenkin suhteellisen harvassa.

²³¹ Kerminen et al. 2021

Tutkimuskirjallisuus

- Aikio, A. (Luobbal Sámmol Sámmol Ánte) 2012. An essay on Saami ethnolinguistic prehistory. Teoksessa: Grünthal, R. & Kallio, P. (toim.) *A Linguistic Map of a Prehistoric Northern Europe*. Suomalais-Ugrilainen Seuran Toimituksia 266: 63–117. Helsinki: Suomalais-Ugrilainen Seura.
- Allentoft, M. E., Sikora, M., Fischer, A., Sjögren, K.-G., Ingason, A. et al. 2024a. 100 ancient genomes show repeated population turnovers in Neolithic Denmark. *Nature* 625, 329–337. <https://doi.org/10.1038/s41586-023-06862-3>
- Allentoft, M. E., Sikora, M., Refoyo-Martínez, A., Irving-Pease, E. K., Fischer, A. et al. 2024b. Population genomics of post-glacial western Eurasia. *Nature* 625: 301–311. <https://doi.org/10.1038/s41586-023-06865-0>
- Barbieri, C., Blasi, D. E., Arango-Isaza, E., Sotiropoulos, A. G., Hammarström, H. et al. 2022. A global analysis of matches and mismatches between human genetic and linguistic histories. *PNAS* 119(47): e2122084119. <https://doi.org/10.1073/pnas.2122084119>
- Childebayeva, A., Fricke, F., Rohrlach, A. B., Huang, L., Schiffels, S. et al. 2024. Bronze age Northern Eurasian genetics in the context of development of metallurgy and Siberian ancestry. *Communications Biology* 7(723). <https://doi.org/10.1038/s42003-024-06343-x>
- Grünthal, R., Heyd, V., Holopainen, S., Janhunen, J. A., Khanina, O. et al. 2022. Drastic demographic events triggered the Uralic spread. *Diacronica*, 39(4): 490–524. <https://doi.org/10.1075/dia.20038.gru>
- Günther, T., Malmström, H., Svensson, E. M., Omrak, A., Sánchez-Quinto, F. et al. 2018. Population genomics of Mesolithic Scandinavia: Investigating early postglacial migration routes and high-latitude adaptation. *PLoS Biology* 16(1): e2003703. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.2003703>
- Irving-Pease, E. K., Refoyo-Martínez, A., Barrie, W., Ingason, A., Pearson, A. et al. 2024. The selection landscape and genetic legacy of ancient Eurasians. *Nature* 625, 312–320. <https://doi.org/10.1038/s41586-023-06705-1>
- Jensen, T. Z. T., Niemann, J., Iversen, K. H., Fotakis, A. K., Gopalakrishnan, S. et al. 2019. A 5700 year-old human genome and oral microbiome from chewed birch pitch. *Nature Communications* 10(1): 5520. <https://doi.org/10.1038/s41467-019-13549-9>
- Kallio, P. 2015. The language contact situation in prehistoric northeastern Europe. Teoksessa: Mailhammer, R., Vennemann, T. & Olsen, B. A. (toim.) *The Linguistic Roots of Europe: Origin and Development of European Languages*. Copenhagen Studies in Indo-European 6: 77–103. Copenhagen: Museum Tusulanum Press.
- Kashuba, N., Kirdök, E., Damlien, H., Manninen, M. A., Nordqvist, B. et al. 2019. Ancient DNA from mastics solidifies connection between material culture and genetics of Mesolithic hunter-gatherers in Scandinavia. *Communications Biology* 2: 185. <https://doi.org/10.1038/s42003-019-0399-1>
- Katajala, K. 2012. Drawing Borders or Dividing Lands?: the peace treaty of 1323 between Sweden and Novgorod in a European context. *Scandinavian Journal of History* 37(1): 23–48. <https://doi.org/10.1080/03468755.2011.643543>
- Kerminen, S., Havulinna, A. S., Hellenenthal, G., Martin, A. R., Sarin, A. P. et al. 2017. Fine-scale genetic structure in Finland. *G3 Genes/Genomes/Genetics* 7(10): 3459–3468. <https://doi.org/10.1538/g3.117.300217>
- Kerminen, S., Cerioli, N., Pacauskas, D., Havulinna, A. S., Perola, M. et al. 2021. Changes in the fine-scale genetic structure of Finland through the 20th century. *PLoS Genetics* 17(3), e1009347. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1009347>
- Kılınc, G. M., Kashuba, N., Koptekin, D., Bergfeldt, N., Dönertaş, H. M. et al. 2021. Human population dynamics and *Yersinia pestis* in ancient northeast Asia. *Science Advances* 7(2): eabc4587. <https://doi.org/10.1126/sciadv.abc4587>
- Kivisild, T., Saag, L., Hui, R., Biagini, S. A., Pankratov, V. et al. 2021. Patterns of genetic connectedness between modern and medieval Estonian genomes reveal the origins of a major ancestry component of the Finnish population. *American Journal of Human Genetics* 108(9): 1792–1806. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2021.07.012>
- Krzewińska, M., Kjellström, A., Günther, T., Hedenstierna-Jonson, C., Zachrisson, T. et al. 2018. Genomic and strontium isotope variation reveal immigration patterns in a Viking Age town. *Current Biology* 28(17), 2730–2738.e10. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2018.06.053>
- Lamnidis, T. C., Majander, K., Jeong, C., Salmela, E., Wessman, A. et al. 2018. Ancient Fennoscandian genomes reveal origin and spread of Siberian ancestry in Europe. *Nature Communications* 9(1): 5018. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-07483-5>
- Lang, V. 2020. *Homo Fennicus. Itämerensuomalaisten etnohistoria*. Helsinki: Suomalaisen Kirjallisuuden Seura.
- Lao, O., Lu, T. T., Nothnagel, M., Junge, O., Freitag-Wolf, S. et al. 2008. Correlation between genetic

- and geographic structure in Europe. *Current Biology* 18(16): 1241–1248. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2008.07.049>
- Lappalainen, T., Koivumäki, S., Salmela, E., Huoponen, K., Sistonen, P. et al. 2006. Regional differences among the Finns: a Y-chromosomal perspective. *Gene* 376(2): 207–215. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2006.03.004>
- Malmström, H., Günther, T., Svensson, E. M., Juras, A., Fraser, M. et al. 2019. The genomic ancestry of the Scandinavian Battle Axe Culture people and their relation to the broader Corded Ware horizon. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 286(1912), 20191528. <https://doi.org/10.1098/rspb.2019.1528>
- Margaryan, A., Lawson, D. J., Sikora, M., Racimo, F., Rasmussen, S. et al. 2020. Population genomics of the Viking world. *Nature* 585(7825): 390–396. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2688-8>
- Martin, A. R., Karczewski, K. J., Kerminen, S., Kurki, M. I., Sarin, A. P. et al. 2018. Haplotype sharing provides insights into fine-scale population history and disease in Finland. *American Journal of Human Genetics* 102(5): 760–775. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2018.03.003>
- Mathieson, I., Alpaslan-Roodenberg, S., Posth, C., Szécsényi-Nagy, A., Rohland, N. et al. 2018. The genomic history of southeastern Europe. *Nature* 555(7695): 197–203. <https://doi.org/10.1038/nature25778>
- Mittnik, A., Wang, C. C., Pfrengle, S., Daubaras, M., Zariņa, G. et al. 2018. The genetic prehistory of the Baltic Sea region. *Nature Communications*, 9(1), 442. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-02825-9>
- Moilanen, U., Salmela, E. & Honkola, T. 2023. Families on the Move? The case of Iron Age Proto-Finnic speakers. Teoksessa: Lahelma, A., Lavento, M., Mannermaa, K., Ahola, M., Holmqvist, E., Nordqvist, K. (toim.) *Moving Northward: Professor Volker Heyd's Festschrift as he turns 60*: 311–329. Monographs of the Archaeological Society of Finland 11. Helsinki: Suomen arkeologinen seura.
- Nelis, M., Esko, T., Mägi, R., Zimprich, F., Zimprich, A. et al. 2009. Genetic structure of Europeans: a view from the North-East. *PLoS One* 4(5): e5472. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0005472>
- Neuvonen, A. M., Putkonen, M., Översti, S., Sundell, T., Onkamo, P. et al. 2015. Vestiges of an ancient border in the contemporary genetic diversity of North-Eastern Europe. *PLoS One* 10(7): e0130331. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0130331>
- Pitkänen K. 2007. Suomen väestön historialliset kehityslinjat. Teoksessa: Koskinen, S., Martelin, T., Notkola, I. L., Notkola, V., Pitkänen, K., Jalovaara, M., Mäenpää, E., Ruokolainen, A., Ryyänen, M., Söderling, I. (toim.) *Suomen väestö*: 41–75. Helsinki: Gaudeamus.
- Rantanen, T., Tolvanen, H., Roose, M., Ylikoski, J. & Vesakoski, O. 2022. Best practices for spatial language data harmonization, sharing and map creation – A case study of Uralic. *PLoS ONE* 17(6): e0269648. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0269648>
- Saag, L., Varul, L., Scheib, C. L., Stenderup, J., Allentoft, M. E. et al. 2017. Extensive farming in Estonia started through a sex-biased migration from the Steppe. *Current Biology* 27(14): 2185–2193. e6. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2017.06.022>
- Saag, L., Laneman, M., Varul, L., Malve, M., Valk, H. et al. 2019. The arrival of Siberian ancestry connecting the Eastern Baltic to Uralic speakers further east. *Current Biology* 29(10): 1701–1711. e16. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2019.04.026>
- Saag, L., Vasilyev, S. V., Varul, L., Kosorukova, N. V., Gerasimov, D. V. et al. 2021. Genetic ancestry changes in Stone to Bronze Age transition in the East European plain. *Science Advances* 7(4): eabd6535. <https://doi.org/10.1126/sciadv.abd6535>
- Salmela, E., Lappalainen, T., Fransson, I., Andersen, P. M., Dahlman-Wright, K. et al. 2008. Genome-wide analysis of single nucleotide polymorphisms uncovers population structure in Northern Europe. *PLoS One* 3(10): e3519. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0003519>
- Sarviaho, S. 2017. *Ikuinen rauha: vuoden 1323 Pähkinäsaaren rauha suomalaisessa historian tutkimuksessa ja historiakulttuurissa 1800- ja 1900-luvuilla*. Acta Universitatis Ouluensis. B 152. Oulu: Oulun yliopisto. <https://oulurepo.oulu.fi/handle/10024/36165>
- Sikora, M., Pitulko, V. V., Sousa, V. C., Allentoft, M. E., Vinner, L. et al. 2019. The population history of northeastern Siberia since the Pleistocene. *Nature* 570(7760): 182–188. <https://doi.org/10.1038/s41586-019-1279-z>
- Skoglund, P., Malmström, H., Omrak, A., Raghavan, M., Valdiosera, C. et al. 2014. Genomic diversity and admixture differs for Stone-Age Scandinavian foragers and farmers. *Science* 344(6185): 747–750. <https://doi.org/10.1126/science.1253448>
- Tambets, K., Yunusbayev, B., Hudjashov, G., Ilumäe, A. M., Rootsi, S. et al. 2018. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations. *Genome Biology* 19(1): 139. <https://doi.org/10.1186/s13059-018-1522-1>
- Zeng, T. C., Vyazov, L. A., Kim, A., Flegontov, P., Sirak, K. et al. 2023. Postglacial genomes from foragers across Northern Eurasia reveal prehistoric mobility associated with the spread of the Uralic and Yeniseian Languages. *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2023.10.01.560332>

4

Haploryhmät – äiti- ja isälinjat kaukaa menneisyydestä

Päivi Onkamo

 <https://orcid.org/0000-0002-5213-0072>

Ulla Nordfors

 <https://orcid.org/0000-0002-4213-4061>

Mitokondrio-DNA:ssa (mtDNA) ja Y-kromosomissa olevien geneettisten **markkereiden** määrittelemät **äiti-** ja **isälinjat** sekä linjoja ilmaisevat **haploryhmät** ovat olleet tärkeässä asemassa väestöjen geneettisen historian tutkimuksessa etenkin ennen **perimänlaajuisten** tutkimusten yleistymistä. Haploryhmien avulla on pyritty selvittämään muun muassa ihmisten muutoliikkeitä, **populaatioiden** koon muutoksia eri aikoina ja väestöjen välisiä historiallisia suhteita, kuten sekoittumisia.²³² Mitokondriohaploryhmät ovat olleet pisimpään saatavilla myös kaupallisissa geenitesteissä, joten geneettisen sukututkimuksen yleistymisen myötä myös suuren yleisön mielenkiinto on usein kohdistunut niihin. Ihmiset saattavat kuvailla omia ryhmiään innostuneesti ja pohtia samalla omia juuriaan ja sukuyhteyksiään: ”Minun äitilinjani on H1a7! Isoäitini isoäiti oli kotoisin Antreasta ja äidinpuolen sukulaisia asuu erityisesti Parikkalan seuduilla. Äitini serkku lähti Jyväskylään ja muutti niitä sukulaisia Kanadaankin...” Omista linjoista ollaan ylpeitä. Kuulutaan johonkin, vähän kuin ”klaaniin”, ja mikäs siinä. On hauskaa tietää lisää itsestään ja suvustaan. Tämän luvun kirjoittajatkin ovat olleet kiinnostuneita omista

232 esim. Fagundes et al. 2008; Lippold et al. 2014; Torroni et al. 2020; Fournier et al. 2023

äitilinjostaan. Meistä toinen tuntee oman äitilinjansa lisäksi isänäitinsä äitilinjän: ne ovat läntisiin haploryhmiin luettavat H1f ja U5b1b1a,²³³ jotka molemmat ovat suomalaisilla melko yleisiä. Toisen kirjoittajan äitilinja puolestaan osoittautui hieman erikoiseksi: R2b on Suomessa harvinainen. Sen lähimmät esiintymät löytyvät Puolasta, mutta suurin osa tähän äitilinjaan kuuluvista asuu Keski-Aasiasta Saudi-Arabiaan kulkevalla vyöhykkeellä.

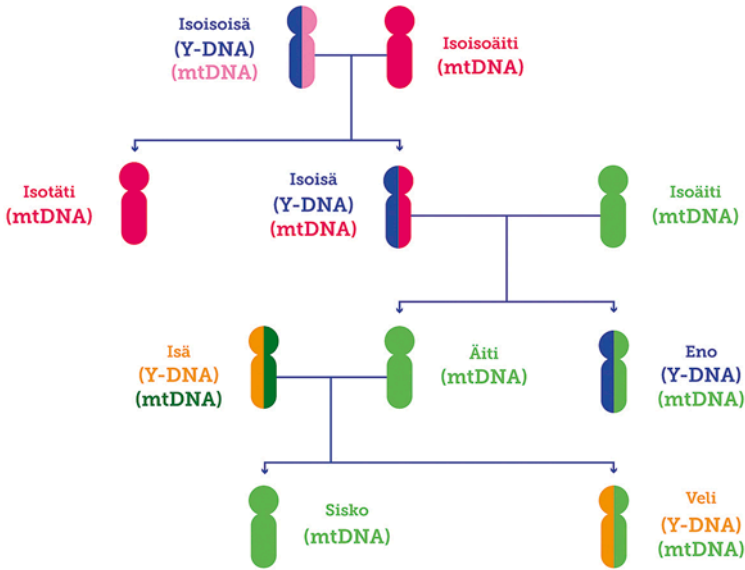
Mitä geneettiset äiti- ja isälinjat oikeastaan ovat?

Äitilinjat perustuvat **mitokondrion genomiin**. Ihmisen jokaisessa solussa on pieniä solunsisäisiä soluelimiä, **organelleja**, joista mitokondriot toimivat solujen energiatehtaina tuottamalla energia-ainevaihduntaan oleellisesti kuuluvia proteiineja ja RNA-molekyylejä. Mitokondrioilla on oma lyhyt DNA-rihmansa eli **mitokondriogenomi** (mtDNA). Se on pituudeltaan yhteensä 16 569 emäsparia, joista muodostuu 37 geeniä. Mitokondriot periytyvät aina äidiltä jälkeläiselle, ja samalla periytyy myös mitokondrion genomi. Kun äiti on saanut oman mtDNA:nsa omalta äidiltään ja tämä omaltaan, syntyy loputon ketju, jota kutsutaan äitilinjaksi. Mitokondriohaplotyyppit periytyvät sekä tyttärille että pojille, mutta ainoastaan naiset siirtävät linjaansa eteenpäin lapsilleen (kuva 4.1).

Y-kromosomihaploryhmät eli isälinjat puolestaan perustuvat Y-kromosomissa esiintyviin **mutaatioihin**. Y-kromosomi kuuluu **sukupuolikromosomeihin**, joita ihmisellä on kaksi erilaista, X ja Y. Biologisesti naisilla on yleensä sukupuolikromosomiyhdistelmä XX ja miehillä XY. Vaikka Y-kromosomi on 58 miljoonaa emäsparia pitkä, sisältää se yhteensä vain parisataa geeniä. Moni Y-kromosomin geneistä liittyy miehen hedelmällisyyteen, ja mutaatiot niissä saattavat johtaa lisääntymisongelmiin. Sukupuolen kehittymiseen liittyen oleellisin on **SRY**-geeni (kuva 4.2): se käynnistää sikiössä miessukupuolisen kehityksen. Koska naisilla ei joitain harvinaisia oireyhtymiä lukuun ottamatta esiinny Y-kromosomia,²³⁴ periytyy Y-DNA aina isältä

²³³ Achilli et al. 2004; Kristjansson et al. 2022

²³⁴ Swyerin oireyhtymässä henkilöllä on kromosomit XY, mutta naistyyppinen vartalo. Sukurauhaset eivät kuitenkaan kehity hormoneja tuottaviksi munasarjoiksi, ja myös kohdun kehityksessä voi olla häiriöitä. Oireyhtymä johtuu mutaatiosta Y-kromosomin SRY-geenissä.



Kuva 4.1. Mitokondriohaploryhmät periytyvät suorissa naislinjoissa ja Y-kromosomihaploryhmät suorissa mieslinjoissa, mistä syystä niitä kutsutaan äiti- ja isälinjoiksi. Miehet perivät oman linjansa äidiltään, eivätkä siirrä äitilinjaansa eteenpäin. Naisilta puuttuu Y-kromosomi, minkä vuoksi naisilla ei ole Y-kromosomihaploryhmääkään. Kuva: KMG Turku.



Kuva 4.2. Ihmisen genomi. Y-kromosomissa sijaitseva SRY-geeni käynnistää sikiössä miessukupuolisen kehityksen. Kuva: KMG Turku.

pojille, jotka edelleen siirtävät linjaansa miespuolisille jälkeläisilleen suorissa mieslinjoissa (kuva 4.1).

Jokaisen ihmisen mtDNA on periaatteessa identtinen biologisen äidin mtDNA:n kanssa, ja biologisilla miehillä Y-kromosomi biologisen isän Y:n kanssa. Silloin tällöin ituradassa (solunjakautumisten sarja munasolusta aikuisen yksilön sukusoluihin ja seuraavaan sukupolveen) kuitenkin tapahtuu pienenpieni mutaatio: yksi emäspari jossakin kohtaa mtDNA:ta

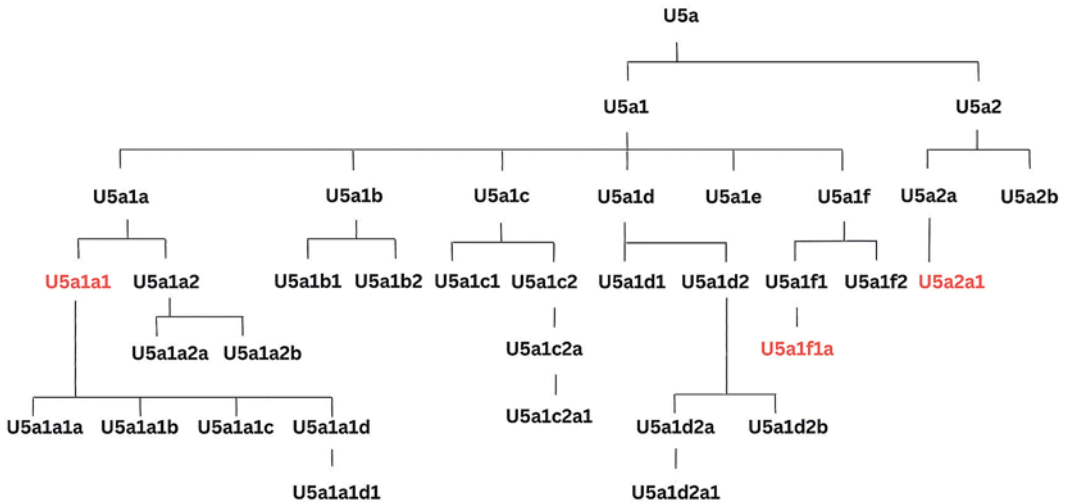
tai Y-kromosomia vaihtuu toiseksi. Nämä mutaatiot ovat yleensä neutraaleja, eli niillä ei ole vaikutusta yksilön ominaisuuksiin. Kymmenien sukupolvien kuluessa mtDNA:n ja Y-kromosomin emäsjärjestykseen kerääntyä useita pieniä mutaatioita, jolloin **sekvenssit** vähitellen muuntuvat hieman toisistaan poikkeaviksi versioiksi. Näitä versioita kutsutaan haploryhmiiksi. Haploryhmät on nimetty alun perin löytämisen mukaisessa aakkosjärjestyksessä, ja kun pääryhmien (A, B, C ja niin edelleen) sisältä on löydetty lisää variaatiota, on otettu käyttöön täsmentäviä alanumeroita (esimerkiksi A1) ja kirjaimia (esimerkiksi A1a). Kun edetään tarpeeksi pitkälle alaryhmiin, puhutaan **haplotyypeistä**.

Olemassa olevien haploryhmien yleisyyksistä ja niiden sisäisen muuntelun määrästä on mahdollista laskea taaksepäin, milloin linja on syntynyt, milloin se on runsastunut tai millainen väestökoko tietyllä alueella muinoin on vallinnut. Kun ihmiskunnan nykyistä mtDNA- tai Y-kromosomuuntelua tarkastellaan taaksepäin satojatuhansia vuosia, päädytään yhteen ainoaan esi-äidin ja -isän sekvenssiin, josta koko nykyinen variaatio on peräisin. Puhutaan mitokondriaalisesta Eevasta, joka eli noin 200 000 vuotta sitten ja Y-kromosomaalisesta Aatamista, joka tuoreimpien arvioiden mukaan eli noin 240–580 000 vuotta sitten.²³⁵ Tämä ei kuitenkaan tarkoita, että tuolloin olisi ollut olemassa vain yksi nainen tai yksi mies, vaan että aikakaudelta on säilynyt ainoastaan yksi katkeamaton äitien ja isien linja tähän päivään asti. Toisin sanoen mitokondriaalinen Eeva ja Aatami tarkoittavat kaikkien nykyään elävien ihmisten viimeisintä tunnettua yhteistä esivanhempaa suorassa äiti- ja isälinjassa.

Haploryhmien ja -tyyppien määrittäminen ja nimeäminen

MtDNA on lyhyt, ja siksi sen **sekvensointi** on nykyisin helppoa, nopeaa ja edullista. Toisin sanoen henkilön koko mtDNA-sekvenssi on mahdollista saada kerralla selville. Monet kaupalliset toimijat tarjoavat tällaisia testejä kuluttajille markkinoimalla niitä sukututkimuksen työvälineinä ja henkilökohtaisen historian avaajana. Aiemmin, kun tällainen läpisekvensointi

²³⁵ Cann et al. 1987; Mendez et al. 2013



Kuva 4.3. Esimerkki haploryhmäpuusta, jossa näkyy mitokondriohaploryhmän U5a haarautumisen alahaploryhmiksi. Kaavio ei ole täydellinen, eikä sisällä kaikkia alahaploryhmiä. Punaisella merkityt sisaryhmiä on löytynyt myös Suomen muinaisaineistosta (ks. taulukko 4.1). Kuva: Ulla Nordfors.

ei vielä ollut mahdollista, käytettiin äitilinjojen määrittämiseen mtDNA:n perimäaineksessa olevia yksittäisiä kohtia, jotka vaihtelevat yksilöiden ja linjojen välillä. Näiden markkereiden avulla linjat pystyttiin määrittämään siedettävällä tarkkuudella. MtDNA-linjojen nimeämiskäytännöt periytyvät tuolta ajalta. Kuten jo aiemmin mainittiin, ensimmäisenä löydetty variantit saivat nimensä aakkosten mukaan: A, B, C ja niin edelleen.²³⁶ Kun ryhmille alkoi löytyä alavariantteja, eli sellaisia linjoja, joissa oli tietyt mutaatiot päävarianttiin nähden, lisättiin ensimmäisen kirjaimen perään numero: $A \rightarrow A_1$ ja sitten taas kirjain $A_1 \rightarrow A_1A$.²³⁷ Mitä useampia yksilöitä on sekvensoitu – nykyisin jo kymmeniä, ellei satoja tuhansia – sitä useampia linjoja on löytynyt ja siten alaryhmille alaryhmiä (kuva 4.3). Esimerkiksi ryhmää U5b1b1a esiintyy lähinnä Suomessa, jossa sen yleisyys on nykyään noin yksi prosentti (arkeologisista yksilöistä ks. taulukko 4.1).

Useimmat mtDNA-haploryhmät ovat kuitenkin edelleen melko yksinkertaisia, kuten alussa mainittu Hra7 tai R2b. Niidenkin alla on variaatiota, mutta niitä ei ole vielä jaettu yhteisellä sopimuksella useammaksi

²³⁶ Torroni et al. 1992

²³⁷ Kivisild et al. 2006

alaryhmäksi. Standardoitua nimeämistä on vuodesta 2008 päivitetty *PhyloTree*-tietokantaan.²³⁸

Y-kromosomin tilanne on hieman erilainen kuin mtDNA:lla, mitä tulee haploryhmien ja -tyyppien määrittämiseen. Y-kromosomissa on 58 miljoonaa emäsparia, eli se sisältää periaatteessa yhtä monta mahdollisesti varioivaa kohtaa. Tämä on huomattavasti enemmän verrattuna mtDNA:n 16 569:ään emäspariin. Y-kromosomia ei edelleenkään rutiininomaisesti sekvensoida läpi, sillä se on liian iso, ja variaatiota on liikaa. Alun perin Y-kromosomistakin tyydyttiin **genotyypittämään** muutamia tunnettuja markkereita, joiden perusteella haploryhmät nimettiin. Kuten mtDNA:n tapauksessa, myös Y-kromosomissa päähaploryhmät on nimetty aakkosilla, jatkettu numeroilla ja taas kirjaimilla ja niin edelleen. Genomitutkimuksen edistyessä – varsinkin ihmisen genomien läpisekvensoinnin jälkeen 2010-luvulla – markkereita on tunnistettu lisää. Y-kromosomin haplotyyppien ja -ryhmien **nomenklatuura** on kuitenkin ammattilaisellekin kimurantti. Käytössä on useampi toisistaan eroava tapa, kuten ISOGGilla ja Yfullilla.²³⁹ Tästä syystä joka kerta haplotyypeistä ja -ryhmistä puhuttaessa tai kirjoitettaessa täytyy tarkistaa, mitä nimeämiskäytäntöä puhuja tai kirjoittaja käyttää. Esimerkiksi N1a on toisessa nomenklatuurassa N1c ja kolmannessa N3. Tässä tekstissä pitäydytään Yfullin nomenklatuurassa.

Pääsääntöisesti mitä uudempi Y-haplotyyppitesti on, sitä enemmän markkereita ja näin ollen tarkempi alahaploryhmän määrittäminen. Populaatiogeneettisissä tutkimuksissa voidaan Y-kromosomista sekvensoida läpi 10 miljoonaa emäsparia, ja tällä päästään erittäin tarkkaan **fylogeneettiseen puuhun**. Käytännössä tällöin lähes jokaisella on oma ”yksityinen” Y-kromosominsa. Kaupalliset tuottajat tarjoavat sukututkijoille esimerkiksi sadan tai joskus 700 markkerin testejä. Näiden tarkkuus on jo aivan riittävä selvittämään sitä, millä alueella suoran isälinjaisen esi-isän jälkeläisiä on elänyt, mikä näin ollen saattaa kertoa myös yhteisen esi-isän mahdollisesti eläneen samalla alueella.

²³⁸ van Oven & Kayser 2009; <https://www.phylotree.org>

²³⁹ <https://isogg.org> ja <https://www.yfull.com>

Suomalaisten äiti- ja isälinjat

Äitilinjat ovat jossain määrin maantieteellisesti ryvästyneitä, koska tietyllä alueella eläneen haploryhmän edustajan naispuoleiset jälkeläiset ja heidän jälkeläisensä ovat enimmäkseen pysyneet samalla alueella tai sen läheisyydessä. Kun ajassa siirrytään riittävästi eteenpäin, on syntynyt alahaploryhmiä, jotka vuorostaan keskittyvät lähialueille. Esimerkiksi mitokondriohaploryhmä H1a7 on syntynyt ryhmästä H1a, joka puolestaan on syntynyt H1r:stä ja se taas H:sta, joka lienee syntynyt Lähi-Idässä 20–25 000 vuotta sitten.²⁴⁰ Nykyisin H1a7-haploryhmää tavataan Ruotsissa, Suomessa, Virossa, Puolassa ja Venäjällä. Sitä on löytynyt Suomessa myös kahdelta arkeologiselta yksilöltä 1200–1400-luvuilta: Hiitolan Kalmistomäestä ja Mikkelin Tuukkalasta.²⁴¹

Pääpiirteissään nykysuomalaisten äitilinjat ovat melko samanlaisia kuin muuallakin Euroopassa. Samat päähaploryhmät, kuten H, I, J, K, T, U, V, W ja X, löytyvät Suomesta jopa miltei samoissa suhteissa kuin muualtakin. Yleisesti ottaen Suomessa esiintyy kuitenkin muuhun Eurooppaan verrattuna jonkin verran enemmän varhaisiin kivikautisiin metsästäjä-keräilijäväestöihin liitetyn U:n alaryhmiä U5a ja U5b. U5b:n alaryhmissä on muun muassa saamelaisille ja suomalaisille ominaisena pidetty U5b1b.

Mielenkiintoista kyllä, nykysuomalaisilla on useimmista eurooppalaisista haploryhmistä paikallisia alaryhmiä, jotka ovat melkein tai kokonaan vain suomalaisille ominaisia: esimerkiksi H1a2, H1f1, K1c1c, U5b1b2 ja W1a.²⁴² Tämä tarkoittaa sitä, että monet äitilinjat ovat ehkä saapuneet Suomen alueelle jo pidemmän aikaa sitten, ja niillä on ollut aikaa kehittyä omanlaisikseen varianteiksi, jotka eroavat eurooppalaisista sisarryhmistään. Arvioiden mukaan useimpien tällaisten suomalaisille tyypillisten linjojen ikä on noin 2 000–4 000 vuotta. Tämä sopisi hyvin ajatukseen siitä, että näiden linjojen **kantamuodot** ovat saapuneet meille Euroopasta jo kauan sitten, ja eristäytyneessä sekä **populaatiopullonkauloja** läpikäyneessä väestössä ovat säilyneet vain tietyt alatyypit muiden hävitessä.²⁴³ Pullonkaulalla

²⁴⁰ Achilli et al. 2004

²⁴¹ Översti et al. 2019

²⁴² Översti et al. 2017, table 3

²⁴³ esim. Sajantila et al. 1996

tarkoitetaan väestömäärän merkittävää ja mahdollisesti äkillistä pienene- mistä. Se voi johtua jostakin katastrofaalisesta tapahtumasta tai ympäristö- paineesta, esimerkiksi epidemiasta, elinympäristön muutoksesta tai ihmisen aiheuttamasta tekijästä, kuten väkivaltaisesta yhteentotosta. Pullonkaulan seurauksena populaation **geneettinen monimuotoisuus** vähenee huomatta- vasti, koska vain pieni osa yksilöistä jää henkiin ja pääsee lisääntymään ja siirtämään geeninsä seuraavalle sukupolvelle. Samalla populaatiopullon- kaula lisää tiettyjen haploryhmien esiintymistiheyttä väestössä ja samalla hävittää toisia.

Tähän mennessä Suomesta on onnistuneesti sekvensoitu yli sadan mui- naisen yksilön äitilinjat (taulukko 4.1).²⁴⁴ Ne ovat pääpiirteissään melko samat kuin nykyisinkin Suomessa esiintyvät, mutta ajallisesti ja paikalli- sesti äitilinjoissa on hyvinkin paljon – ja yllättävää – vaihtelua (ks. myös kuva 4.4). Esimerkiksi 1100–1200-luvun Hollolan Kirkkailanmäessä on huomattavan paljon varhaisiin metsästäjä-keräilijäväestöihin liitettyjä U-haploryhmiä, ja toisaalta keskiaikaisessa Hiitolan Kalmistomäessä var- haisille eurooppalaisille maanviljelijöille tyypillisiä haploryhmiä (H, T, J, W).²⁴⁵ Vaikuttaa siltä, että rautakaudella Lounais-Suomessa niin sanotut metsästäjä-keräilijätyypiset haploryhmät ovat olleet yleisempiä kuin niin sanotut viljelijätyypiset. Nykyään asia on päinvastoin: lounaassa vallit- sevat viljelijätyypiset haploryhmät, idässä ja pohjoisessa osassa Suomea metsästäjä-keräilijä-tyypiset.²⁴⁶

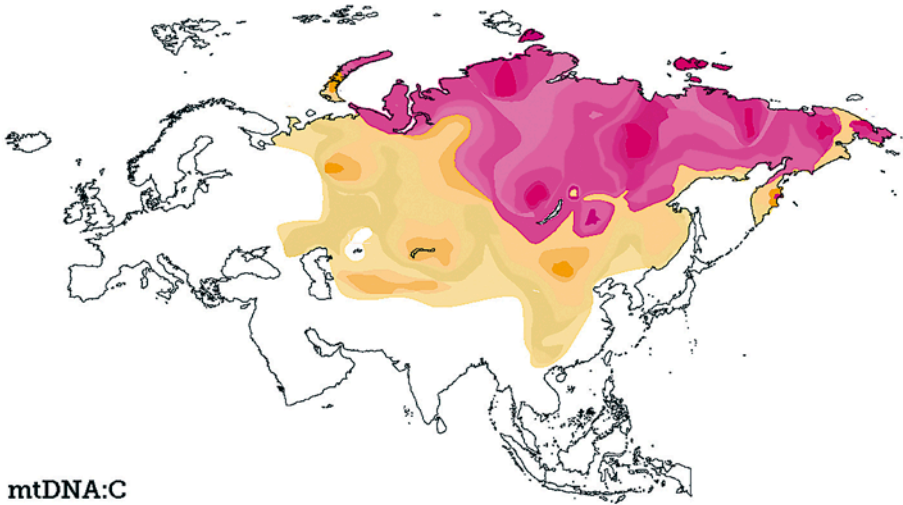
Rautakauden ja keskiajan kontekstissa metsästäjä-keräilijä- ja viljelijä- tyypisistä haploryhmistä puhuminen voi kuitenkin olla jossain määrin harhaanjohtavaa. Nimitykset on otettu käyttöön kivikauden populaatio- tutkimusten yhteydessä, ja ensiksi mainitulla viitataan sellaisiin äiti- tai isälinjoihin, jotka olivat yleisiä Euroopan varhaisissa mesoliittisissa (noin 15 000–5 000 eaa.) metsästäjä-keräilijäyhteisöissä, kun taas jälkimmäiset viittaavat niihin linjoihin, jotka runsastuivat Manner-Euroopassa maan- viljelyksen levitessä alueelle kivikauden lopulla (6 000–3 000 eaa.)²⁴⁷ (ks. luku 3). Osa Euroopan varhaisten metsästäjä-keräilijöiden haploryhmistä

244 Översti et al. 2019; McColl et al. 2024; Nordors et al. *tulossa*; Peltola et al. *tulossa*

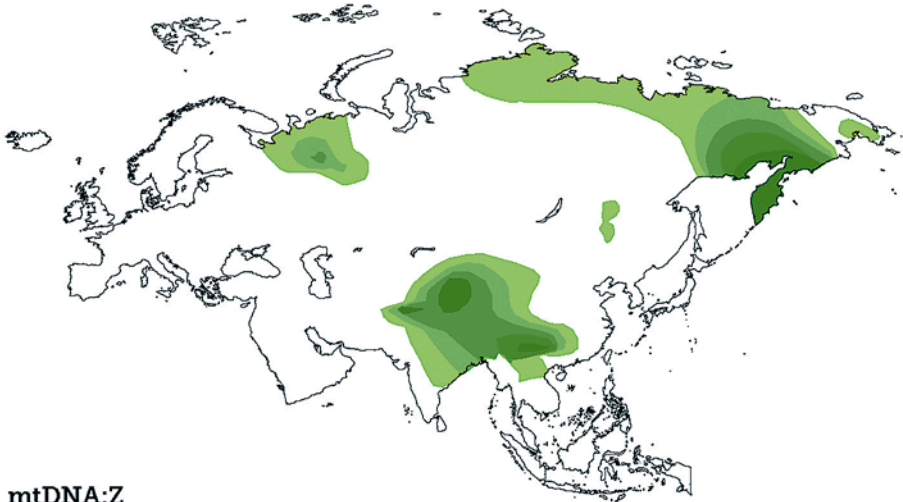
245 Översti et al. 2019

246 Neuvonen et al. 2015

247 Aikakausien kronologiat vaihtelevat maantieteellisen sijainnin mukaan. Esimer- kiksi Suomen alueella kivikausi päättyy myöhemmin kuin Etelä-Euroopassa.



mtDNA:C



mtDNA:Z

Kuva 4.4. Mitokondriohaploryhmien C ja Z nykyinen maantieteellinen levintä. Mitä tummempi väri, sitä yleisempi linja on alueella. Kuten kartoista näkyy, kumpikaan linja ei ole erityisen yleinen Suomessa. Haminan Rykmentinkentältä löytnyt linja C4a1a1 on peräisin ortodoksiselta hautausmaalta (Översti et al. 2019), johon on haudattu 1700–1800-lukujen konfliktien venäläissotilaita. Haploryhmää Z esiintyy väritettyjen alueiden ulkopuolella satunnaisesti. Z1a-ryhmää esiintyy Kuolan niemimaalla 3 500 vuotta sitten (Der Sarkissian et al. 2013), ja ryhmän alahaploryyppiä Z1a1a on löytynyt Tampereen Vilusenharjun ja Pälkäneen Ristiänmäen ristiretkiaikaisista (1050–1200 jaa.) kalmistoista. Vilusenharjun ja Ristiänmäen vainajat ovat olleet läheistä sukua keskenään. Kuvat: KMG Turku.

on kuitenkin säilynyt Euroopassa tuhansien vuosien ajan nykypäivään saakka.²⁴⁸ Esimerkiksi nykyisaamelaisilla ja -suomalaisilla suhteellisen yleistä haploryhmää U5b1b esiintyy hajanaisesti eri puolilla Eurooppaa ja Pohjois-Afrikkaa.²⁴⁹ Tämä tarkoittaa sitä, että tietyllä kivikautisella naisella, joka kuului samaan haploryhmään, on ollut vuosituhansien ajan jälkeläisiä suorasti alenevassa tyttärinlinjassa. Kaikki nämä naiset ja heidän tyttärensä ovat olleet äitejä eri aikakausilla: kivi-, pronssi- ja rautakaudella, keskiajalla ja historiallisella ajalla. He ovat eläneet kaikkina niinä vuosituhansina, joiden aikana tapahtui erilaisia elinkeinojen, kulttuurien ja kielten muutoksia aina teollistumiseen ja kaupungistumiseen asti.

Haploryhmät eivät kerro, mihin aikakauteen tai kulttuuriin yksittäinen ihminen kuuluu, tai minkälaiden muuttoliikkeiden mukana eri haploryhmiin kuuluneet ihmiset kulkivat historian kuluessa, eivätkä metsästäjä-keräilijätyyppisen haploryhmän edustajat säilyttäneet metsästäjä-keräilijöiden elämäntapaa läpi vuosituhansien. Arkeogenetiikassa muinais-DNA-tulokset onkin aina asetettava laajempaan historialliseen ja arkeologiseen kontekstiin, jotta virheellisiä johtopäätöksiä voidaan välttää. Käytännössä tämä tarkoittaa sitä, että Hiitolan Kalmistomäen H-haploryhmään kuuluvat henkilöt eivät pelkästään haploryhmän perusteella olleet maanviljelijöitä, eikä U-ryhmä tee Hollolan Kirkkailanmäkeen haudatuista haploryhmän kantajista metsästyksellä tai kalastuksella eläneen väestön edustajia. Esimerkiksi Baltiassa äitilinja H on havaittu erällä yli 6 000 vuotta sitten eläneellä yksilöllä, jonka koko perimästä puuttuvat varhaisiin viljelijöihin yhdistetyt perimäkomponentit.²⁵⁰ DNA-analysien sijasta elinkeinoja ja ruokavalioita voidaan selvittää muun muassa vainajien hampaista ja luista tehtävillä stabiili-isotooppianalyysillä tai hammaskivestä tehtävillä proteiinitutkimuksilla (ks. luku 11). Maanviljelyksen historiaa tutkitaan myös arkeologisilta kohteilta löytyvistä kasvien jäänteistä (ks. luku 9). Arkeologisen löytöaineiston ja luonnontieteellisten tutkimusten perusteella tiedetäänkin, että sekä Kirkkailanmäkeä että Kalmistomäkeä käyttäneet yhteisöt ovat harjoittaneet maanviljelystä.

²⁴⁸ esim. Brunel et al. 2020; Rusu et al. 2018; Palencia-Madrid et al. 2017.

²⁴⁹ Achilli et al. 2005

²⁵⁰ Mittnik et al. 2018

Taulukko 4.1. Taulukkoon on kerätty Suomesta löytyneiden arkeologisten yksilöiden äitilinoja (Översti et al. 2019; McColl et al. 2024; Saari 2022; Nordfors et al. (tulossa); Peltola et al. (tulossa)). Raision Kansakoulunmäen yksilöt (*) ovat keskenään ensimmäisen asteen sukulaisia, samoin Tampereen Vilusenharjun ja Pälkäneen Ristiänmäen yksilöt (**).

Äitilinja	Löytöpaikka	Ajoitus jaa.	Äitilinja	Löytöpaikka	Ajoitus jaa.
A12a	Raisio Kansakoulunmäki	1100–1200	H11a1	Mikkeli Tuukkala	1200–1400
C4a1a1	Hamina Rykmentinkenttä	1700–1800		Pälkäne Rauniokirkko	1800-luku
D5a3a1a	Mikkeli Tuukkala	1320–1450	H12a	Hamina Rykmentinkenttä	1700–1800
H1+16189	Eura Luistari	1182–1285	H13a1a1d	Pälkäne Ristiänmäki	1100–1200
	Isokyrö Levänluhta	428–637		Porvoo Tuomiokirkko	1670→
	Pälkäne Rauniokirkko	1485–1795	H24a	Mikkeli Tuukkala	1268–1380
H1a	Valkeakoski Toppolanmäki	1100–1200	H27a	Mikkeli Tuukkala	1200–1400
H1a2	Hiitola Kalmistomäki	1323–1427		Raisio Kansakoulunmäki*	1100–1200-luku
H1a3c	Porvoo Tuomiokirkko	1300–1700		Raisio Kansakoulunmäki*	1100–1200-luku
H1a5	Hamina Rykmentinkenttä	1700–1800	H28a	Rengon kirkko	1500–1800
H1a7	Hiitola Kalmistomäki	1050–1265	H49	Rengon kirkko	1500–1800
	Mikkeli Tuukkala	1200–1400	H85	Hollola Kirkkailanmäki	1185–1285
H1a8a	Hiitola Kalmistomäki	1200–1500		Hollola Kirkkailanmäki	1050–1300
	Mikkeli Tuukkala	1200–1400	J1c	Valkeakoski Toppolanmäki	1050–1150
H1ap1	Hiitola Kalmistomäki	1220–1300	J1c2	Porvoo Tuomiokirkko	1300–1700
H1as2	Hamina Rykmentinkenttä	1700–1800		Rengon kirkko	1500–1800
H1b	Eura Luistari	710–967	J1c2c	Tampere Vilusenharju	1100–1200
H1b2	Hiitola Kalmistomäki	1200–1500		Hattula Ruskeenkärki	900-luku
H1bc	Pälkäne Ristiänmäki	1100–1200	J1c2c1	Mikkeli Tuukkala	1200–1400
H1c	Isokyrö Levänluhta	300–800		Turku Pyhän hengen kappeli	1550–1650
H1c3	Pälkäne Rauniokirkko	1700-luku?	J1c7a	Mikkeli Tuukkala	1415–1610
H1c9	Hiitola Kalmistomäki	1295–1397	J1c8a	Isokyrö Levänluhta	400–700
	Eura Luistari	721–962	K1a2c	Hiitola Kalmistomäki	1427–1461
H1c13	Hollola Kirkkailanmäki	895–1155	K1a4a1a2b	Pälkäne Rauniokirkko	1200-luku
H1f1	Hollola Kirkkailanmäki	1050–1300	K1a4a1b	Isokyrö Levänluhta	346–538
	Mikkeli Tuukkala	1200–1400	T1a1	Raisio Kansakoulunmäki	1200-luku
	Pälkäne Rauniokirkko	1200-luku	T1a1+@152	Isokyrö Levänluhta	300–800
H1n	Valkeakoski Toppolanmäki	1100–1200	T1b1	Porvoo Tuomiokirkko	1514→
H1n4	Hamina Rykmentinkenttä	1700–1800	T2b	Hamina Rykmentinkenttä	1700–1800
	Pälkäne Rauniokirkko	1600-luku		Pälkäne Rauniokirkko	1295–1410
H2a1	Pälkäne Rauniokirkko	1325–1460		Turku Pyhän hengen kappeli	1550–1650
	Turku Pyhän hengen kappeli	1550–1650	T2b23	Porvoo Tuomiokirkko	1685–1930
H2a1c	Hollola Kirkkailanmäki	1220–1290		Porvoo Tuomiokirkko	1523→
H2a1d	Pälkäne Rauniokirkko	1700-luku	T2b36	Eura Luistari	903–1153
H2a2a1b	Hiitola Kalmistomäki	1200–1500	T2c1d1	Hamina Rykmentinkenttä	1700–1800
H3h1	Raisio Kansakoulunmäki	1000–1100	U1b2	Hiitola Kalmistomäki	1295–1415
H3h5	Eura Luistari	687–940		Hiitola Kalmistomäki	1305–1435
H5b2	Raisio Kansakoulunmäki	1200-luku	U2e2a1a	Eura Luistari	893–1021
H6a1a2a	Pälkäne Ristiänmäki	1100–1200	U4a2	Hollola Kirkkailanmäki	1025–1160
H10a	Rengon kirkko	1685→		Rengon kirkko	1415–1465
H10e	Mikkeli Tuukkala (2 yksilöä)	1200–1400	U4b1b1	Hollola Kirkkailanmäki	1040–1257
H10g	Hamina Rykmentinkenttä	1700–1800	U4b1b1a	Eura Luistari	1030–1204
	Hiitola Kalmistomäki	1045–1260	U4b1b1b	Hollola Kirkkailanmäki	1050–1300
	Mikkeli Tuukkala	1200–1400			

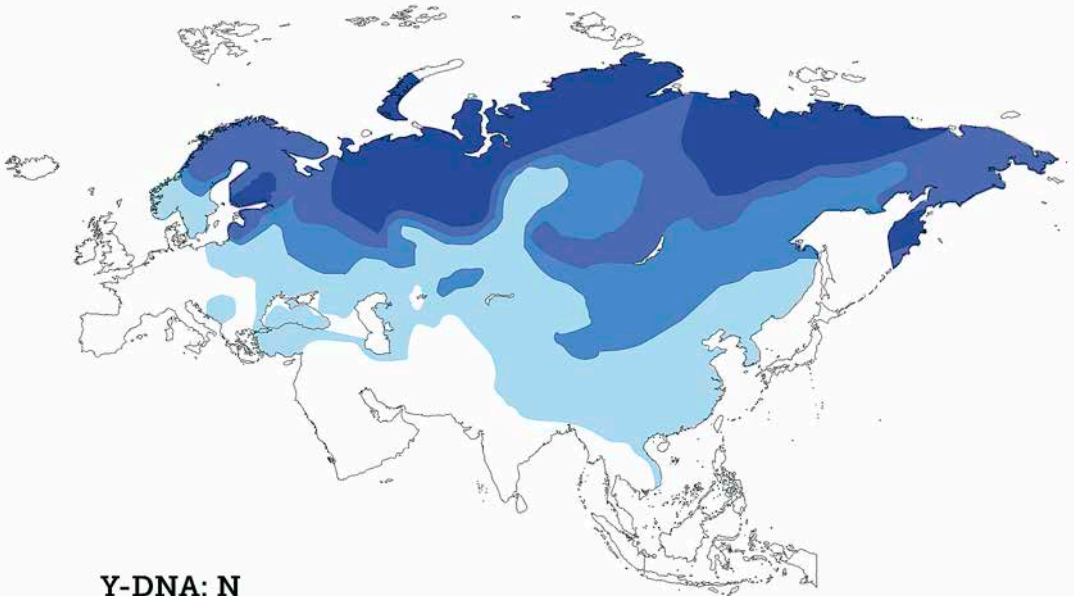
Äitilinja	Löytöpaikka	Ajoitus jaa.	Äitilinja	Löytöpaikka	Ajoitus jaa.
U4d1	Eura Luistari	1169–1274	U5b1b1g1	Hollola Kirkkailanmäki	1045–1220
U4d1a1a	Hollola Kirkkailanmäki	907–1154	U5b1b2	Hollola Kirkkailanmäki	970–1150
	Rengon kirkko	1655→		Pälkäne Rauniokirkko	1500-luku
U5a1a1	Isokyrö Levänluhta	395–545	U5b2a1a+16311	Eura Luistari	1158–1261
	Isokyrö Levänluhta	300–800	U5b2a1a1d	Hollola Kirkkailanmäki	1035–1245
U5a1b1h	Hollola Kirkkailanmäki	1315–1450	U5b2a1a2	Rengon kirkko	1500–1800
	Pälkäne Rauniokirkko	1800-luku	U5b2a5	Isokyrö Levänluhta	300–800
U5a1f1a	Vöyri Käldämäki	420–620	U5b2b1a1	Pälkäne Rauniokirkko	1420–1620
U5a2a1	Isokyrö Levänluhta	300–800	U8a1a1b1	Porvoo Tuomiokirkko	1529→
U5a2a1a	Mikkeli Tuukkala	1200–1400	U8b1a2b	Mikkeli Tuukkala	1200–1400
U5a2a1b	Hamina Rykmentinkenttä	1700–1800	V	Kuusamo Lehtoniemi	1500–1600
U5a2a1e	Hollola Kirkkailanmäki	890–1115	V7a	Hollola Kirkkailanmäki	1050–1300
	Hollola Kirkkailanmäki	1050–1300	V7a1	Mikkeli Tuukkala	1200–1400
U5a2a2a	Mikkeli Tuukkala	1275–1395	W1e1	Eura Luistari	1042–1248
	Pälkäne Rauniokirkko	1200-luku	W6	Hiitola Kalmistomäki	1265–1390
U5b1	Raisio Kansakoulunmäki	1000–1100		Hiitola Kalmistomäki	1200–1500
U5b1b1a	Isokyrö Levänluhta	300–800		Hiitola Kalmistomäki	1220–1385
	Mikkeli Tuukkala	1200–1400	X2c1	Mikkeli Tuukkala	1200–1400
U5b1b1a1	Isokyrö Levänluhta	590–765	Z1a1a	Pälkäne Ristiinmäki**	1100–1200
U5b1b1a1a	Isokyrö Levänluhta	300–800		Tampere Vilusenharju**	1100–1200
	Pälkäne Rauniokirkko	1200-luku			
U5b1b1a1b	Isokyrö Levänluhta	300–800			

Isälinjojen kokoelma on nykysuomalaisilla melko omintakeinen: Siinä missä mannereurooppalaisten ehdottomasti yleisimmät Y-kromosomihaploryhmät ovat R1a (Itä-Eurooppa) ja R1b (Länsi-Eurooppa), Suomessa isälinjainen valtahaploryhmä on N1c, joka on yleisin haploryhmä myös suuressa osassa pohjoista Euraasiaa. Skandinavian yleisin isälinja I1 on Suomessa toiseksi yleisin; sitä esiintyy Länsi-Suomessa selvästi enemmän kuin Itä-Suomessa, joskin ainoastaan paikoittain Länsi-Suomessa N1c:tä yleisempänä.²⁵¹ N1c on selvästi yleisempi maan itäosissa kuin lännessä: siinä missä osissa Itä-Suomea yli 2/3 miehistä kantaa sitä, on yleisyys Länsi-Suomessa paikoin alle 40 prosenttia.²⁵² Ero selittyy oletettavasti ryhmien saapumissuunnalla. I1 on lähtöisin länneestä, kun taas N1c on alun perin Keski-Aasiasta, josta se on levinnyt länteen, itään ja pohjoiseen (kuva 4.5). Suomeen N1c:n alaryhmät ovat mahdollisesti saapuneet kahta eri reittiä: idästä Karjalan ja etelästä Viron suunnasta.²⁵³

251 Lappalainen et al. 2009; Lappalainen et al. 2006

252 Lappalainen et al. 2006

253 Preussner et al. 2024



Y-DNA: N

Kuva 4.5. Monella haploryhmällä on selkeä maantieteellinen jakauma. Kuvassa Y-kromosomihaploryhmä N:n levintä, joka kattaa pohjoisen Euraasian. Ryhmä on syntynyt Aasiassa, josta se levittäytyi länteen todennäköisesti pronssikaudella. Nyky-Suomessa N-haploryhmää esiintyy Itä-Suomessa enemmän kuin Länsi-Suomessa. Syynä on pidetty ryhmän pääasiallista leviämissuuntaa. Kuva: KMG Turku.

Kovinkaan montaa muinaista isälinjaa ei ole Suomesta vielä julkaistu. Alustavasti näyttää kuitenkin siltä, että I1-ryhmää esiintyy arkeologisilla yksilöillä etenkin nykyisen Pirkanmaan alueella (taulukko 4.2). Osa Suomesta löytyneistä arkeologisista yksilöistä kuuluu puolestaan nyky-Suomessa erittäin yleiseen N-ryhmään. N-ryhmän edustajia on löytynyt myös Lounais-Suomesta, jossa skandinaavinen vaikutus on ollut pitkään suurinta. Toistaiseksi julkaisemattomien tutkimustulostemme mukaan N-ryhmää on löytynyt Suomesta jo varhaiselta rautakaudelta. Kuolan niemimaalta ryhmän veljeslinjaa on puolestaan havaittu pronssikautisesta aineistosta, joka ajoittuu noin 3 500 vuoden taakse.²⁵⁴

²⁵⁴ Lamnidis et al. 2018

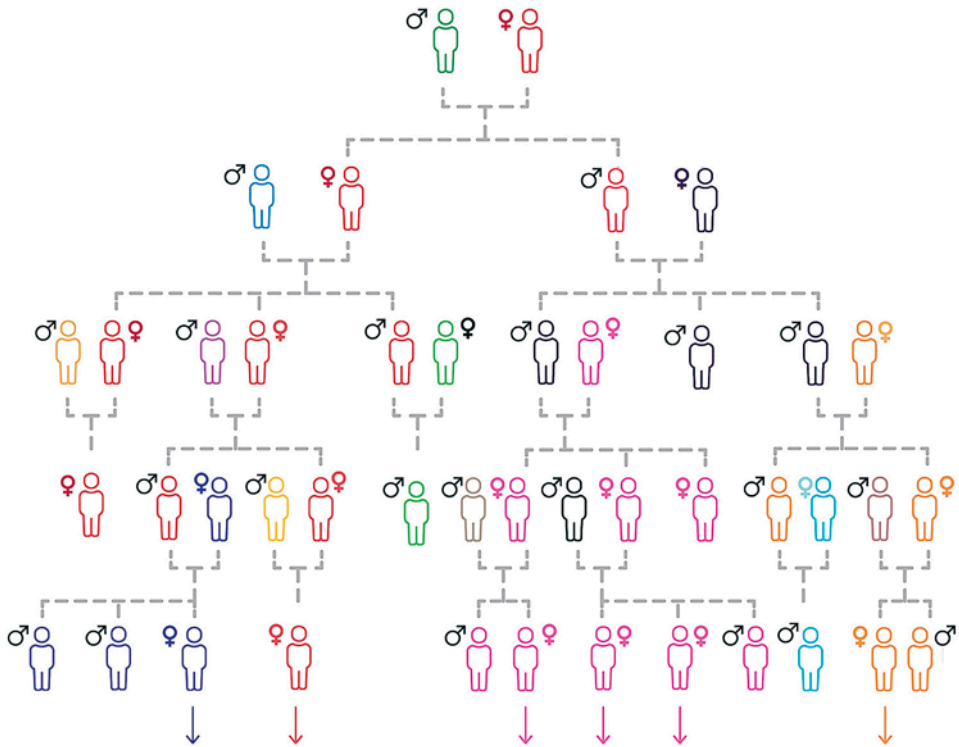
Taulukko 4.2. Suomesta löytyneiden arkeologisten yksilöiden Y-kromosomihaploryhmiä (Saari 2022; Nordfors et al. 2025; Nordfors et al. (tulossa), Peltola et al. (tulossa)).

Isälinja ISOGG	Isälinja YFull	Löytöpaikka	Ajoitus jaa.
I1a	I-Z2886	Valkeakoski Kokkomäki	1100–1200
I1a1b1a	I-Y3549	Pälkäne Rauniokirkko	1500-luku
I1a1b1a4a	I-L287	Pälkäne Rauniokirkko	-
I1a1b1a4a1	I-CTS2208	Pälkäne Ristiänmäki	1100–1200
I1a1b1a4a1a	I-Y57630	Pälkäne Rauniokirkko	1200-luku
I1a2a1a1a2b	I-Y1843	Pälkäne Rauniokirkko	1800-luku
N1a	N-L729	Pälkäne Rauniokirkko	1200-luku
N1a1a1a1a	N-L1026	Raisio Kansakoulunmäki	1200-luku
N1a1a1a1a2	N-Z1936	Raisio Kansakoulunmäki	1100–1200
N1a1a1a1a1a2a	N-Y5001	Eura Luistari	1100-luku
N1a1a1a1a1a2a1a	N-Y5005	Tampere Vilusenharju	1100–1200
N1a1a1a1a2a1a1a1	N-Z19813	Kuusamo Lehtoniemi	1500–1600
		Valkeakoski Toppolanmäki	1050–1150
N1a1a1a1a2a1a1a1b	N-Z4878	Valkeakoski Toppolanmäki	1100–1200
R1a1a1	R-M417	Pälkäne Rauniokirkko	1700-luku
R1a1a1b1a1a1a2d	R-YP351	Pälkäne Rauniokirkko	1800-luku

Menestyksekkäät äiti- ja isälinjat

Äiti- ja isälinjat ovat kuin loputtomasti haarautuvia puita (kuva 4.3), joiden oksista jotkut runsastuvat ja kasvavat suuriksi, kun taas toiset kuolevat pois. Runsastumista tapahtuu, kun joku tietty esi-isä tai -äiti on saanut useita samaa sukupuolta olevia jälkeläisiä ja nämä taas paljon samaa sukupuolta olevia jälkeläisiä. On myös mahdollista, että kukaan linjan edustaja ei ole saanut samaa sukupuolta olevia jälkeläisiä, jotka olisivat jatkaneet linjaa eteenpäin (kuva 4.6).

Osa linjojen runsastumisista selittyy menneisyyden väestöjen koon vaihteluilla, mutta myös muinaiset ja historialliset muuttoliikkeet näkyvät haploryhmien nykyisissä maantieteellisissä jakaumissa. Tässä kohtaa biologia ja sosiaalinen ympäristö kulttuureineen kohtaavat: miksi jotkut linjat ovat hyvin yleisiä juuri tietyissä maantieteellisissä paikoissa? Kysymystä voidaan tarkastella esimerkiksi Y-kromosomaalisten valtahaploryhmien avulla: Länsi-Euroopassa yleisin haploryhmä on R1b, Itä-Euroopassa R1a, Skandinaviassa I1 ja Koillis-Euroopassa N.



Kuva 4.6. Yksinkertaistettu kaavio äitilinjien periytymisestä ja sattuman vaikutuksesta linjojen yleistymiseen ja häviämiseen. Äitilinjat periytyvät äidiltä tyttärille ja pojille, mutta vain tyttäret siirtävät linjaansa eteenpäin. Kuvassa violetti ja turkoosi sekä vihreät linjat häviävät naispuolisten jälkeläisten puuttuessa, sillä sukuun on syntynyt vain poikia. Sen sijaan punainen, sininen, vaaleanpunainen ja oranssi linjat jatkuvat naispuolisten jälkeläisten kautta (nuolet). Alarivissä vaaleanpunainen linja on muita yleisempi, koska ryhmän kantajille on sattunut syntymään paljon tyttäriä. Kuva: Ulla Nordfors.

Kivi- ja pronssikauden taitteessa noin 4 500 vuotta sitten Euroopassa tapahtui kulttuurisia ja kielellisiä muutoksia, jotka liittyvät karjankasvatuksen, maanviljelyn ja **sedentaarisen** asutuksen vakiintumiseen. Samaan aikaan alueella nähdään muinais-DNA-tutkimusten perusteella laajoja väestöliikkeitä. Nämä on yhdistetty muun muassa indoeurooppalaisten kielten leviämiseen Eurooppaan idästä (ks. luku 13), mutta väestöliikkeet saivat aikaan myös nopeita ja merkittäviä geneettisiä muutoksia – jopa vain muutaman sukupolven aikana.²⁵⁵ Haploryhmien R1b ja R1a yleistyminen

255 esim. Haak et al. 2015; Saag et al. 2021; Allentoft et al. 2024

on liitetty tähän aikakauteen, ja osissa Eurooppaa nämä isälinjat korvaavat alueella aiemmin esiintyneet linjat lähes kokonaan.²⁵⁶ On esitetty, että muutokset eivät kaikkialla tapahtuneet yksinomaan rauhanomaisesti, sillä ajanjaksolta tunnetaan joitakin todisteita väkivaltaisista yhteenotoista ja epidemioista (ks. luku 7).²⁵⁷ Toisaalta tulkintoja muutosten dramaattisuudesta on myös kritisoitu,²⁵⁸ ja tiettyjen Y-kromosomilinjojen runsastuminen on yhdistetty **patrilokaalisen** asumismuodon yleistymiseen.²⁵⁹ Patrilokaalisissa yhteisöissä suku- ja perintöjärjestelmä perustuu usein isän kautta kulkeviin sukulinjoihin, ja avioparit asettuvat asumaan aviomiehen isän taloon. Koska tällaisessa asumismuodossa tilat pysyvät samaan isänpuoleiseen sukuun kuuluvilla miehillä, yleistyy heidän Y-kromosomihaploryhmänsä alueella muiden ryhmien kustannuksella.

Skandinaviassa valtahaploryhmä on I1, joka oli vielä kivikaudella alueella suhteellisen harvinainen.²⁶⁰ Haploryhmän runsastuminen tapahtui vasta skandinaavisen pronssikauden (n. 1700–500 eaa.) aikana.²⁶¹ Silloin metallurgian kehittyminen, karjankasvatuksen ja viljelyn yleistymisen sekä laajat kauppa- ja allianssiverkostot synnyttivät nykyisen Tanskan ja Etelä-Ruotsin alueelle uudenlaisen sosiaalisen järjestyksen ja eliitin, joka osoitti valtaansa muun muassa rakennuttamalla massiivisia hautakumpuja sekä käyttämällä kultaisia ja pronssisia ylellisyysesineitä.²⁶² Myöhemmät rautakauden väestöliikkeet kansainvaellusajalla (n. 400–600 jaa.), viikinkien retket (n. 800–900 jaa.) sekä myöhemmät historialliset muuttoliikkeet levittivät I1-linjaa muun muassa Brittein saarille, Ukrainaan sekä mahdollisesti myös Suomeen ja Viroon.²⁶³

Suomen valtahaploryhmä N on yleinen paitsi Suomessa myös muilla uralilaisilla kielillä puhuvilla nykyväestöillä unkarilaisia lukuun ottamatta.²⁶⁴

256 esim. Haak et al. 2015; Saag et al. 2021

257 Allentoft et al. 2024; Fibiger et al. 2023

258 Hofman 2019: 134

259 Guyon et al. 2024

260 Allentoft et al. 2015

261 Allentoft et al. 2024

262 esim. Vandkilde 2010; Kristiansen & Larsson 2005

263 Capelli et al. 2003; Margaryan et al. 2020

264 Ilumäe 2019; Ilumäe et al. 2016. Haploryhmä N ei kuitenkaan ole rajoittunut vain uralilaiskielten puhuma-alueille. Sitä esiintyy myös Kiinassa, Mongoliassa ja Itä-Siperiassa, jossa puhutaan muun muassa samojedikieliä, tunguusikieliä ja turkkilaiseen kielikuntaan kuuluvia kieliä. Jaetusta haploryhmästä huolimatta nämä väestöt eivät kuitenkaan ole geneettisesti kovinkaan läheistä sukua lännempänä sijaitsevien uralilaisten kielten puhujille.



Kuva 4.7. Pronssikautisen kirveen valinmuotti Suomussalmen Maikonsärkältä. Muotti ja sillä valettu pronssikirves ovat tyylliltään samanlaisia, joita käytettiin Keski-Venäjältä nykyisen Suomen ja Ruotsin alueelle ulottuvalla alueella. Pronssikauden laajoissa verkostoissa liikkui näin esineet, pronssivaluun liittyvä tietotaito kuin geenitkin. Liikkuvat ihmisryhmät eivät kuitenkaan korvanneet aikaisempia väestöjä vaan sulautuivat niiden osaksi. Kuva: Museovirasto, arkeologian kuvakokoelma. CC BY 4.0.

Monilla näillä väestöillä on geneettisiä yhteyksiä, jotka näkyvät niin **autosomaalisessa** (genominlaajuisissa) aineistoissa kuin Y-kromosomeissakin, mutta vain vähän mitokondriogenomeissa.²⁶⁵ Kaikki uralilaisia kieliä puhuvat väestöt jakavat tietynlaista siperialaista geeniperimää, toiset enemmän ja toiset vähemmän (ks. luku 3). Esimerkiksi yhteinen isälinja, Y-kromosomin haploryhmä N, selittyy kielenpuhujien yhteisellä geneettisellä historialla. Muinais-DNA-tutkimuksen mukaan N-haploryhmän Y-kromosomit näyttävät kulkevan yhdessä halki Aasian alkaen Jakutiasta noin 4 500 vuotta sitten. N-linjan leviäminen Euraasian pohjoisosista länteen on liitetty niin sanottuun Seima-Turbino-ilmiöön (n. 2300–1700 eaa.), jolla tarkoitetaan useisiin arkeologisiin kulttuureihin kuuluvien ryhmien muodostamia pronssiteknologian ja -esineiden välitysverkostoja (kuva 4.7).²⁶⁶ Vaikuttaa siltä, että näihin kontaktiverkostoihin kuului N-haploryhmän miehiä, jotka saivat poikia ja nämä edelleen poikia, jotka edelleen onnistuivat siirtämään linjaansa miespuolisille jälkeläisille. Näin haploryhmä pääsi levittäytymään laajalle.

N-haploryhmän levittäytyminen osuu myös hyvin yhteen uralilaisen kieliperheen leviämisen ajankohtien ja suuntien kanssa.²⁶⁷ Uralilaisia kieliä puhuvien väestöjen muinaisista isälinjoista ei kuitenkaan ole vielä julkaistu

²⁶⁵ Tambets et al. 2018

²⁶⁶ Childebayeva et al. 2024

²⁶⁷ Childebayeva et al. 2024

kovin monia tutkimuksia, joten yksityiskohdat leviämisen vaiheista ovat suurelta osin vielä tuntemattomia. Se kuitenkin tiedetään, että Viroon Nrc-linja näyttäisi saapuneen pronssi- ja rautakauden taitteessa, muutamia satoja vuosia ennen ajanlaskun alkua.²⁶⁸ Tämä saattaa liittyä itämerensuomalaisista kieltä puhuneen ja niin kutsuttuja tarhakalmistoja rakentaneen väestön saapumiseen alueelle.²⁶⁹ N-linjan alaryhmissä on kuitenkin runsaasti variaatiota eri alueilla,²⁷⁰ myös Suomen sisällä. Tämä viittaa siihen, että linjan leviämisessä ei ole välttämättä kyse yksittäisestä tapahtumasta vaan linja on levinnyt myös Suomen alueelle useissa eri aalloissa ja eri suunnista. Suomen sisällä Nrc jakautuu alaryhmiin, jotka tunnetaan koillisessa yleisenä ”savolaisena” ja etelämpänä yleisenä ”karjalaisena” ryhmänä. Näiden ryhmien erkaantuminen toisistaan on mahdollisesti tapahtunut jossakin Suomen itäisellä lähialueella pronssikaudella noin 3000 vuotta sitten.²⁷¹ Lounais-Suomessa esiintyy myös Nrc:n Virossa yleistä alaryhmää, mikä kertonee osan N-linjasta saapuneen maahan etelän kautta.²⁷²

Miksi sitten jotkut linjat valikoituvat niin, että aikojen kuluessa osa linjoista sammuu ja joistakin uusista linjoista tulee vuorollaan hyvin yleisiä? Eri haploryhmiin ei yleensä kohdistu **luonnonvalintaa** eli ilmiötä, jossa jokin linja olisi tiettyssä ympäristössä ollut biologisista syistä toisia parempi. Niiden kantajat ovat saattaneet kuulua sosiaalisesti ja kulttuurisesti menestyksellisiin ihmisryhmiin, jolloin heidän äiti- ja isälinjansa ovat päässeet runsastumaan. Runsastumisen historiallinen konteksti voi liittyä myös populaatiopullonkaulaan, jossa väestön määrä vähenee voimakkaasti. Yksi tällainen pullonkaula Suomessa on ehkä tapahtunut kivikauden lopussa.²⁷³ Sen selitykseksi on arveltu muun muassa ilmastonmuutosta tai varhaista ruttoepidemiaa.²⁷⁴ Toisaalta myös edellä mainitut rauhaisemmat prosessit, kuten erilaiset sukulaisuusjärjestelmät ja niihin liittyvät asumismuodot voivat vaikuttaa haploryhmien runsastumiseen tai vähenemiseen. Merkittävin selitys tiettyjen äiti- ja isälinjojen runsastumiselle on kuitenkin sattuma (kuva 4.6).²⁷⁵

268 Kivisild et al. 2021

269 Saag et al. 2019

270 Derenko et al. 2007

271 Preussner et al. 2024

272 Preussner et al. 2024

273 Sajantila et al. 1996; Sundell et al. 2010; Sundell et al. 2014

274 Lavento 2015; Saipio 2022

275 esim. Sundell 2016

Äiti- ja isälinjojen henkilökohtainen merkitys

Mikä on äiti- ja isälinjojen merkitys yksittäisille ihmisille, esimerkiksi sukututkijalle? Kuinka paljon haploryhmät kertovat yksilön geneettisestä alkuperästä? Nimensä mukaisesti äitilinja kertoo biologisilta äideiltä tytärille periytyneen mitokondrio-DNA:n haploryhmän ja isälinja isiltä pojille periytyneen Y-kromosomin haploryhmän. Kukin äiti- ja isälinja kertoo kuitenkin vain yhden pienen geneettisen tekijän matkasta läpi historian. Ihmisen genomi koostuu kolmesta miljardista emäsparista ja 23 kromosomiparista, joiden jokaisen historia on keskenään hiukan erilainen. Jokainen perimän osa on päätynyt juuri sinun genomiisi äidiltäsi ja isältäsi ja heidän vanhemmiltaan hieman eri reittejä (ks. luku 4). Tähän kaikkeen muuhun geneettiseen materiaaliin verrattuna yksittäinen äiti- tai isälinja kertoo vain hyvin vähän. Kummassakaan, Y-kromosomissa tai mtDNA:ssa, ei ole montaakaan geeniä, joten ne eivät juurikaan ole vaikuttaneet sinun tai esiäitiasi ja -isiesi ulkonäköön tai muihin ominaisuuksiin. Ei myöskään ole mitään erityisen kunniakasta isä- tai äitilinjaa, joka olisi muita parempi, vaan kaikki haploryhmät ovat biologisesti keskenään tasavertaisia.

Sanoina ja käsitteinä *äiti* ja *isä* sisältävät kuitenkin runsaasti tunnemerikyyksiä. Monille ei ole yhdentekevää, mistä oma äiti, hänen äitinsä tai tämän äiti olivat kotoisin. Esivanhempien elämän pohtiminen herättää myös kysymyksiä. Millainen oli esimerkiksi varhaisten esiäitien historia ja elämä? Millaisia arki ja kulttuuri olivat silloin, kun nämä kaukaiset äidit elivät ja kasvattivat lapsiaan? Jokainen nainen suorassa esiäitien linjassa on saanut ainakin yhden tyttären, joka on saanut taas tyttären ja niin edelleen, sinuun asti. Ovatko lapset jääneet samalle seudulle asumaan ja perheellistymään, vai ovatko he mahdollisesti muuttaneet kauas? Vaikka äitilinjojen jatkuminen on tulosta useista sattumista, on kiehtovaa ajatella, että tällainen äitien jatkumo on olemassa kauas historiaan asti.

Kaupallisia geenitestejä käyttäville ihmisille haploryhmät saattavat kuitenkin tarjota yhteenkuuluvuuden tunteita, joiden perusteet ovat lähinnä kuviteltuja. Menneisyyden ihmiset eivät tienneet mitään geneistä tai haploryhmistä, eikä edes muinaisen yksilön kanssa jaettu haplotyyppi välttämättä tarkoita sitä, että kyseinen yksilö olisi suora esi-isä tai -äiti (ks. luku 5). Todennäköisemmin yhteinen haploryhmä tarkoittaa yhteistä esi-

vanhempaa kaukaisemmassa historiassa, ja tästä haarautuneet linjat ovat voineet olla olleet erilliset jopa tuhansia vuosia. Luvun alussa mainittiin, että toisen kirjoittajan oma haploryhmä on R2b. Tätä ryhmää on löytynyt 10 000 vuoden takaisesta Ganj Darehista Iranista.²⁷⁶ Paikka tunnetaan ensimmäisistä **domestikoiduista** vuohista. Ganj Darehin naiset eivät ole välttämättä kirjoittajan suoria esiäitejä – ehkä jotakin sisarlinjaa – mutta silti mielikuvitusta kutkuttelee ajatus kaikesta siitä, mitä tuossa välissä on tapahtunut. Mitä reittejä omat esiäidit ovatkaan kulkeneet ja milloin he ovat päätyneet kaukaiseen Keski-Suomeen saakka?

Monien mieltä kiehtovien kysymysten keskellä on kuitenkin oltava realistinen. Esivanhempien elämään ovat eniten vaikuttaneet kunkin ajankohdan ja seudun kulttuuri, elinolosuhteet sekä henkilöiden sosiaalinen ja ekonominen asema, eikä biologisella isä- ja äitilinjalla ole käytännössä ollut merkitystä – ellei harvinaisia mitokondriaalisia tai Y-kromosomaalisia sairauksia tai erityisominaisuuksia oteta huomioon.²⁷⁷ Suurempi merkitys on ollut sukuun – ei kuitenkaan välttämättä biologiseen – ja yhteisöön kuulumisella sekä sillä, mikä on ollut suvun asema ja vauraus ja niistä seuranneet mahdollisuudet elämässä.

²⁷⁶ Zeng et al. 2023

²⁷⁷ Esimerkiksi Leberin perinnöllinen optinen neuropatia (LHON) (Poulton et al. 2017; Gorman et al. 2016). Kyseessä on näköhermon toimintahäiriö, joka voi johtaa äkilliseen näön menetykseen 18–30 vuoden iässä. Koska sairaus periytyy mtDNA:ssa, siirtävät mutaatiota kantavat naiset sen kaikille lapsilleen. Sairaus ei kuitenkaan kehity kaikille kantajille, vaan noin 50 %:lle miespuolisista ja noin 10 %:lle naispuolisista kantajista (Man et al. 2004). Vaikka LHON periytyy mtDNA:ssa, se ei ole kytköksissä mihinkään tiettyyn haploryhmään tai -tyyppiin, vaan sitä on löydetty eri haploryhmiin kuuluvilta henkilöiltä (Man et al. 2004).

Tutkimuskirjallisuus

- Achilli, A., Rengo, C., Battaglia, V., Pala, M., Olivieri, A. et al. 2005. Saami and Berbers—An Unexpected Mitochondrial DNA Link. *American Journal of Human Genetics* 2005 May; 76(5): 883–886. <https://doi.org/10.1086/430073>
- Achilli A, Rengo C, Magri C, Battaglia V, Olivieri A et al. 2004. The Molecular dissection of mtDNA haplogroup H confirms that the Franco-Cantabrian glacial refuge was a major source for the European gene pool. *American Journal of Human Genetics* 75(5): 910–8. <https://doi.org/10.1086/425590>
- Allentoft, M. E., Sikora, M., Fischer, A., Sjögren, K.-G., Ingason, A. et al. 2024. 100 ancient genomes show repeated population turnovers in Neolithic Denmark. *Nature* 625: 329–337. <https://doi.org/10.1038/s41586-023-06862-3>
- Allentoft, M. E., Sikora, M., Sjögren, K. G., Rasmussen, S., Stenderup, J. et al. 2015. Population genomics of Bronze Age Eurasia. *Nature* 522: 167–172. <https://doi.org/10.1038/nature14507>
- Brunel, S., Bennett, E. A., Cardin, L., Garraud, D., Barrand Emam, H. et al. 2020. Ancient genomes from present-day France unveil 7,000 years of its demographic history. *PNAS* 26(117): 12791–12798. <https://doi.org/10.1073/pnas.1918034117>
- Cann, R., Stoneking, M. & Wilson, A. 1987. Mitochondrial DNA and human evolution. *Nature* 325, 31–36. <https://doi.org/10.1038/325031a0>
- Capelli, C., Readhead, N., Abernethy, J. K., Gratrix, F., Wilson, J. F. et al. 2003. A Y chromosome census of the British Isles. *Current Biology* 13(11): P979–984. [https://doi.org/10.1016/S0960-9822\(03\)00373-7](https://doi.org/10.1016/S0960-9822(03)00373-7)
- Childebayeva, A., Fricke, F., Rohrlach, A. B., Huang, L., Schiffels, S. et al. 2024. Bronze age Northern Eurasian genetics in the context of development of metallurgy and Siberian ancestry. *Communications Biology* 7(723). <https://doi.org/10.1038/s42003-024-06343-x>
- Derenko, M., Malyarchuk, B., Denisova, G., Wozniak, M., Grzybowski, T. et al. 2007. Y-chromosome haplogroup N dispersals from south Siberia to Europe. *Journal of Human Genetics* 52: 763–770. <https://doi.org/10.1007/s10038-007-0179-5>
- Der Sarkissian, C., Balanovsky, O., Brandt, G., Khartanovich, V. Buzhilova, A. et al. 2013. Ancient DNA Reveals Prehistoric Gene-Flow from Siberia in the Complex Human Population History of North East Europe. *PLoS Genetics*. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1003296>
- Fagundes, N. J. R., Kanitz, R., Eckert, R., Valls, A. C. S., Bogo, M. R. et al. 2008. Mitochondrial population genomics supports a single Pre-Clovis origin with a coastal route for the peopling of the Americas. *The American Journal of Human Genetics* 82(3): 583–592. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2007.11.013>
- Fibiger, L., Ahlström, T., Meyer, C. & Smith, M. 2023. Conflict, violence, and warfare among early farmers in Northwestern Europe. *PNAS* 17(120): (4)e2209481119. <https://doi.org/10.1073/pnas.2209481111>
- Fournier, R., Tsangalidou, Z., Reich, D. & Palamara, P.F. 2023. Haplotype-based inference of recent effective population size in modern and ancient DNA samples. *Nature Communications* 14: 7945, <https://doi.org/10.1038/s41467-023-43522-6>
- Gorman, G., Chinnery, P., DiMauro, S., Hirano, M., Koga, Y. et al. 2024. Mitochondrial diseases. *Nature Reviews Disease Primers* 2: 16080. <https://doi.org/10.1038/nrdp.2016.80>
- Guyon, L., Guez, J., Toupance, B., Heyer, E. & Chaix, R. 2024. Patrilineal segmentary systems provide a peaceful explanation for the post-Neolithic Y-chromosome bottleneck. *Nature Communications* 15: 3243. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-47618-5>
- Haak, W., Lazaridis, I., Patterson, N., Rohland, N., Mallick, S. et al. 2015. Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. *Nature* 522: 207–211. <https://doi.org/10.1038/nature14317>
- Hofman, D. 2019. Commentary. Archaeology, archaeogenetics and theory challenges and convergences. *Current Swedish Archeology* 27: 133–140. <https://doi.org/10.37718/CSA.2019.07>
- Ilumäe, A.-M. 2019. *Genetic history of the Uralic-speaking peoples as seen through the paternal haplogroup N and autosomal variation of northern Eurasians*. Dissertationes Biologicae Universitatis Tartuensis 364. Tartu: University of Tartu Press.
- Ilumäe, A. M., Reidla, M., Chukhryaeva, M., Järve, M., Post, H., et al. 2016. Human Y chromosome haplogroup N: A non-trivial time-resolved phylogeography that cuts across language families. *American Journal of Human Genetics* 7;99(1): 163–173. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2016.05.025>

- Kivisild, T., Metspalu, M., Bandelt, H.-J., Richards, M. & Villems, R. 2006. The world MtDNA phylogeny. Teoksessa: Bandelt, H.-J., Macaulay, V. & Richards, M. (toim.) *Human mitochondrial DNA and the evolution of Homo Sapiens*. Berlin: Springer.
- Kivisild, T., Saag, L., Hui, R., Biagini, S. A., Pankratov, V. et al. 2021. Patterns of genetic connectedness between modern and medieval Estonian genomes reveal the origins of a major ancestry component of the Finnish population. *The American Journal of Human Genetics* 108(9): 1792–1806. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2021.07.012>
- Kristiansen, K. & Larsson, T. B. 2005. *The rise of Bronze Age society travels, transmissions and transformations*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Kristjansson, D., Bohlin, J., Nguyen, T. T., Jugessur, A. & Schurr, T. G. 2022. Evolution and dispersal of mitochondrial DNA haplogroup U5 in Northern Europe: insights from an unsupervised learning approach to phylogeography. *BMC Genomics* 23(354). <https://doi.org/10.1186/s12864-022-08572-y>
- Lamnidis, T. C., Majander, K., Jeong, C., Salmela, E., Wessman, A. et al. 2018. Ancient Fennoscandian genomes reveal origin and spread of Siberian ancestry in Europe. *Nature Communications* 9(1): 5018. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-07483-5>
- Lappalainen, T., Hannelius, U., Salmela, E., Von Döbeln, C. M., Lindgren, K. et al. 2009. Population structure in contemporary Sweden—A Y-Chromosomal and mitochondrial DNA analysis. *Annals of Human Genetics* 2009: 61–73. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.2008.00487.x>
- Lappalainen, T., Koivumäki, S., Salmela, E., Huoponen, K., Sistonen, P. et al. 2006. Regional differences among the Finns: a Y-chromosomal perspective. *Gene* 376(2): 207–215. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2006.03.004>
- Lavento, M. 2015. Pronssi- ja varhaismetallikausi. Teoksessa: Haggrén, G., Halinen, P. Lavento, M., Lavento, R. & Wessman, A. (toim.) *Muinaisuuemme jäljet. Suomen esi- ja varhaishistoria kivikaudelta keskiajalle*: 125–214. Helsinki: Gaudeamus.
- Lippold, S., Xu, H., Ko, A., Li, M., Renaud, G. et al. 2014. Human paternal and maternal demographic histories: insights from high-resolution Y chromosome and mtDNA sequences. *Investigative Genetics* 5(13). <https://doi.org/10.1186/2041-2223-5-13>
- Man, P. Y. W., Howell, N., Mackey, N. D. A., Nørby, S., Rosenberg, T. et al. 2004. Mitochondrial DNA haplogroup distribution within Leber hereditary optic neuropathy pedigrees. *Journal of Medical Genetics* 2004;41:e41. <https://doi.org/10.1136/jmg.2003.011247>
- Margaryan, A., Lawson, D. J., Sikora, M., Racimo, F., Rasmussen, S. et al. 2020. Population genomics of the Viking world. *Nature* 585(7825): 390–396. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2688-8>
- McColl, H., Kroonen, G., Moreno-Mayar, J. V., Seersholm, F. V., Scorrano, G. et al. 2024. Steppe ancestry in western Eurasia and the spread of the Germanic languages. *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2024.03.13.584607>
- Mendez, F. L., Krahn, T., Schrack, B., Krahn, A.-M., Veeramah, K. R. et al. 2013. An African American paternal lineage adds an extremely ancient root to the human Y chromosome phylogenetic tree. *American Journal of Human Genetics* 28(2013). <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2013.02.002>
- Mittnik, A., Wang, C. C., Pfrengle, S., Daubaras, M., Zarina, G. et al. 2018. The genetic prehistory of the Baltic Sea region. *Nature Communications* 9(442). <https://doi.org/10.1038/s41467-018-02825-9>
- Neuvonen, A. M., Putkonen, M., Översti, S., Sundell, T., Onkamo, P. et al. 2015. Vestiges of an ancient border in the contemporary genetic diversity of north-eastern Europe. *PLoS One* 10(7): e0130331. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0130331>
- Nordfors, U., Peltola, S., O'Sullivan, R. J., Lamnidis, T., Majander, K. et al. (*tulossa*) Archaeogenetics reveals fine-scale genetic continuity and patterns of kinship and health in medieval Finland.
- Nordfors, U., Peltola, S. & Onkamo, P. 2025. Head over heels. Was there a beheaded man in the Jutikkala Kokkomäki grave? Teoksessa: Heinonen, T., Ehrnsten, F., Harjula, J., Knuutinen, T., Ratilainen, T., Terävä, E., Tuomenoja, S. & Haarala, J. (toim.) *Shattered and Scattered Past – Festschrift for Professor Georg Haggrén. Archaeologia Medii Aevi Finlandiae* 31: 306–315. Helsinki: Suomen arkeologinen seura.
- van Oven, M. & Kayser, M. 2009. Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation. *Human Mutation* 30(2): E386–E394. <https://doi.org/10.1002/humu.20921>
- Palencia-Madrid, L., Cardoso, S., Keyser, C., López-Quintana, J. C., Guenaca-Lizasu, A. et al. 2017. Ancient mitochondrial lineages support the prehistoric maternal root of Basques in Northern Iberian Peninsula. *European Journal of Human Genetics* 25: 631–636. <https://doi.org/10.1038/ejhg.2017.24>

- Peltola, S., Nordfors, U., Arppe, L., Oinonen, M., Sarkkinen, M. et al. (tulossa). Bioarchaeological analysis illustrates the life of a 16th-century Saami individual from Kitka, Kuusamo, Northern Finland.
- Poulton, J., Finsterer, J. & Yu-Wai-Man, P. 2017. Genetic counselling for maternally inherited mitochondrial disorders. *Molecular Diagnosis & Therapy* 21: 419–429. <https://doi.org/10.1007/s40291-017-0279-7>
- Preussner, A., Leinonen, J., Riikonen, J., Pirinen, M. & Tukiainen, T. 2024. Y chromosome sequencing data suggest dual paths of haplogroup N1a1 into Finland. *European Journal of Human Genetics*. <https://doi.org/10.1038/s41431-024-01707-7>
- Rusu, I., Modi, A., Vai, S., Pilli, E., Mircea C. et al. 2018. Maternal DNA lineages at the gate of Europe in the 10th century AD. *PLoS One* 13(3): e0193578. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0193578>
- Saag, L., Vasilyev, S. V., Varul, L., Kosorukova, N. V., Gerasimov, D. V. et al. 2021. Genetic ancestry changes in Stone to Bronze Age transition in the East European plain. *Science Advances* 7(4): eabd6535. <https://doi.org/10.1126/sciadv.abd6535>
- Saag, L., Laneman, M., Varul, L., Malve, M., Valk, H. et al. 2019. The arrival of Siberian ancestry connecting the Eastern Baltic to Uralic speakers further east. *Current Biology* 29(10): 1701–1711. e16. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2019.04.026>
- Saari, N.-J. 2022. *The genetic makeup and social organisation in Early Medieval coastal Southwest Finland*. Master's thesis. University of Helsinki.
- Saipio, J. 2022. Yersinia pestis, the demise of the giant's church culture and disappearance of Asbestos Ware in Late Neolithic Finland. Teoksessa: Halinen, P., Heyd, V. & Mannermaa, K. (toim.) *Oodeja Mikalle – Odes to Mika – Оды Мике: Festschrift for Professor Mika Lavento on the occasion of his 60th birthday*. Monographs of the Archaeological Society of Finland 10: 561–564. Helsinki: Suomen arkeologinen seura.
- Sajantila, A., Salem, A. H., Savolainen, P., Bauer, K., Gierig, C. et al. 1996. Paternal and maternal DNA lineages reveal a bottleneck in the founding of the Finnish population. *PNAS* 93(21): 12035–12039. <https://doi.org/10.1073/pnas.93.21.120>
- Sundell, T. 2016. Sattuma on muovannut Suomen esihistoriallisen väestön geenejä. *Tieteessä tapahtuu* 34: 3–5.
- Sundell, T., Heger, M., Kammonen, J. & Onkamo, P. 2010. Modelling a Neolithic population bottleneck in Finland: A genetic simulation. *Fennoscandia archaeologica* XXVII: 3–19. <https://journal.fi/fennoscandiaarchaeologica/article/view/126458>
- Sundell, T., Kammonen, J., Halinen, P., Pesonen, P. & Onkamo, P. 2014. Archaeology, genetics and a population bottleneck in prehistoric Finland. *Antiquity* 88(342): 1132–1147. <https://doi.org/10.1017/S0003598X00115364>
- Tambets, K., Yunusbayev, B., Hudjashov, G., Ilumäe, a.-M., Rootsi, S. et al. 2018. Genes reveal traces of common recent demographic history for most of the Uralic-speaking populations. *Genome Biology* 19, 139. <https://doi.org/10.1186/s13059-018-1522-1>
- Torrioni, A., Achilli, A., Olivieri, A. & Semino, O. 2020. Haplogroups and the history of human evolution through mtDNA, Teoksessa: Gasparre, G. & Porcelli, A. M. (toim.) *The human mitochondrial genome. From basic biology to disease*: 111–129. London: Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-819656-4.00005-X>
- Torrioni, A., Schurr, T. G., Yang, C. C., Szathmari, E. J., Williams, R. C. et al. 1992. Native American mitochondrial DNA analysis indicates that the Amerind and the Nadene populations were founded by two independent migrations. *Genetics* 130(1): 153–162. <https://doi.org/10.1093/genetics/130.1.153>
- Vandkilde, H. 2014. Cultural perspectives on the beginnings of the Nordic Bronze Age. *Offa* 67/68: 51–77.
- Zeng, T. C., Vyazov, L. A., Kim, A., Flegontov, P., Sirak, K. et al. 2023. Postglacial genomes from foragers across Northern Eurasia reveal prehistoric mobility associated with the spread of the Uralic and Yeniseian languages. *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2023.10.01.560332>
- Översti, S., Majander, K., Salmela, E., Salo, K., Arppe, L., et al. 2019. Human mitochondrial DNA lineages in Iron-Age Fennoscandia suggest incipient admixture and eastern introduction of farming-related maternal ancestry. *Scientific Reports* 9: 16883. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-51045-8>

5

Muinais-DNA ja geneettinen sukulaisuus

Elina Salmela

 <https://orcid.org/0000-0003-1326-4462>

Perimme geenimme vanhemmiltamme, jotka ovat perineet ne omilta vanhemmiltaan, nämä taas omilta vanhemmiltaan ja niin edelleen pitkin sukupolvien ketjua. Siksi kahden ihmisen geneettistä perimää eli DNA:ta vertaamalla voi tutkia heidän biologista sukulaisuuttaan. Periytymisen lainalaisuudet kuitenkin rajoittavat sitä, miten ja minkälaisia sukulaisuuksia DNA:n perusteella voidaan tunnistaa. Biologiset sukulaisuudet eivät myöskään ole ainoa tapa, jolla ihmiset voivat kuulua sukuunsa tai yhteisöönsä. Eri kulttuureissa sukulaisiksi voidaan lukea esimerkiksi erilaisten sosiaalisten verkostojen yhdistämiä henkilöitä. Silti muinai-DNA:n analyysitekniikoiden kehittyminen on tehnyt mahdolliseksi tutkia biologisen sukulaisuuden roolia muinai aikojen ihmisten ja ihmisyhteisöjen elämässä.

Sukulaisuutta käsitellään tässä luvussa yksilötason ilmiönä. Kaksi ihmistä on keskenään sukua, jos he kuuluvat samaan sukupuuhun, niin että heitä yhdistää jonkinlainen isyyksien, äitiyksien, sisaruksien tai veljeyksien ketju. Tämä ketju saattaa olla tarkkaan tiedossa tai vaihtoehtoisesti sen kulkua tai olemassaoloa halutaan päästä tutkimaan DNA:n avulla. Joskus sukulaisuus käsitetään laajemmin eli väestötasolla. Tällöin puhutaan esimerkiksi sukulaiskansoista, joilla usein tarkoitetaan keskenään lähisukuisia kieliä puhuvia väestöjä (ks. luku 13). Nämä eivät välttämättä ole geneettisesti erityisen läheisiä keskenään ja silloinkin kun ovat, kyseessä ei ole varsinaisesti geneettinen sukulaisuus sukuun tai yksilöiden polveutumisen

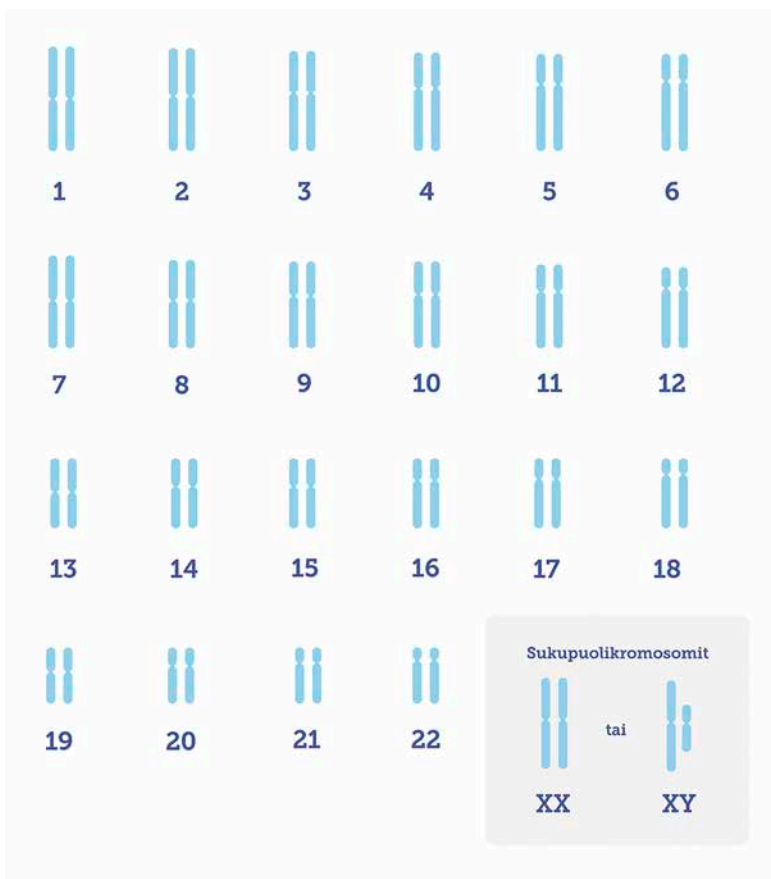
kannalta.²⁷⁸ Ennemminkin kysymys on geneettisestä samankaltaisuudesta tai läheisyydestä (affiniteetista), joka juontaa juurensa väestöjen osittain yhteisistä esivanhemmista usein hyvinkin pitkien aikojen takaa (ks. luvut 3 ja 4).

Periytymismekanismit ja niiden vaikutus sukulaisten tunnistamiseen

DNA periytyy vanhemmilta lapsille, mutta perimän eri osat periytyvät hieman eri tavalla. Suurin osa perimästä sijaitsee solun tumassa jakautuneena 23 kromosomipariin. Näistä pareista yksi muodostuu **sukupuolikromosomeista** (ks. myöhemmin) ja loput ovat **autosomeja** (kuva 5.1). Autosomeissa kunkin parin toinen kromosomi on peritty isältä, toinen äidiltä. Ne eivät kuitenkaan ole suoria kopioita vanhempien kromosomeista, vaan sukusolujen muodostuessa kummankin vanhemman kromosomiparin kromosomit ovat ensin vaihtaneet osia keskenään eli **rekombinoituneet** niin, että jälkeläisen perimä kromosomi on yhdistelmä vanhemman kumpaakin kromosomia (kuva 5.2). Niinpä äidiltä saadussa kromosomissa on osia sekä äidinisällä että äidinäidillä alun perin olleista kromosomeista. Samoin isältä saadussa kromosomissa on osia, jotka isä sai omalta isältään, ja toisia, jotka hän sai äidiltään. Rekombinaatioiden sijainti kromosomeissa on satunnainen, mutta tietyissä perimäkohdissa ne ovat yleisempiä kuin toisissa. Myös rekombinaatioiden lukumäärä vaihtelee, mutta keskimäärin niitä tapahtuu yhden sukusolun muodostumisessa noin 33. Rekombinaatiot ovat tärkeitä kromosomien oikeassa jakautumisessa sukusoluihin, ja niiden puuttuminen voi johtaa kromosomihäiriöihin, esimerkiksi **trisomiaan**, jossa ihmisellä on kromosomiparin sijasta kolme kromosomia (ks. myös luku 7).

Kahdeskymmeneskolmas kromosomipari muodostuu sukupuolikromosomeista (kuva 5.1). Geneettisesti naispuolisilla ihmisillä on kaksi X-kromosomia, geneettisesti miehillä puolestaan X ja Y. Miehet ovat perineet Y:n isältään ja X:n äidiltään, naiset yhden X-kromosomin kummaltakin vanhemmaltaan. Sukusolujen muodostuessa naisten X-kromosomit rekombinoituvat keskenään samaan tapaan kuin autosomit. Sen sijaan miesten X- ja

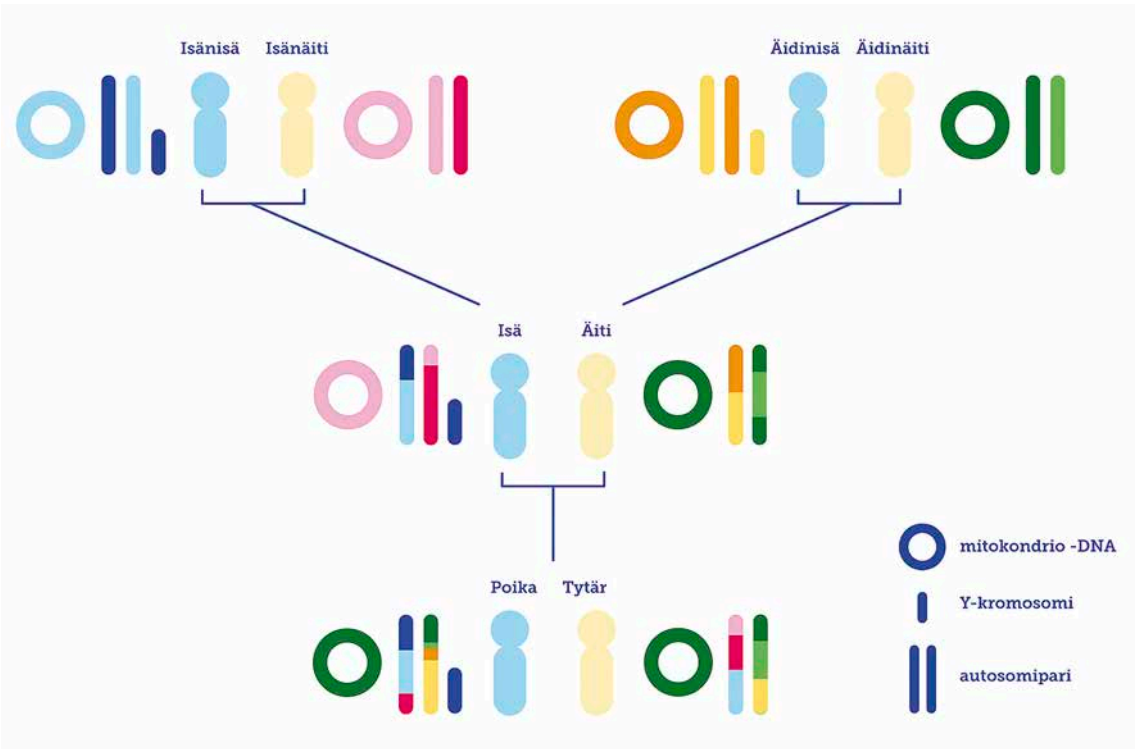
278 Mathieson & Scally 2020; ks. myös esim. Barbieri et al. 2022



Kuva 5.1 Ihmisellä on 23 kromosomiparia, joihin kuuluu 22 paria autosomeja ja yksi pari sukupuolikromosomeja. Kuva: KMG Turku.

Y-kromosomi rekombinoituvat keskenään vain kahdelta pieneltä alueelta, jotka sijaitsevat lähellä kromosomien kumpaakin päätä. Näitä niin kutsuttuja **pseudoautosomaalisia** alueita lukuun ottamatta Y-kromosomi ei rekombinoidu. Koska Y-kromosomin keskiosa periytyy suoraan kopiona isältä pojille, sen sanotaan muodostavan **isälinjoja** (ks. luku 4).

Tuman kromosomiparien lisäksi ihmisellä on pieni määrä DNA:ta **mitokondrio**-nimisessä soluelimessä, joka vastaa solun energiantuotannosta. Tämä **mitokondrion DNA** periytyy yksinomaan munasolujen mukana eli äidiltä kaikille jälkeläisille. Koska pojilta mitokondrio-DNA ei kuitenkaan periydy eteenpäin, se muodostaa **äitilinjoja** vain äidiltä tyttärille ja tyttären-tyttärille samaan tapaan kuin Y-kromosomi isälinjoja (ks. luku 4).

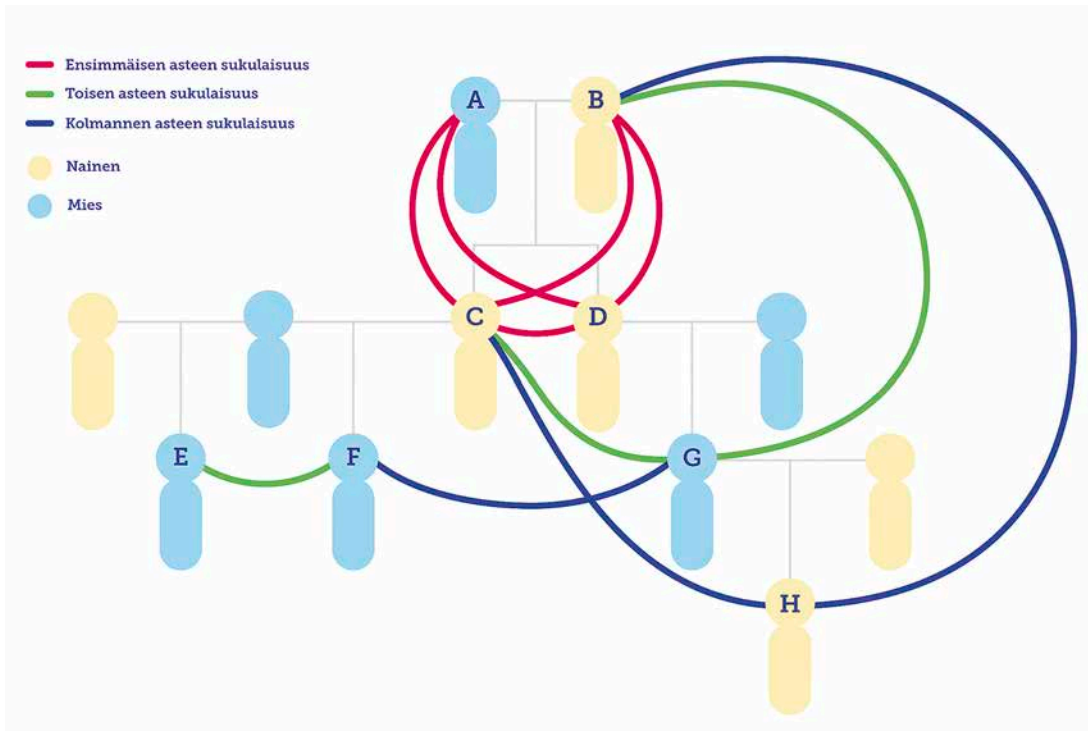


Kuva 5.2. Perimän eri osien periytyminen sukupolvelta toiselle. Mitokondrio-DNA (kuvan renkaat) periytyy äidiltä, joten kuvan alimmassa sukupolvessa sekä pojalla että tyttärellä on äidiltä peritty mitokondrio-DNA-tyyppi (vihreä rengas) samoin kuin heidän äidinäidillään. Kolmen muun isovanhemman mitokondrio-DNA:ta he eivät ole perineet. Vastaavasti Y-kromosomi (kuvan lyhyet palkit) periytyy isältä pojalle: kuvassa pojalla on isänisänsä (tummansininen) Y-kromosomi, kun taas äidinisän (keltainen) Y-kromosomi ei ole periytynyt eteenpäin. Suurin osa perimää sijaitsee autosomipareissa, joita tässä kuvassa on esitetty yksi (pitkät palkit). Kunkin autosomiparin toinen kromosomi on peritty isältä, toinen äidiltä, mutta ne eivät ole täsmällisiä kopioita vanhemman kromosomista, sillä ennen periytymistä vanhemman kromosomit ovat vaihtaneet osia parinsa kanssa eli rekombinoituneet. Kuvassa tämä prosessi näkyy kaikkein selvimmin keskimmaisessä sukupolvessa, jossa äiti on perinyt isältään kromosomin, jossa on osia tämän molemmista kromosomeista (oranssi ja keltainen) ja äidiltään kromosomin, jossa on vastaavasti osia tämän molemmista kromosomeista (tumman- ja vaaleanvihreä; kuvassa äidinäidin kromosomiparissa on tapahtunut kaksikin rekombinaatiota). Koska rekombinaatiot tapahtuvat satunnaisesti, sisarukset jakavat joissain perimäkohdissa molemmat kromosominsa, joissain vain toisen ja joissain eivät kumpaakaan (ks. kuvan alin sukupolvi). Tässä kaavakuvassa ei ole esitetty X-kromosomeja, joita on geneettisesti naispuolisilla henkilöillä kaksi ja geneettisesti miespuolisilla Y-kromosomin parina yksi. Äidiltä periytyessään X-kromosomit rekombinoituvat kuten autosomit, mutta isältä tyttärelle periytyvä X-kromosomi rekombinoituu Y-kromosomin kanssa vain kummankin kromosomin päissä olevilta pseudoautosomaalisilta alueilta, jotka eivät myöskään näy tässä kuvassa. Kuva: KMG Turku.

Sukulaisuusasteet ja perimän puolittuminen

Koska jokaisesta autosomiparista toinen kromosomi peritään isältä ja toinen äidiltä, vanhemmat ja lapset jakavat puolet perimästään. Jos tarkasteluun otetaan mukaan myös sukupuolikromosomit ja mitokondrion DNA, lapset jakavat hieman enemmän äitinsä kuin isänsä kanssa ja isät enemmän tytärtensä kuin poikiensa kanssa, koska X-kromosomi on Y:tä suurempi. Nämä poikkeamat ovat kuitenkin niin pieniä, että ne jätetään tässä yhteydessä pois laskuista. Myös sisarukset jakavat perimästään keskimäärin puolet, koska heillä on 50 prosentin todennäköisyys olla perinyt kummaltakin vanhemmaltaan kopio samasta kromosomista kuin sisaruksensa. Mutta siinä missä vanhemmat ja lapset jakavat (autosomaalisesta) perimästään aina tasan puolet, sisarukset voivat jakaa keskenään hiukan vähemmän tai enemmän, riippuen rekombinaatioiden sijainnista. Joissain perimäkohdissa sisarusten molemmat kromosomit voivat olla samat, kun taas toisissa kohdissa molemmilla voi olla perittynä eri kromosomi kummaltakin vanhemmalta. Joka tapauksessa sukulaisuussuhteita, joissa sukulaiset jakavat keskimäärin puolet perimästään, on tapana nimittää ensimmäisen asteen sukulaisuuksiksi.

Toisen asteen sukulaiset jakavat perimästään puolet siitä mitä ensimmäisen asteen sukulaiset eli yhteensä keskimäärin neljänneksen, sillä he ovat toisistaan yhden lisääntymistapahtuman verran kauempana. Niinpä toisen asteen sukulaisia ovat puolisisarukset keskenään, isovanhemmat lapsenlapsilleen ja päinvastoin sekä enot, tädit ja sedät sisarustensa lapsille ja sisarusten lapset heille (kuva 5.3). Serkukset puolestaan ovat kolmannen asteen sukulaisia toisilleen, samoin isoisovanhemmat lapsenlapsenlapsilleen ja isotädit, -sedät ja -enot sisarustensa lapsenlapsille. He jakavat perimästään keskimäärin kahdeksasosan. Neljännen asteen sukulaiset taas jakavat noin kuudestoistaosan; heitä ovat esimerkiksi isovanhempien isovanhemmat lastenlastensa lapsenlapsille. Pikkuserkukset ovat viidennen asteen sukulaisia ja jakavat noin kolmaskymmeneskahdesosan perimäänsä, ja niin edelleen.



Kuva 5.3. Ensimmäisen, toisen ja kolmannen asteen sukulaisuuksia sukupuussa. Esimerkit ensimmäisen asteen sukulaisuuksista on yhdistetty punaisella: sisarukset (C ja D) sekä lapset ja vanhemmat (tyttäret C ja D ja näiden isä A ja äiti B). Vihreällä on merkitty toisen asteen sukulaisuuksia: isovanhempi ja lapsenlapsi (B ja G), puolisisarukset (E ja F) sekä vanhemman sisarus ja sisaruksen lapsi (C ja G, täti ja siskonpoika). Sinisellä merkityt ovat kolmannen asteen sukulaisuuksia: isoisovanhempi ja lapsenlapsenlapsi (B ja H), serkukset (F ja G) sekä isovanhemman sisarukset ja sisaruksen lastenlapset (C ja H, isotäti ja sisarenpojan tytär). Kuva: KMG Turku.

Geneettisen sukulaisuuden tunnistaminen

Koska sukulaisten jakaman autosomiperimän määrä puolittuu joka sukupolvessa, on helppo ymmärtää, että jaettua perimää on ennen pitkää niin vähän, ettei sukulaisuutta ole enää mahdollista tunnistaa DNA-datan perusteella. Käytännössä tunnistamisen raja tulee vastaan noin seitsemännen tai kahdeksannen asteen sukulaisten kohdalla, jos vertaillaan nyky-yksilöiden hyvälaatuista ja kattavaa DNA-dataa. Eri sukulaisuusasteiden tarkka erottaminen toisistaan käy kuitenkin mahdottomaksi jo aiemmin, noin neljännen asteen sukulaisuuden vaiheilla, koska sukulaisparit voivat sattumalta jakaa

keskimääräistä enemmän tai vähemmän perimäänsä. Esimerkiksi viiden-
 asteen sukulaiset voivat jakaa perimää yhtä paljon kuin neljännen as-
 teen tai yhtä vähän kuin kuudennen asteen sukulaiset.

Kahdeksannen asteen sukulaisten havaitsemiseen tarvitaan lisäksi jon-
 kin verran tuuria. Sattumalta on nimittäin voinut käydä niin, että heillä ei
 ole lainkaan yhteistä DNA:ta. Tämä riippuu siitä, mihin perimän kohtiin
 rekombinaatiot ovat missäkin kromosomiparissa ja missäkin sukupolvessa
 osuneet. DNA:ta on periytynyt jokseenkin varmasti kaikilta isovanhemmilta
 ja isovanhempien isovanhemmilta, mutta jo seitsemän sukupolven takaisis-
 sa esivanhemmissa on keskimäärin neljä yksilöä (kaikkiaan 128:sta), joilta
 ei ole periytynyt mitään. Kymmenen sukupolven takaisista esivanhemmista
 tällaisia yksilöitä on jo yli puolet (taulukko 5.1). Oikein hyvällä onnella tar-
 kasta aineistosta on toisinaan mahdollista tunnistaa jopa yhdennentoista
 asteen sukulaisia,²⁷⁹ mutta ei kuitenkaan ketään niistä 71 prosentista suku-
 laispareja, jotka eivät ole perineet lainkaan yhteistä DNA:ta.

Taulukko 5.1. Esivanhempien ja geneettisten esivanhempien lukumäärä 1–15 sukupolvea
 taaksepäin sekä niiden esivanhempien osuus, joilta ei ole periytynyt lainkaan DNA:ta tai
 joita ei voida tunnistaa mitokondrion ja Y-kromosomin haploryhmien perusteella. Geneet-
 tisten esivanhempien lukumäärä perustuu Graham Coopin (2013) esittämiin kaavoihin.
 Ilman rekombinaatioita DNA:ta olisi enintään 46–47:ltä esivanhemmalta. Esivanhempien
 syntymävuodet on laskettu vuonna 1980 syntyneelle henkilölle käyttäen suuntaa-antavana
 sukupolvenvälinä 30 vuotta. Nyky-DNA:n perusteella on mahdollista tunnistaa geneeti-
 siä sukulaisia hyvällä todennäköisyydellä noin seitsemän tai kahdeksan sukupolvea taak-
 sepäin (vihreällä merkityt rivit) ja suhteellisen hyvälaatuisen muinais-DNA:n perusteella
 käytännössä noin viisi tai kuusi sukupolvea taaksepäin (sinisellä merkityt rivit).

Sukupolvea sitten	Syntymävuosi (noin)	Esivanhempia sukupuussa	Geneettisiä esivanhempia	% ilman yhteistä DNA:ta	% ei näy haploryhmillä
1 (vanhemmat)	1950	2	2	0	0
2 (isovanhemmat)	1920	4	4	0	50
3 (isoisovanhemmat)	1890	8	8	0	75
4	1860	16	16	0	88
5	1830	32	32	0	94
6	1800	64	64	0,3	97
7	1770	128	124	3,1	98
8	1740	256	221	14	99
9	1710	512	345	33	99,6
10	1680	1024	475	54	99,8
11	1650	2048	596	71	99,9
12	1620	4096	702	83	99,95
13	1590	8192	795	90	99,98
14	1560	16384	878	95	99,99
15	1530	32768	954	97	99,994

279 Huff et al. 2011; Li et al. 2014

Geneettisen sukulaisuuden tunnistaminen toisvanhempaisesti

Koska Y-kromosomi ja mitokondrion DNA eivät rekombinoidu vaan periytyvät kokonaisuudessaan, niiden sisältämä sukulaisuusinformaation määrä ei puolitu joka sukupolvessa. Siksi niiden muodostamia linjoja on suhteellisen helppo seurata kauaskin menneisyyteen. Ainoastaan perimän kopioinnissa tapahtuvat muutokset eli **mutaatiot** johtavat Y-kromosomin ja mitokondrion DNA:n muutoksiin, ja silloinkin on mahdollista tunnistaa, mitkä linjojen muodot ovat viimeksi erkaantuneet toisistaan. Tällaisten yhden tai useamman mutaation kautta toisistaan polveutuneiden muotojen sanotaan kuuluvan samaan **haploryhmään**. Sukupolvien kuluessa kertyneiden mutaatioiden määrästä voidaan myös arvioida, kuinka kauan sitten minkäkin haploryhmän yhteinen esimuoto oli olemassa.

Toisaalta Y-kromosomiin ja mitokondrion DNA:han perustuvassa sukulaisten tunnistuksessa korostuu se, että sukupuussa kauemmas mentäessä yhä suurempi osa sukulaisuuksista jää näkymättömiin. Tämä johtuu siitä, että mitokondrion DNA paljastaa joka sukupolvesta vain yhden esivanhemman suorassa äitilinjassa ja miesten Y-kromosomi toisen suorassa isälinjassa, vaikka isovanhempia on neljä, heidän isovanhempiaan kuusitoista ja niin edelleen (kuva 5.4). Niinpä hyvinkin läheistä sukua olevat yksilöt saattavat jäädä tunnistamatta, jos tarkastellaan vain isä- ja äitilinjoja. Ääriesimerkki tästä ovat isä ja tytär: he eivät jaa sen paremmin isä- kuin äitilinjaansa, koska tyttärellä on äitinsä mitokondrio-DNA eikä hänellä ole Y-kromosomia.

Toisaalta jaettu isä- tai äitilinja ei myöskään välittömästi kerro lähisukulaisuudesta, sillä linja voi periytyä samannäköisenä sukupolvien ajan. Mutaatiot näissä linjoissa ovat suhteellisen harvinaisia, eivätkä ne tule geneettisissä tutkimuksissa aina edes näkyviin. Lisäksi jaettu isä- tai äitilinja voi olla muillakin kuin suoraan alenevassa polvessa sukua olevilla yksilöillä. Esimerkiksi vuonna 2011 uutisoitiin näyttävästi, että 1300-luvulla eaa. eläneen Egyptin faarao Tutankhamonin Y-kromosomilinja oli selvitetty, ja se oli osoittautunut samaksi kuin yli puolella länsieurooppalaisista miehistä (väitetysti R1b1a2).²⁸⁰ Erityisen läheisestä sukulaisuudesta ei kuitenkaan ole

280 Baghdjian 2011; ongelmallisuudesta ks. Pappas 2011

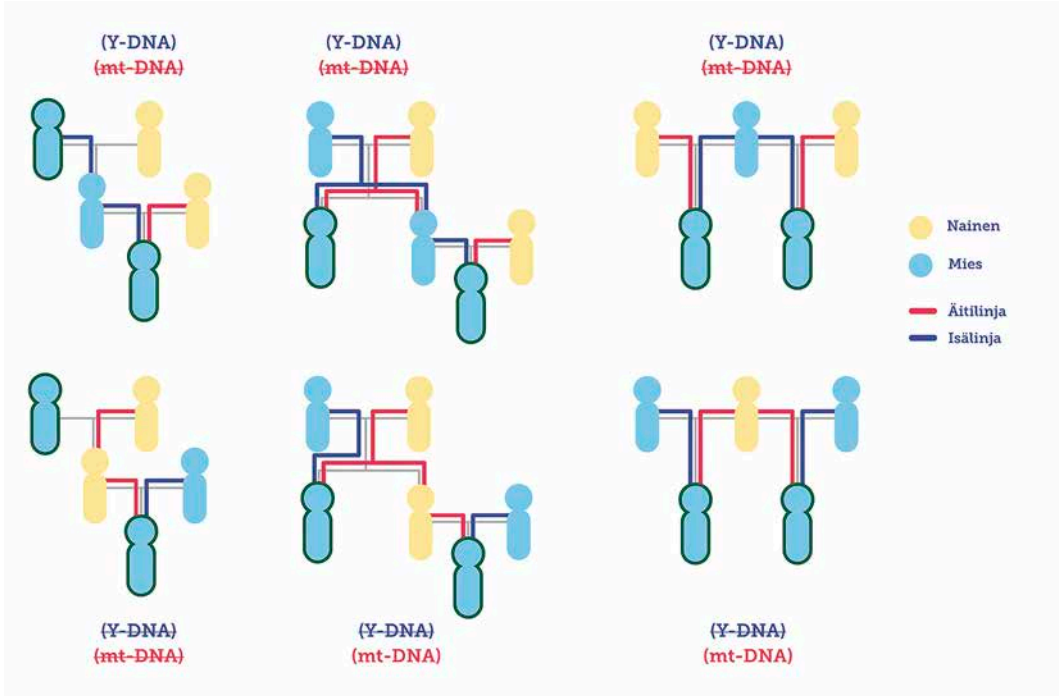


Kuva 5.4. Isä- ja äitilinjalla nähdään joka sukupolvesta vain yksi esivanhempi kummallakin: vihreällä merkityt isälinjan esi-isät ja oranssilla merkityt äitilinjän esiäidit. Kaikki muut esivanhemmat jäävät suoria isä- ja äitilinjoihin tarkasteltaessa näkymättömiin, ja sukupolvi sukupolvelta näkymättömien esivanhempien osuus on yhä suurempi. Kuva: KMG Turku.

kysymys, sillä tutkijoiden mukaan tämä Y-kromosomilinja periytyy paljon muinaista Egyptiä varhaisemmalta ajalta. Linjan yhteisen esi-isän arvelaan eläneen Kaukasuksen alueella lähes 10000 vuotta sitten. Linjaa kantavien eurooppalaismiesten sukulaisuus Tutankhamonin kanssa voi siis olla se, että heidän kolmensadan sukupolven takainen esi-isänsä oli myös Tutankhamonin kahdensadan sukupolven takainen esi-isä.

Sukulaisuuden tunnistus muinais-DNA-datasta

Kuten edellä on todettu, periytymisprosessin satunnaisuudet tuottavat sukupolvien lukumäärälle rajan, jonka takaa autosomaalisia sukulaisuuksia ei voida nähdä, vaikka geneettinen aineisto olisi kuinka laaja ja tarkka. Arkeologisten yksilöiden DNA:ta tutkittaessa sekvenssidatan laatu asettaa vielä omat, tiukemmat rajansa. Useimmat muinais-DNA:n sukulaisuusien



Kuva 5.5. Erilaisten toisen asteen sukulaisparien erottaminen toisistaan mitokondrio- ja Y-haploryhmien jakamisen perusteella. Vasemmalla olevissa sukupuissa isänisä ja pojanpoika jakavat Y-haploryhmänsä, kun taas äidinisä ja tyttärenpoika eivät jaa kumpaakaan haploryhmää. Oikealla olevissa sukupuissa isänpuoleiset puoliveljet jakavat Y-haploryhmänsä ja äidinpuoleiset puoliveljet mitokondriohaploryhmänsä. Keskimmaisissa sukupuissa setä jakaa veljenpoikansa kanssa Y-haploryhmänsä ja eno sisarenpoikansa kanssa mitokondriohaploryhmänsä. Kuva: KMG Turku.

tunnistamiseen nykyään käytettävät laskentaohjelmat tunnistavat sukulaissuoksia enintään toisen tai kolmannen asteen sukulaisiin saakka, ja vain osa ohjelmista osaa erottaa ensimmäisen asteen sukulaisista sisarusparit vanhemmista ja lapsista. Tarkemmin toimivat ohjelmat soveltuvat yleensä vain kaikkein hyvälaatuisimmille muinais-DNA-aineistoille. Parhaimmillaan niillä pystytään tunnistamaan noin viidennen tai kuudennen asteen sukulaisuuksia. Tunnistaminen edellyttää lisäksi arviota siitä, miten läheisiltä tutkittavan väestön yksilöt näyttävät aineistossa silloin, kun he eivät ole erityisen läheistä sukua. Osa ohjelmista tarvitsee tämän arvion tarkkuudella, jollaista on toistaiseksi saatavana lähinnä nykypäivän vertailuaineistoista. Nykypäivän aineistot taas eivät aina vastaa tutkittavia muinaisväestöjä kovin hyvin, mikä voi lisätä tulosten epävarmuutta.

Kun laskentaohjelma tunnistaa sukulaisparin, se pystyy kertomaan vain, että kyseiset yksilöt ovat esimerkiksi toisen asteen sukulaisia keskenään, mutta ei ottamaan kantaa siihen, ovatko he toistensa puolisisarukset, isovanhempi ja lapsenlapsi vai eno/setä/täti ja sisaruksen lapsi. Harvoin on myöskään selvää, mikä yksilöiden ikäjärjestys on sukupuussa. Muinaisaineistojen tapauksessa radiohiiliajoitusten tarkkuus ei yleensä riitä erottamaan edes isovanhempaa ja lapsenlasta, vaikka heidän kuolinaikojensa ero voi olla enimmillään useita vuosikymmeniä. Ennen lisääntymisikää kuolleista yksilöistä pystytään toki sanomaan, että he eivät ole voineet olla kenenkään vanhempia. Apuna voidaan käyttää myös haploryhmiä, joiden avulla osa sukulaisuustyypeistä voi olla mahdollista sulkea pois (kuva 5.5). Esimerkiksi jos kaksi toisen asteen miessukulaista jakaa Y-haploryhmänsä, he voivat olla isoisä ja pojanpoika, setä ja veljenpoika tai isänpuoleiset velipuolet. Jos he jakavat mitokondriohaploryhmänsä, he voivat olla eno ja sisarenpoika tai äidinpuoleiset velipuolet. Jos he eivät jaa kumpaakaan, he voivat olla isoisä ja tyttärenpoika. Keskinäisten sukulaisuuksien runsaus saattaa auttaa päättämään, mitkä sukulaisuustyytit ovat mahdollisia missäkin tapauksessa, mutta kaiken kaikkiaan sukupuiden muodostaminen muinaisgeneettisestä datasta on yleensä melkoinen logiikkapalapeli.

Arkeologisten yksilöiden väliset sukulaisuudet

Ilman DNA-metodeja arkeologisesta materiaalista ei juuri voida tunnistaa yksilöiden välisiä geneettisiä sukulaisuuksia. Niinpä muinais-DNA-tutkimukset ovat tuoneet uuden tietolähteen, jota voidaan hyödyntää pohdittaessa sukulaisuuden merkitystä muinaisajan yksilöiden elämässä. Aiemmin sukulaisuuksia on yritetty päätellä esimerkiksi tietyistä kallon tai hampaiden muotopiirteistä. Niiden tuottama kuva sukulaisuuksista on kuitenkin hyvin mustavalkoinen verrattuna DNA:sta saatavaan tietoon. Tyypillisesti yksilöt voidaan tulkita joko sukulaisiksi tai ei-sukulaisiksi tarkasteltavan piirteen esiintymisen tai puuttumisen perusteella, mutta sen tarkempaa tietoa ei ole mahdollista saada. Lisäksi näiden ominaisuuksien käyttämisessä on samantapaisia ongelmia kuin pelkkiin isä- tai äitilinjoihin

perustuvassa sukulaisuuden määrittämisessä. Hyvin läheisetkin sukulaiset voivat nimittäin näyttää ei-sukulaisilta ominaisuuden periyymistavasta riippuen. Esimerkiksi **vallitsevasti** periytyvä ominaisuus periytyy satunnaisesti keskimäärin 50 prosentille jälkeläisistä. Toisaalta jos ominaisuus on tarkasteltavassa väestössä yleinen, se voi esiintyä sellaisillakin yksilöillä, jotka eivät ole keskenään erityisen läheistä sukua.

DNA-pohjaiset sukulaisuudenmäärittämenetelmät ovat – edellä kuvailluista rajoitteistaan huolimatta – myös arkeologisilla yksilöillä varsin tarkkoja ja siksi selvästi käyttökelpoisempia kuin luuston muotopiirteisiin perustuvat menetelmät. Niiden avulla onkin pystytty muodostamaan jopa 7–9-sukupolvaisia sukupuita, kun samalta arkeologiselta kohteelta on tutkittu kymmeniä muinaisyksilöitä.²⁸¹ Toisinaan on löydetty lähisukulaispareja myös eri hautapaikoilta, esimerkiksi Virossa velipoolet tai eno ja sisarenpoika kahdelta pronssikautiselta kohteelta noin 13 kilometrin etäisyydeltä toisistaan ja Irlannissa todennäköiset isä ja poika kahdelta neoliittiselta megaliittikohteelta muutaman kilometrin päästä toisistaan.²⁸²

Sukupuiista ja sukulaispareista pystytään päättämään tai vähintäänkin ounastelemaan esimerkiksi yhteisön sosiaalista rakennetta tai puolison valitsemisen käytäntöjä. **Patrilokaalisessa** asumismuodossa on ollut tapana, että naiset ovat avioituneet syntymäpaikkansa tai -yhteisönsä ulkopuolelle mutta miehet eivät. Tästä syystä patrilokaalisten yhteisöjen sukupuissa ei pitäisi näkyä aikuisia naisia, joilla on samalla arkeologisella kohteella lasten lisäksi myös vanhemmat. Vastaavasti **matrilokaalisessa** yhteisössä miehet ovat muuttaneet osaksi vaimonsa yhteisöä, jolloin hautapaikan sukupuiden sukulinjojen pitäisi kulkea naisten kautta. Toistaiseksi julkaistuissa tutkimuksissa patrilokaalisuus on ollut tavanomainen löydös ja matrilokaalisuus poikkeus.²⁸³ Yksittäisistä sukulaispareista patrilokaalisuutta tai matrilokaalisuutta on yleensä hankala päätellä, koska kumpikin tulkintatapa voi olla mahdollinen.²⁸⁴

Jos aineistoissa on puolisisaruksia, yhteisö on voinut olla moniavioinen tai ainakin on ollut mahdollista, että ihmisillä on ollut elinaikanaan useita puolisoita, mutta ajoitusten tarkkuus ei yleensä riitä näiden vaihtoehtojen

²⁸¹ esim. Rivollat et al. 2023; Gnechchi-Ruscione et al. 2024

²⁸² Saag et al. 2019; Sánchez-Quinto et al. 2019

²⁸³ esim. Kennett et al. 2017; Mittnik et al. 2019; Sjögren et al. 2020

²⁸⁴ Moilanen et al. 2023

erotteluun. Usein toisen asteen sukulaisista ei myöskään pysty sanomaan varmasti, onko kyse puolisisaruksista vai esimerkiksi enosta/sedästä/tädistä ja sisaruksen lapsesta. Yksiselitteinen puolisisaruus on todettu esimerkiksi 4600 vuotta vanhan **nuorakeraamisen** haudan vainajilla eteläisessä Puolassa: vainajat olivat mies, hänen kaksi lastaan ja toisen lapsen äiti; lapset olivat siis isänpuoleiset puolisisarukset.²⁸⁵ Isänpuoleisia puolisisaruksia on havaittu myös muun muassa pronssikauden Saksassa ja Iberian niemimaalla.²⁸⁶ Toisinaan puolisisaruksiin johtaneet liitot ovat voineet olla lanko- tai kälyliittoja niin, että naisen kaksi puolisoa ovat olleet toistensa veljekset tai miehen kaksi puolisoa toistensa siskokset. Ensin mainitusta on havaittu esimerkkejä avaarien keskuudessa 700–800-lukujen Unkarissa.²⁸⁷ Puolisisaruksia ei kuitenkaan aina nähdä suurissakaan sukupuissa,²⁸⁸ joten parinmuodostuskäytännöt lienevät vaihdelleet eri aikoina ja eri alueilla.

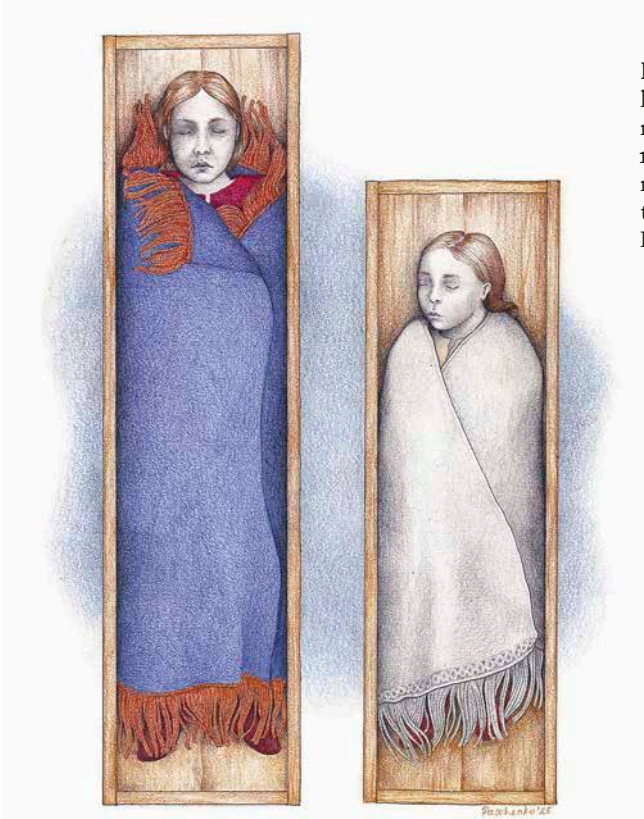
Parinmuodostuskäytäntöjen tutkiminen ei aina edellytä sukulaisparien tunnistamista, vaan niitä voidaan toisinaan päätellä yksittäisistäkin henkilöistä. Ihminen on nimittäin saattanut saada jonkin perimänsä osan identtisenä kopiona sekä isältään että äidiltään, koska nämä ovat molemmat perineet sen sattumalta joltakulta yhteiseltä esivanhemmaltaan. Mitä lähemmästä yhteisestä esivanhemmasta on kysymys, sitä enemmän DNA:ta häneltä on periytynyt sekä isälle että äidille, ja sitä useampia ja pitempiä perimän katkelmia heidän jälkeläisellään voi olla kahtena identtisenä kopiona. Näitä katkelmia kutsutaan **homotsygotiajaksoiksi** (ROH, engl. *runs of homozygosity*), ja niiden pituutta ja runsautta mittaamalla pystytään arvioimaan, kuinka läheistä sukua vanhemmat ovat olleet keskenään. Arkeologisissa aineistoissa huomattavaa lähisukuisuutta on havaittu varsin harvoin, sillä sukulaisavioliittoja on ilmeisesti pyritty useimmiten välttämään. Silmiinpistävä poikkeus tästä käytännöstä on Irlannista, missä Newgrangen massiivisen **käytävähaudan** (n. 3200 eaa.) runsaimmin koristellusta kammiosta on löytynyt aikuisen miehen kallon luita. Niiden DNA-analyysi osoitti, että miehen vanhemmat ovat olleet toistensa ensimmäisen asteen sukulaiset. Kirjallisten lähteiden perusteella joissain kulttuureissa sisarusten

²⁸⁵ Haak et al. 2023

²⁸⁶ Villalba-Mouco et al. 2022; Penske et al. 2024

²⁸⁷ Gnechi-Ruscione et al. 2024

²⁸⁸ Rivollat et al. 2023



Kuva 5.6. Raison Kansakoulunmäen haudan 11 aikuinen nainen ja haudan 16 noin 10-vuotias tyttö olivat ensimmäisen asteen sukulaiset, todennäköisesti äiti ja tytär. Piirros: Veronika Paschenko.

välisiä avioliittoja on voitu pitää jumalallisina, joten tässäkin tapauksessa on todennäköisemmin kyse sisaruksista kuin lapsesta ja vanhemmasta.²⁸⁹

Tieto sukulaisuudesta voi selittää myös hautausten erityispiirteitä – esimerkiksi ovatko yhdessä, lähekkäin tai samantyyppisesti haudatut yksilöt keskenään sukua. Esimerkiksi neoliittisen kivikauden megaliittihautoihin on usein haudattu lähisukulaisia.²⁹⁰ Toisaalta yksi nykynäkökulmasta luonnollinen lähekkäin hautaamisen peruste jää helposti näkymättömiin DNA-aineistossa. Puolisot eivät nimittäin yleensä ole erityisen läheistä sukua, ja heidät pystyy tunnistamaan pariskunnaksi vain, jos tutkittavaan aineistoon on osunut myös heidän yhteinen lapsensa. Esimerkiksi Euran Luistarin hauta 404 kuului naiselle, jonka jalkoihin oli kerätty noin kymmenen vuotta aiemmin kuolleen miehen luut.²⁹¹ Tähänastisten DNA-tulosten mukaan vainajat eivät ole olleet toisilleen sukua, mutta on epäselvää, ovatko he

²⁸⁹ Cassidy et al. 2020

²⁹⁰ Fowler et al. 2022; Sánchez-Quinto et al. 2019

²⁹¹ Moilanen 2021: 25, 28

olleet puolisoita tai johtuuko mahdollinen yhteys vainajien välillä jostakin muusta sosiaalisesta seikasta.

Suomen muinais-DNA-aineistoista sukulaispareja on tunnistettu vasta kourallinen, kuten esimerkiksi ensimmäisen asteen sukulaiset – todennäköisesti äiti ja tytär – Raision Kansakoulunmäestä (kuva 5.6)²⁹² sekä todennäköiset sisarukset, joista toinen haudattiin Tampereen Vilusenharjulle ja toinen Pälkäneen Ristiänmäelle.²⁹³ Havaittujen sukulaisuuksien vähyys ei tarkoita, että sosiaalinen rakenne tai hautaustavat olisivat Suomessa välttämättä olleet merkittävästi erilaiset kuin vaikkapa Keski-Euroopassa, missä on havaittu enemmän sukulaisuuksia ja monipolvisiakin sukupuita. Ero johtunee erityisesti näyttemateriaalin huonosta säilyvyydestä Suomen maaperässä sekä siitä, että tutkittavia yksilöitä ei ole valittu sukulaisuuksien löytämistä silmälläpitäen, esimerkiksi systemaattisesti vierekkäin sijaitsevista haudoista, kaksoishaudoista tai saman kalmiston lasten ja aikuisten haudoista. Säilymisongelmien vuoksi isoistakin kalmistoista, kuten Euran Luistarista, on pystytty tutkimaan DNA:ta vain muutamasta yksilöstä. Suurikin sukupuu voi jäädä näkymättömiin, jos siitä on päästy tutkimaan yksilöitä vain sieltä täältä, erityisesti koska muinais-DNA:lle sopivat sukulaisten tunnistusmenetelmät eivät aina yllä toisen asteen sukulaisuutta kauemmas.

Sukulaisuustiedot voivat täydentää muita arkeologisista aineistoista saatavia tietoja erityisesti ajoitusten osalta. Muinaisyksilöiden kuolinajankohta on mahdollista määrittää radiohiiliajoituksella, mutta sen avulla päästään korkeintaan vuosikymmenien ja joskus vain vuosisatojen tarkkuuteen. Jos yksilöt ovat olleet läheistä sukua, he eivät ole voineet elää kovin eriaikaisesti. Radiohiiliajoitusten ja sukulaisuussuhteiden vertailu voi auttaa kaventamaan ajoitusten epätarkkuutta, ja ääritapauksissa se saattaa jopa paljastaa virheen ajoitus- tai geneettisissä tuloksissa, jos lähisukulaisten ajoitukset poikkeavat toisistaan sadoilla vuosilla.²⁹⁴

Muinais-DNA:n sukulaisuusanalyysillä on toki myös rajoitteensa menneisyyden ihmisyhteisöjä tutkittaessa, sillä sukulaisuus on voitu eri aikoina hahmottaa eri tavoin. Yhteisöön tai sukuun kuulumista ovat voineet määrittää geneettisen sukulaisuuden lisäksi tai sen sijaan vaikkapa asuinpaikan

292 Saari 2022: 72

293 Nordfors et al. *tulossa*

294 Massy et al. 2022; Sedig et al. 2021

tai ruuan jakaminen ja osallistuminen rituaaleihin tai yhteisön jäsenten hoivaan.²⁹⁵ Niinpä ajatus sukuun kuulumisesta ei ole välttämättä vastannut geneettistä sukulaisuusastetta. Kuten aiemmin mainittiin, puoliset ovat hyvä esimerkki tilanteesta, jossa sukuun kuuluminen ei yleensä määräydy geneettisen sukulaisuuden kautta. Toinen vastaava esimerkki ovat ottolapset, joiden on voitu kokea kuuluvan perheeseen ja sukuun aivan samoin kuin biologistenkin lasten. DNA-analyysi ei yksin pysty tuomaan tällaisia tapauksia esiin, joten tulkinnoissa tarvitaan geneettisen sukulaisuuden, haustaustapojen ja muun arkeologisen tiedon vuoropuhelua.

Geneettisiä sukulaisuustuloksia ja niistä tehtyjä päätelmiä on toisinaan arvosteltu yksioikoisuudesta ja ennako-oletusten vahvistamisesta. Esimerkiksi parisuhteet näkyvät geneettisessä aineistossa vain, jos niistä on syntynyt lapsia, jolloin muut kuin heterosuhteet jäävät lähtökohtaisesti näkymättömiksi.²⁹⁶ Toisaalta nimenomaan geneettiset sukulaisuustulokset voivat auttaa myös kyseenalaistamaan ennakkokäsityksiä. Ilman DNA-analyysiä yhdessä haudatut yksilöt saatettaisiin automaattisesti tulkita sisaruksiksi tai lapseksi ja vanhemmaksi. Jos kuitenkin paljastuu, että henkilöt eivät olekaan geneettisesti sukua, tarvitaan toisenlainen selitys. Esimerkiksi Bad Dürrenbergistä itäisestä Saksasta on löydetty lähes 9 000 vuotta vanha kaksoishauta, johon on haudattu esineistön perusteella shamaanina pidetty 30–40-vuotias nainen ja 6–8 kuukautta vanha poikalapsi. Geneettisessä analyysissä on osoittautunut, että vainajat eivät ole äiti ja poika vaan he ovat keskenään neljännen tai viidennen asteen sukulaisia.²⁹⁷

Sukulaisuudet menneisyyden ja nykypäivän välillä

DNA-analyysit mahdollistavat sukulaisuuksien tutkimisen myös muinaisten ja nykyään elävien ihmisten välillä. Analyyseista pääteltävissä olevat asiat vaihtelevat sen mukaan, onko mielenkiinnon kohteena olevasta arkeologisesta yksilöstä olemassa DNA-dataa ja tiedetäänkö entuudestaan, ketkä nyky-yksilöistä ovat hänelle sukua ja miten (kuva 5.7).

²⁹⁵ Brück & Frieman 2021

²⁹⁶ Brück & Frieman 2021

²⁹⁷ Orschiedt et al. 2023

Muinais-DNA:ta	Nykysukulaisia	
	tunnetaan	ei tunneta
ON	Rikhard III Istuva Härkä	Piispa Henrik Jäämies Ötzi
EI	Ruhtinas Rurik	Tšingis-kaani

Kuva 5.7. Esimerkkitapauksia muinais- ja nyky-yksilöiden geneettisen sukulaisuuden tunnistamisesta jaoteltuna sen mukaan, onko muinaisyksilöstä käytettävissä DNA-tietoa ja tiedetäänkö, keitä hänen nykysukulaisensa ovat. Näitä esimerkkitapauksia käsitellään tarkemmin tekstissä. Kuva: KMG Turku.

Jos muinaisyksilöstä on saatu DNA-näyte ja hänen nykysukulaisensa ovat selvillä, muinais-DNA-näyte voidaan yrittää **autentikoida** eli varmentaa, että tutkitut jäännökset todella kuuluvat sille yksilölle kuin on oletettu vertaamalla näytettä nykysukulaisten perimään. Kuten edellä todettiin, hyvällä onnella autosomaalisen DNA:n avulla pystytään nykydatasta tunnistamaan sukuyhteyksiä noin seitsemän tai kahdeksan sukupolven päähän ja muinaisdatasta viiden tai kuuden sukupolven päähän, satunnaisesti hieman kauemminkin. Jos kyse on ennen 1700-lukua eläneestä yksilöstä, mahdollisuudet tunnistaa sukulaisuus nykyään elävään henkilöön rajoittuvat yleensä isä- ja äitilinjoihin. Tällaisessa tapauksessa pitää tietää, ketkä nyky-yksilöt ovat muinaisyksilön kanssa samaa, katkeamatonta isä- tai äitilinjaa. Vertailtaviksi eivät kelpaa ne nykysukulaiset, joihin sukulinja on kulkenut vuorotellen sekä isien että äitien kautta. Lisäksi isä- ja äitilinjojen todistusvoima on parempi sukulaisuuden poissulkemiseen kuin sen vahvistamiseen. Jos isä- tai äitilinjaisiksi sukulaiseksi oletetuilla yksilöillä on eri Y-kromosomi- tai mitokondriohaploryhmä, he eivät missään tapauksessa ole sukua keskenään suoran isä- tai äitilinjaa kautta. Toisaalta edes yksilöiden jakama haploryhmä ei todista suorasta sukulaisuudesta, koska se voi periytyä kauempaa menneisyydestä. Näin on etenkin tapauksissa, joissa kyseinen haploryhmä on väestössä yleinen.

Isä- ja äitilinjojen vertailulla on todennettu, että Englannista Leicesteristä parkkipaikan alta vuonna 2012 löytynyt luuranko on kuulunut Englannin

kuningas Rikhard III:lle (1452–1485). Vainajan löytöpaikka ja luurangossa havaitut piirteet täsmäsivät historiallisiin tietoihin Rikhard III:n sotavammoista, selän epämuodostuneisuudesta, kuoliniästä ja hautaamisesta.²⁹⁸ Lisäksi hänen mitokondriosekvenssinsä täsmäsi kahteen äitilinjaiseen nykysukulaiseen, toiseen täysin identtisesti ja toiseen yhtä mutaatiota lukuun ottamatta.²⁹⁹ Mutaatio on hyvin ehtinyt tapahtua tutkitun sukulaisten ja Rikhard III:n välisissä 21 sukupolvessa. Lisäksi kyseessä oli harvinainen sekvenssi, jota ei ole havaittu muilla yksilöillä, mikä lisää löydöksen todistusvoimaa. Sen sijaan luurangon Y-kromosomihaploryhmä (G-P287) ei täsmännyt tutkittujen Rikhard III:n isälinjan nykysukulaisten kanssa. Myös tutkitut viisi oletetun isälinjan nykysukulaista edustivat kahta eri Y-kromosomihaploryhmää. Tutkijat pitivät isälinjaerojen todennäköisenä syynä sukupuutiedoista poikkeavia isyyksiä jossain kohtaa isälinjan varrella. Rikhard III:n ja hänen tutkittujen isälinjan sukulaistensa välillä on 24–26 sukupolvea, ja tutkijat laskivat tällaisen väärän isyyden todennäköisyyden olevan kyseisessä sukupuussa vähintään noin 16 prosenttia.³⁰⁰

Tunnistus voidaan tehdä myös päinvastaiseen suuntaan, jos muinaisyksilön henkilöllisyys tai tarkemmin sanoen hänen näytteensä autenttisuus on uskottavan todennäköisesti tiedossa: hänen DNA:nsa perusteella voidaan yrittää vahvistaa tunnettu tai oletettu sukulaisuus nyky-yksilöihin. Hiljakoin pystyttiin eristämään riittävästi DNA:ta muutaman sentin pätkästä lakota-intiaanipäällikkö Tatanka Iyotaken eli Istuvan Härän (n. 1831–1890) hiusta, jotta pystyttiin vahvistamaan vuonna 1948 syntynyt etelädakotalainen Ernie LaPointe päällikön tyttärentyttärenpojaksi.³⁰¹ DNA-tulos oli yhtäpitävä syntymätodistusten kanssa. Selvityksen motiivina ei kuitenkaan ollut kuuluisuuden tai jännityksen tavoittelu sukulaisuuden tunnistamisen kautta. Yhdysvalloissa alkuperäiskansoihin kuuluvilla henkilöillä on laillinen päätösvalta esivanhempiensa jäännösten käsittelyyn, joten tieto sukulaisuudesta vaikuttaa oikeuteen päättää Iyotaken jäännösten hautapaikasta.

Aina muinaisyksilön henkilöllisyyden todentamiseen ei tarvita eläviä sukulaisia, vaan vertailu voidaan tehdä myös ammin kuolleisiin sukulaisiin,

²⁹⁸ King et al. 2014

²⁹⁹ King et al. 2014

³⁰⁰ King et al. 2014

³⁰¹ Moltke et al. 2021

jos heistä on saatavissa DNA-näyte. Tällä tavalla on yritetty autentikoida Wolfgang Amadeus Mozartin kallonäytettä jäännöstä.³⁰² Kallo kaivettiin kymmenen vuotta Mozartin kuoleman jälkeen, vuonna 1801, esiin haudasta, johon oli Mozartin lisäksi haudattu useita muita henkilöitä. Tutkijat saivat kallosta suhteellisen hyvin toimivan DNA-näytteen, josta pystyttiin määrittämään mitokondrio-DNA:n haploryhmä. Sitä verrattiin Mozartin kahden äitilinjän sukulaisen eli äidinäidin ja siskontyttären jäännöksistä määritettyihin haploryhmiin. Tulos oli hämmäntävä: Mozartin kallon haploryhmä ei täsmännyt kummankaan sukulaisen haploryhmään, mutta sukulaisten haploryhmät eivät myöskään täsmänneet keskenään. Arvoitukseksi jäi, ketkä testatuista olivat eri yksilöitä kuin heidän kuviteltiin olevan – samoin se, oliko kiinnostuksen kohteena oleva kallo Mozartin vai ei.

Kaikille arkeologisille yksilöille, joiden DNA:ta onnistutaan tutkimaan, ei ole tiedossa nykyisin eläviä sukulaisia, sillä suurin osa polveutumistiedoista on painunut jo kauan sitten historian hämäriin. Väestörekistereitä ja kirkonkirjoja edeltävinä aikoina poikkeuksen ovat muodostaneet tietyt hallitsija- tai muut ylhäissuvut, ja niistäkin tiedossa ovat useammin isät kuin äidit. Toisaalta näiden sukupuiden isälinjat ovat alttiimpia katkeamaan väärin isyyksien myötä, kuten Rikhard III:n esimerkissä todettiin. Tiedossa tai jäljitettävissä olevien sukulaisen puuttuessa DNA-tutkittujen arkeologisten yksilöiden henkilöllisyyttä ei yleensä voida geneettisesti varmistaa. Suomalaisessa Sugrige-projektissa on esimerkiksi tutkittu kalloa, joka on löytynyt Turun tuomiokirkosta vuoden 1924 kunnostustöiden yhteydessä ja jota on pidetty piispa Henrikin pyhäinjäännöksenä. Kallosta on pystytty eristämään suhteellisen hyvälaatuista DNA:ta. Kalloa ei kuitenkaan pystytä autentikoimaan, sillä piispa Henrikille ei ole tiedossa geneettisiä sukulaisia. Niin ollen DNA-tutkimuksen perusteella ei myöskään ole mahdollista ratkaista kiistaa siitä, oliko piispa Henrik todellinen historiallinen henkilö.³⁰³

Silloinkin, kun muinaisyksilön nykykulaiset eivät ole tiedossa, heitä voi yrittää tunnistaa DNA:n perusteella. Tämä on olennaisesti eri kysymys kuin autentikointi – ja selvästi monimutkaisempi. Kuten yllä todettiin, autosomaalinen tunnistus rajoittuu lähisukupolviin, ja yhteyksiä 1600–1700-lukua edeltäviin yksilöihin on mahdollista löytää vain haploryhmien avulla. Haplo-

302 Harding 2006

303 Heikkilä 2006: 16, 21; vrt. Heikkilä 2016

ryhmillä sukulaisuus näkyy vain suorien isä- tai äitilinjoiden kautta (ks. luku 4). Toisaalta samakaan haploryhmä ei todista suoraa polveutumista vaan kertoo yhteisestä esivanhemmasta, joka on saattanut elää paljon kauempana menneisyydessä. Suoran sukulaisuuden todennäköisyys tosin kasvaa, jos kyseessä on harvinainen haploryhmä. Esimerkiksi Etelä-Tirolin Alpeilta vuonna 1991 löydetyn, noin 5200 vuotta sitten eläneen jäämies Ötzin Y-kromosomihaploryhmä (G2a4-L91) on Euroopassa nykyään varsin harvinainen: sen yleisyys Manner-Euroopassa on alle yksi prosentti, mutta pohjoisessa Sardiiniassa yhdeksän prosenttia ja eteläisellä Korsikalla jopa 25 prosenttia.³⁰⁴ Myös Tiro-lissa se on havaittu 0,5 prosentilla tutkituista miehistä.³⁰⁵ Toisaalta näiden miesten lisäksi moni muukin keski- tai eteläeurooppalainen on varmaankin sukua Ötzille, mutta ei sukupuun suoraa isälinjaa pitkin, niin että se näkyisi Y-kromosomihaploryhmässä, vaan myös mieslinjasta polveutuvien tyttöjen kautta. Ötzin Y-kromosomihaploryhmää kantavien miesten sisaret ovat aivan yhtä läheistä tai kaukaista sukua Ötzille kuin veljensäkin.

Joskus mielenkiinnon kohteena olevasta arkeologisesta yksilöstä ei ole säilynyt jäännöksiä, joista voitaisiin tehdä DNA-analyysi, mutta on tietoa tai vähintäänkin oletuksia siitä, ketkä nyky-yksilöt polveutuvat hänestä. Näin on esimerkiksi Novgorodin varhaisena hallitsijana pidetyn ruhtinas Rurikin tapauksessa. Hänen hautapaikkansa ei ole tiedossa, eikä ole varmuutta siitäkään, oliko hän historiallinen henkilö. Rurik tunnetaan vain keskiaikaisista kronikoista, jotka on kirjoitettu satoja vuosia hänen oletetun elinaikansa (noin 830–879 jaa.) jälkeen. Koko joukko venäläisiä ruhtinassukuja kuitenkin katsoo polveutuvansa hänestä. Kun näiden sukulinjojen miesjälkeläisiä on testattu geneettisesti, on osoittautunut, että varsin monella heistä on sama Y-kromosomihaploryhmä – ei kuitenkaan kaikilla. Tämän Y-haploryhmän yhteistä esi-isää on pyritty ajoittamaan Rurikin elinaikoihin ja osoittamaan skandinaaviseksi, mikä täsmäisi legendaan Rurikin alkuperästä. Ajoitusten ja paikannusten epätarkkuus on kuitenkin suuri, ja siksi osa niiden perusteella tehdyistä johtopäätöksistä vaikuttaa turhan yksioikoisilta.³⁰⁶ Jaettu Y-haploryhmä osoittaa vain sen, että henkilöillä on yhteinen isänpuoleinen esi-isä, mutta ei todista tuon esi-isän henkilöllisyyttä. Sama haploryhmä on

304 Keller et al. 2012

305 Berger et al. 2013

306 Salmela 2021

havaittu myös yhdellä 1200-luvun loppupuolella eläneellä yksilöllä, jota pidetään Rurikin isälinjaisena jälkeläisenä.³⁰⁷ Toisaalta myös aiemmassa muinais-DNA-tutkimuksessa oli mukana kaksi Rurikin isälinjaisena jälkeläisenä pidettyä vainajaa 1000–1200-luvuilta.³⁰⁸ Osoittautui, että kummankaan Y-haploryhmä ei täsmännyt oletettujen nykysukulaisten jakamaan haploryhmään eikä myöskään toisiinsa. DNA-tutkimus ei siis juuri ole selvittänyt Rurikin legendan todenperäisyyttä.

Toisinaan päätelmiä geneettisestä sukulaisuudesta on tehty silloinkin, kun käytettävissä ei ole ollut sen paremmin muinaisyksilön DNA:ta kuin yksityiskohtaisia polveutumistietojakaan. Vuonna 2003 tutkijat esittivät, että tietty Y-haploryhmä (C*(xC3c)), joka on yleinen laajoilla alueilla Aasiassa, olisi peräisin Tšingis-kaanilta.³⁰⁹ Tšingis-kaanin jäännöksiä ei kuitenkaan ole tutkittu, eikä hänen hautapaikkansa ole edes tiedossa. Tutkimuksen päätelmää on sittemmin arvosteltu olettamuksiin perustuvaksi,³¹⁰ varsinkin kun on osoittautunut, että haploryhmä lienee ollut muutenkin yleinen tuon ajan mongoleilla.³¹¹ Lisäksi Tšingis-kaanin oletettujen sukulaisten muinais-DNA-analyseissa on löytynyt useita muitakin haploryhmiä.³¹²

Muinais-DNA ja geneettinen sukututkimus

Nykyään kuka tahansa voi halutessaan yrittää selvittää, ketkä arkeologiset yksilöt ovat hänen sukulaisiaan, sillä kaupalliset geenitestausritykset tarjoavat asiakkailleen sukulaisuusanalysejä osana palveluitaan. Näissä analyyseissa on samat periytymisen lainalaisuuksiin ja geneettisen aineiston laatuun liittyvät rajoitteet kuin yllä on kuvattu, vaikka tämä ei aina tule ilmi yritysten markkinoinnissa tai tulosraporteissa. Niinpä monille kulluttajille voi jäädä epäselväksi, että haploryhmän jakaminen arkeologisen yksilön kanssa ei ole sukulaisuuden välttämätön ehto eikä toisaalta myöskään kiistämätön todiste kovin suorasta sukulaisuudesta. Autosomaalisesta

³⁰⁷ Zhur et al. 2023

³⁰⁸ Margaryan et al. 2020

³⁰⁹ Zerjal et al. 2003

³¹⁰ Batini & Jobling 2017

³¹¹ Wei et al. 2018

³¹² Lkhagvasuren et al. 2016; Wen et al. 2019

aineistosta puolestaan pystytään näkemään sukulaisuuksia vain joitakin sukupolvia eli korkeintaan muutamia vuosisatoja taaksepäin. Testausyritykset saattavat kompensoida analyysien rajoitteita testaamalla asiakkaidensa ja tuhansia vuosia sitten eläneiden yksilöiden sukulaisuuden sijasta näiden yleistä geneettistä samankaltaisuutta ja raportoida sen sukulaisuutena, vaikka kyse on hieman eri asiasta.³¹³ Analyysituloksiin geneettisestä sukulaisuudesta kivikautisten tai varhaisrautakautisten yksilöiden kanssa kannattaa siis suhtautua kriittisesti.

Toinen kaupallisten geenitestausyritysten tarjoama palvelu on etsiä asiakkaidensa välisiä sukulaisuuksia. Ne ovat helpompia tunnistaa kuin yhteydet muinaisyksilöihin, sillä molempien verrattavien yksilöiden geneettinen data on hyvälaatuista. Silti nyky-yksilöiden välisten sukulaisuuksien tunnistamisessa on vääjäämättä rajoitteensa. Parhaassakin tapauksessa autosomaalisesta aineistosta on mahdollista tunnistaa enintään yhdennentoista asteen sukulaisia eli viidensyä serkkuja. Kaikki yhdennentoista tai läheisemmänkään asteen sukulaisparit eivät kuitenkaan jaa perimää keskenään (ks. taulukko 5.1). Ihmisellä on kuitenkin yleensä hyvin monta eriasteista etäserkkuja. Ei ole harvinaista, että joku heistä jakaa tarpeeksi paljon perimää ja on teettänyt itsestään geenitestin, niin että sukulaisuus on tunnistettavissa.

Tietysti voidaan kysyä, mitä merkitystä hyvin kaukaisten sukulaisuuksien tunnistamisella on. Sukututkimuksen kannalta tieto sukulaisuudesta voi olla mielenkiintoinen sellaisenaan, esimerkiksi jos suvussa on tuntemattomaksi jääneitä isiä. Sen sijaan sukulaisuuden biologinen merkitys käy vähäiseksi, kun esimerkiksi viidennen asteen sukulaiset jakavat perimästään keskimäärin enää kolmisen prosenttia. Isä- tai äitilinjan sukulaiset jakavat vain hiukan enemmän: Y-kromosomin koko on alle kaksi prosenttia perimästä, mitokondrion DNA:n alle prosentin sadasosa. Jos haluaa tuntea yhteyttä esivanhempiansa, perusteet on haettava muualta kuin geeneistä.

Kaukaiset sukulaisuudet muuttuvat epäolennaisiksi toisellakin tapaa. Kun ajassa mennään tarpeeksi kauas taaksepäin, kukin arkeologinen yksilö on joko kaikkien nykyään elävien ihmisten esivanhempi tai hänellä ei ole lainkaan nykyään eläviä jälkeläisiä. Niinpä kaikilla nykyisillä ihmisillä on samat muinaiset esivanhemmat. Simulaatioin on arvioitu, että

tällainen tilanne on voinut olla yllättävän lähellä menneisyydessä: kenties 4 200–7 400 vuotta sitten.³¹⁴ Tällä perusteella esimerkiksi noin 5 200 vuotta sitten elänyt jäämies Ötzi saattaa olla kaikkien nykyään elävien ihmisten esi-isä. Ajassa kauemmas taaksepäin mentäessä käy turhaksi yrittää löytää muinaisyksilöille nykysukulaisia. Jos yksikin yhteys löytyisi, sukua olisivat saman tien kaikki muutkin nykyään elävät ihmiset. Vain se vaihtelee, kuinka moneen kertaan kukin esivanhempi esiintyy kenenkin sukupuussa ja paljonko kultakin heistä on periytynyt DNA:ta – useimmilta ei yhtään.

Menetelmien kehityksen vaikutus sukulaisuuden tunnistamiseen

Muinais-DNA-tutkimukset ovat viime vuosina lisänneet huomattavasti ymmärrystä geneettisen sukulaisuuden roolista menneisyyden ihmisyhteisöissä. Tietämys tulee varmasti vielä moninkertaistumaan lähivuosina tutkimusten määrän kasvaessa. Mitä useampia yksilöitä tutkitaan, sitä useampia lähisukulaispareja on mahdollista havaita sekä yksittäisillä arkeologisilla kohteilla että kohteiden välillä. Myös laskennalliset menetelmät sukulaisten tunnistamiseen ovat kehitymässä nopeasti nimenomaan muinai-DNA-aineistoille ominaisten piirteiden huomioimisessa, ja joitakin nykyisten menetelmien rajoitteita pystyttäneen ohittamaan jo lähitulevaisuudessa. Sen sijaan nyky-yksilöiden välisten sukulaisuuksien tunnistus tuskin etenee samanlaisin harppauksin. Tämä johtuu siitä, että esimerkiksi kaupallisten toimijoiden tarjoamissa etäserkkutesteissä tulosten tarkkuutta ei rajoita geneettisen aineiston laatu eikä laskentaohjelmien teho, vaan periytymiselle ominaisista satunnaisilmiöistä johtuva epätarkkuus, jota ei voi menetelmäkehityksellä vähentää.

On selvää, että menneisyyden sukulaisuuskäsitykset – aivan kuten nykyisetkään – eivät ole perustuneet pelkästään biologiselle sukulaisuudelle, eikä muinaisten sukulaisparien tunnistaminen siksi kerro tyhjentävästi menneisyyden sosiaalisista rakenteista. Muinai-DNA-tutkimukset ovat silti avanneet mahdollisuuden geneettisten sukulaisuustulosten ja arkeologisten tulkintojen hedelmälliselle vuoropuhelulle.

314 Rohde et al. 2004

Tutkimuskirjallisuus

- Baghdjian, A. 2011. Half of European men share king Tut's DNA. *Reuters News* 1.8.2011. <https://www.reuters.com/article/oukoe-uk-britain-tutankhamun-dna-idAFTRE7704OR20110801/>
- Barbieri, C., Blasi, D. E., Arango-Isaza, E., Sotiropoulos, A. G., Hammarström, H. et al. 2022. A global analysis of matches and mismatches between human genetic and linguistic histories. *PNAS* 119(47): e2122084119. <https://doi.org/10.1073/pnas.2122084119>
- Batini, C. & Jobling, M. A. 2017. Detecting past male-mediated expansions using the Y chromosome. *Human Genetics* 136(5): 547–557. <https://doi.org/10.1007/s00439-017-1781-z>
- Berger, B., Niederstätter, H., Erhart, D., Gassner, C., Schennach, H. et al. 2013. High resolution mapping of Y haplogroup G in Tyrol (Austria). *Forensic Science International. Genetics* 7(5): 529–536. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2013.05.013>
- Brück, J. & Frieman, C. J. 2021. Making kin: The archaeology and genetics of human relationships. *TATuP* 30(2): 47–52. <https://www.tatup.de/index.php/tatup/article/view/6900>
- Cassidy, L. M., Maoldúin, R. Ó., Kador, T., Lynch, A., Jones, C. et al. 2020. A dynastic elite in monumental Neolithic society. *Nature* 582(7812): 384–388. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2378-6>
- Coop, G. 2013. How many genetic ancestors do I have? *The Coop Lab Population and Evolutionary Genetics UC Davis blog* 11.11.2013. <https://gcbias.org/2013/11/11/how-does-your-number-of-genetic-ancestors-grow-back-over-time/>
- Fowler, C., Olalde, I., Cummings, V., Armit, I., Büster, L. et al. 2022. A high-resolution picture of kinship practices in an Early Neolithic tomb. *Nature* 601(7894): 584–587. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-04241-4>
- Gnecchi-Ruscione, G. A., Rácz, Z., Samu, L., Szeniczey, T., Faragó, N. et al. 2024. Network of large pedigrees reveals social practices of Avar communities. *Nature* 629(8011): 376–383. <https://doi.org/10.1038/s41586-024-07312-4>
- Haak, W., Furmanek, M. & Meller, H. 2023 Multiple graves from Corded Ware sites in Eulau, Oechlitz, and Szczepanowice. Teoksessa: Meller, H., Krause, J., Haak, W. & Risch, R. (toim.) *Kinship, Sex, and Biological Relatedness: The contribution of archaeogenetics to the understanding of social and biological relations*: 171–180. Tagungen des Landesmuseums für Vorgeschichte Halle, Band 26. Heidelberg: Propylaeum. <https://doi.org/10.11588/propylaeum.1280>
- Harding, L. 2006. DNA detectives discover more skeletons in Mozart family closet. *The Guardian* 9.1.2006. <https://www.theguardian.com/world/2006/jan/09/arts.music>
- Heikkilä, T. 2006. *Pyhän Henrikin legenda*. Suomalaisen Kirjallisuuden Seuran toimituksia 1039. 2. painos. Helsinki: Suomalaisen Kirjallisuuden Seura.
- Heikkilä, M. K. 2016. *Kuka oli herra Heinärikki – piispa Henrikin arvoitus*. Tampere: Tampere University Press.
- Huff, C. D., Witherspoon, D. J., Simonson, T. S., Xing, J., Watkins, W. S. et al. 2011. Maximum-likelihood estimation of recent shared ancestry (ERSA). *Genome Research* 21(5): 768–774. <https://doi.org/10.1101/gr.115972.110>
- Keller, A., Graefen, A., Ball, M., Matzas, M., Boisguerin, V. et al. 2012. New insights into the Tyrolean Iceman's origin and phenotype as inferred by whole-genome sequencing. *Nature Communications* 3: 698. <https://doi.org/10.1038/ncomms1701>
- Kennett, D. J., Plog, S., George, R. J., Culleton, B. J., Watson, A. S. et al. 2017. Archaeogenomic evidence reveals prehistoric matrilineal dynasty. *Nature Communications* 8: 14115. <https://doi.org/10.1038/ncomms14115>
- King, T. E., Fortes, G. G., Balaresque, P., Thomas, M. G., Balding, D. et al. 2014. Identification of the remains of King Richard III. *Nature Communications* 5: 5631. <https://doi.org/10.1038/ncomms6631>
- Li, H., Glusman, G., Hu, H., Shankaracharya, Caballero, J. et al. 2014. Relationship estimation from whole-genome sequence data. *PLoS Genetics* 10(1): e1004144. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1004144>
- Lkhagvasuren, G., Shin, H., Lee, S. E., Tumen, D., Kim, J. H., Kim, K. Y., Kim, K., Park, A. J., Lee, H. W., Kim, M. J., Choi, J., Choi, J. H., Min, N. Y. & Lee, K. H. 2016. Molecular genealogy of a mongol queen's family and her possible kinship with Genghis Khan. *PLoS One*, 11(9), e0161622. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0161622>
- Margaryan, A., Lawson, D. J., Sikora, M., Racimo, F., Rasmussen, S. et al. 2020. Population genomics of the Viking world. *Nature* 585(7825): 390–396. <https://doi.org/10.1038/s41586-020-2688-8>

- Massy, K., Friedrich, R., Mittnik, A. & Stockhammer, P.W. 2022. Pedigree-based Bayesian modelling of radiocarbon dates. *PLoS One*, 17(6), e0270374. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0270374>
- Mathieson, I. & Scally, A. 2020. What is ancestry? *PLoS Genetics* 16(3): e1008624. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1008624>
- Mittnik, A., Massy, K., Knipper, C., Wittenborn, F., Friedrich, R. et al. 2019. Kinship-based social inequality in Bronze Age Europe. *Science* 366(6466): 731–734. <https://doi.org/10.1126/science.aax6219>
- Moilanen, U. 2021. *Variations in inhumation burial customs in Southern Finland (AD 900–1400): Case studies from Häme and Upper Satakunta*. Annales Universitatis Turkuensis, Hum B 555. Turku: University of Turku. <https://www.utupub.fi/handle/10024/152659>
- Moilanen, U., Salmela, E. & Honkola, T. 2023. Families on the Move? The case of Iron Age Proto-Finnic speakers. Teoksessa: Lahelma, A., Lavento, M., Mannermaa, K., Ahola, M., Holmqvist, E., Nordqvist, K. (toim.) *Moving Northward: Professor Volker Heyd's Festschrift as he turns 60: 311–329*. Monographs of the Archaeological Society of Finland 11. Helsinki: Suomen arkeologinen seura.
- Moltke, I., Korneliusen, T. S., Seguin-Orlando, A., Moreno-Mayar, J. V., LaPointe, E. et al. 2021. Identifying a living great-grandson of the Lakota Sioux leader Tatanka Iyotake (Sitting Bull). *Science Advances* 7(44): eabh2013. <https://doi.org/10.1126/sciadv.abh2013>
- Nordfors, U., Peltola, S., O'Sullivan, R. J., Lamnidis, T., Majander, K. et al. (*tulossa*) Archaeogenetics reveals fine-scale genetic continuity and patterns of kinship and health in medieval Finland.
- Orschiedt, J., Haak, W., Dietl, H., Siegl, A. & Meller, H. 2023. The shaman and the infant: The Mesolithic double burial from Bad Dürrenberg, Germany. Teoksessa: Meller, H., Krause, J., Haak, W. & Risch, R. (toim.) *Kinship, Sex, and Biological Relatedness: The contribution of archaeogenetics to the understanding of social and biological relations: 125–136*. Tagungen des Landesmuseums für Vorgeschichte Halle, Band 26. Heidelberg: Propylaeum. <https://doi.org/10.11588/propylaeum.1280>
- Pappas, S. 2011. King Tut related to half of European men? Maybe not. *LiveScience* 4.8.2011. <https://www.livescience.com/15388-discovery-channel-tutankhamen-dna.html>
- Penske, S., Küßner, M., Rohrlach, A. B., Knipper, C., Nováček, J. et al. 2024. Kinship practices at the early bronze age site of Leubingen in Central Germany. *Scientific reports* 14(1): 3871. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-54462-6>
- Rivollat, M., Rohrlach, A. B., Ringbauer, H., Childebayeva, A., Mendisco, F. et al. 2023. Extensive pedigrees reveal the social organization of a Neolithic community. *Nature* 620(7974): 600–606. <https://doi.org/10.1038/s41586-023-06350-8>
- Rohde, D. L., Olson, S. & Chang, J. T. 2004. Modelling the recent common ancestry of all living humans. *Nature* 431(7008): 562–566. <https://doi.org/10.1038/nature02842>
- Saag, L., Laneman, M., Varul, L., Malve, M., Valk, H. et al. 2019. The arrival of Siberian ancestry connecting the Eastern Baltic to Uralic speakers further east. *Current Biology* 29(10): 1701–1711. e16. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2019.04.026>
- Saari, N.-J. 2022. *The genetic makeup and social organisation in Early Medieval coastal Southwest Finland*. Master's thesis. University of Helsinki.
- Salmela, E. 2021. Ruhtinas ja ruhtinaan pojat – paljastavatko geenit Venäjän perustajana pidetyn Rurikin alkuperän? *Kalmistopiiri* 27.10.2021. <https://kalmistopiiri.fi/2021/10/27/ruhtinas-ja-ruhtinaan-pojat-paljastavatko-geenit-venajan-perustajana-pidetyn-rurikin-alkuperan/> [viitattu 18.10.2023]
- Sánchez-Quinto, F., Malmström, H., Fraser, M., Girdland-Flink, L., Svensson, E. M. et al. 2019. Megalithic tombs in western and northern Neolithic Europe were linked to a kindred society. *PNAS* 116(19): 9469–9474. <https://doi.org/10.1073/pnas.1818037116>
- Sedig, J. W., Olalde, I., Patterson, N., Harney, É. & Reich, D. 2021. Combining ancient DNA and radiocarbon dating data to increase chronological accuracy. *Journal of Archaeological Science* 133: 105452. <https://doi.org/10.1016/j.jas.2021.105452>
- Sjögren, K. G., Olalde, I., Carver, S., Allentoft, M. E., Knowles, T. et al. 2020. Kinship and social organization in Copper Age Europe. A cross-disciplinary analysis of archaeology, DNA, isotopes, and anthropology from two Bell Beaker cemeteries. *PLoS One* 15(11): e0241278. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0241278>
- Villalba-Mouco, V., Oliart, C., Rihuete-Herrada, C., Rohrlach, A. B., Fregeiro, M. I. et al. 2022. Kinship practices in the early state El Argar society from Bronze Age Iberia. *Scientific Reports* 12(1): 22415. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-25975-9>

- Wei, L. H., Yan, S., Lu, Y., Wen, S. Q., Huang, Y. Z. et al. 2018. Whole-sequence analysis indicates that the Y chromosome C2*-Star Cluster traces back to ordinary Mongols, rather than Genghis Khan. *European Journal of Human Genetics* 26(2): 230–237. <https://doi.org/10.1038/s41431-017-0012-3>
- Wen, S. Q., Yao, H. B., Du, P. X., Wei, L. H., Tong, X. Z. et al. 2019. Molecular genealogy of Tusi Lu's family reveals their paternal relationship with Jochi, Genghis Khan's eldest son. *Journal of Human Genetics* 64(8): 815–820. <https://doi.org/10.1038/s10038-019-0618-0>
- Zerjal, T., Xue, Y., Bertorelle, G., Wells, R. S., Bao, W. et al. 2003. The genetic legacy of the Mongols. *American Journal of Human Genetics* 72(3): 717–721. <https://doi.org/10.1086/367774>
- Zhur, K. V., Sharko, F. S., Sedov, V. V., Dobrovolskaya, M. V., Volkov, V. G. et al. 2023. The Rurikids: The first experience of reconstructing the genetic portrait of the ruling family of Medieval Rus' based on paleogenomic data. *Acta Naturae* 15(3): 50–65. <https://doi.org/10.32607/acta-naturae.23425>

6

Arkeogenetiikka yksilöllisten ominaisuuksien jäljillä

Ulla Nordfors

 <https://orcid.org/0000-0002-4213-4061>

Arkeogenetiikka voi toisinaan tarjota yksityiskohtaista tietoa menneisyyden ihmisistä ja heidän henkilökohtaisista ominaisuuksistaan. Muinais-DNA:sta poimitun tiedon tarkkuus ja luotettavuus riippuvat kuitenkin tarkasteltavasta ominaisuudesta, DNA:n määrästä ja laadusta sekä DNA:n käsittelyyn ja laskentaan käytetyistä menetelmistä (ks. luku 1). **Kromosomeista** määritettävä geneettinen sukupuoli sekä sellaiset ominaisuudet, joihin vaikuttaa vain yksi geeni, voidaan usein määrittää luotettavasti, jos DNA:ta on säilynyt tarpeeksi. Sen sijaan fyysiset piirteet ja varsinkin persoonallisuusominaisuudet, lahjakkuus tai älykkyys ovat monimutkaisempia ja vaikeampia ennustaa, sillä monet näistä ominaisuuksista ovat kymmenien tai jopa satojen geenien yhteisvaikutuksen tulosta, eikä kaikkia taustalla vaikuttavia geenejä välttämättä tunneta. Lisäksi useat ominaisuudet ovat **monitekijäisiä** eli niihin vaikuttaa geenien lisäksi myös ympäristö. Esimerkiksi Ludvig van Beethovenin hiuskiehkurasta eristetyn DNA:n tutkimuksen perusteella säveltäjämestarilla oli heikkoon rytmitajuun yhdistettäviä geenejä,³¹⁵ vaikka historia on osoittanut tämän ominaisuuden paikkansa pitämättömäksi.

Siitä huolimatta, että osa ihmisen ominaisuuksista on vaikeasti määritettävissä geenien perusteella, voidaan arkeogeneettisessä tutkimuksessa

³¹⁵ Wesseldijk et al. 2024

jossain määrin pohtia sitä, mikä merkitys erilaisilla geneettisillä piirteillä ja ominaisuuksilla saattoi olla ihmisille yksilönä tai osana yhteisöä. Lisäksi voidaan yleisesti miettiä, mikä merkitys näillä tiedoilla on nykypäivän ihmisille.

Geneettinen sukupuoli

Arkeologit ovat jo kauan olleet kiinnostuneita muinaisyksilöiden sukupuolesta, sillä sen tunnistaminen auttaa tutkimaan esimerkiksi sitä, miten työt, valta ja sosiaaliset vastuut jakautuivat sukupuolten välillä eri aikakausina, millaisia perherakenteet olivat ja millaisia sukupuolittuneita käytänteitä menneisyydessä oli. Vainajien sukupuoli on tavallisesti määritelty **osteologisesti** eli luita tarkastelemalla. Muinais-DNA:han perustuva sukupuolenmääritys tarjoaa kuitenkin huomattavaa lisätietoa etenkin huonosti säilyneen luuaineiston sekä lasten ja nuorten kohdalla. Huonosti säilyneessä luuaineistossa ei välttämättä ole riittävästi materiaalia osteologiseen sukupuolenmääritykseen. Nuoren ihmisen sukupuolta ei taas voi määrittää luotettavasti pelkästään luita tutkimalla,³¹⁶ sillä sukupuolille tyypilliset luuston eroavaisuudet kehittyvät vasta murrosiässä. Geneettisen sukupuolen selvittäminen on kuitenkin suhteellisen helppoa: sukupuolen määrittämiseen riittää pieni määrä DNA-dataa, josta on mahdollista laskea eri **sukupuolikromosomeihin** liittyvien **DNA-markkereiden** suhteelliset osuudet.

Tavallisesti vartaloltaan naistyyppillisillä henkilöillä on sukupuolikromosomit XX ja miestyyppillisillä XY (kuva 6.1, ks. suomalaisista arkeologisista yksilöistä taulukko 6.1). Ennen osteologisten menetelmien ja muinais-DNA-tutkimusten yleistymistä luotettiin hautojen sisältämään esineistöön sukupuolen ilmentäjänä, ja esimerkiksi aseiden kanssa haudattua henkilöä voitiin automaattisesti pitää miehenä. Moni hautaesineistön tai luuston perusteella naiseksi tai mieheksi määritetystä yksilöstä on kuitenkin myöhemmissä analyyseissä osoittautunut eri geneettisen sukupuolen edustajaksi kuin alun perin oli ajateltu.³¹⁷

³¹⁶ esim. Pape & Jalongo 2023

³¹⁷ esim. Hansen et al. 2017; Hedenstierna-Jonson et al. 2017; Moilanen et al. 2022

Sukupuolen käsitteet ovat monimuotoisia ja kulttuurisidonnaisia. Tämä ilmenee esimerkiksi joidenkin alkuperäiskansojen sukupuolikäsityksissä. Useilla kansoilla on ollut kolmannen, neljännen tai jopa viidennen sukupuolen edustajia.³¹⁸ Eri kulttuurien vaihtelevat käytännöt voivat antaa viitteitä siitä, että sukupuolikäsitykset eivät olleet menneisyydessäkään muuttumattomia tai aina yksiselitteisesti kaksinapaisia (**binäärisiä**),³¹⁹ vaikka joissakin yhteisöissä sukupuolijärjestelmä saattoikin perustua tiukkaan biologiseen kaksijakoisuuteen.³²⁰ Kulttuurinen ja arkeologinen konteksti on huomioitava myös geneettisen sukupuolenmäärittelyn tuloksia tulkittaessa, sillä DNA itsessään ei koskaan kerro, millaisia sosiaalisia odotuksia eri sukupuoliin kohdistui tai millainen oli eri sukupuolten asema tai rooli yhteisöissä. Genetiikka tai arkeologia eivät myöskään koskaan paljasta menneisyyden ihmisten kokemuksia itsestään, mutta arkeologisen kontekstin avulla on mahdollista tutkia sukupuolen ilmaisun eri tapoja.

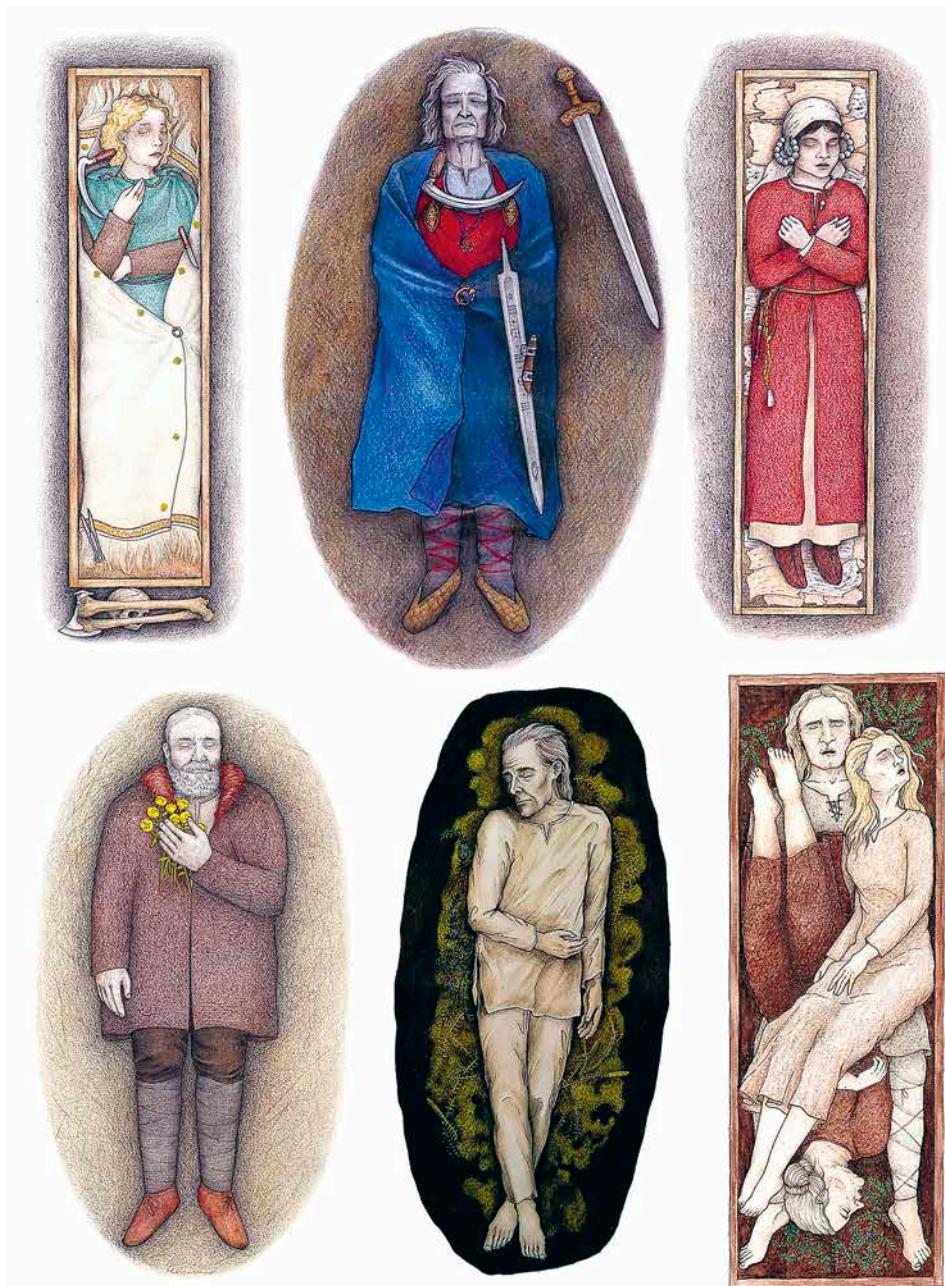
Muiden nisäkkäiden tavoin ihmisellä on **diploidi** kromosomisto, eli yksilön kromosomistossa on kustakin kromosomista kaksi kopiota: toinen isältä ja toinen äidiltä. Toisinaan solunjakautumisessa tapahtuu kuitenkin toimintahäiriö, jonka vuoksi jotakin yksittäistä kromosomia voi olla muu määrä kuin kaksi. Tällaista tilannetta kutsutaan **aneuploidiaksi**. Aneuploidioita on erilaisia: kromosomiparista voi puuttua toinen kromosomi (**monosomia**), tai solussa voi olla kromosomista kahden sijasta kolme (**trisomia**) tai useampia kopioita. Ihmisen yleisin aneuploidia on trisomia, joista yleisin on Downin oireyhtymää aiheuttava kromosomin 21 trisomia (ks. luku 7).

Toisin kuin muiden kromosomien aneuploidiat, **sukupuolikromosomien** trisomiat (kuva 6.1) eivät yleensä aiheuta kehitysvammaisuutta, mutta ne voivat vaikuttaa esimerkiksi sukupuolielinten ulkonäköön tai muihin kehon fyysisiin ominaisuuksiin. Yleisin sukupuolikromosomien trisomia on XXY eli Klinefelterin oireyhtymä, jossa yleensä pojaksi syntymässä

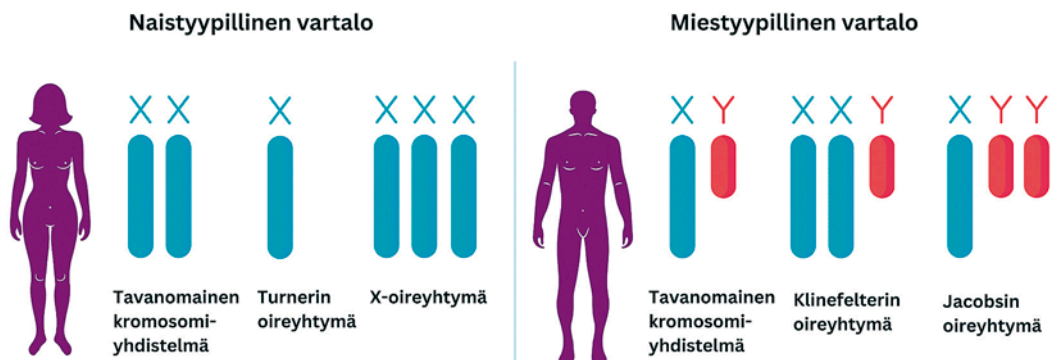
³¹⁸ esim. Roscoe 1998

³¹⁹ ks. sukupuolen ilmaisusta arkeologisessa aineistossa esim. Pape & Jalongo 2023; Stratton 2016

³²⁰ Tiukan binäärisiä yhteisöjä oli esimerkiksi Keski-Euroopassa pronssikaudella, ks. Gaydarska et al. 2023; Rebay-Salisbury et al. 2025, kun taas osassa rautakauden yhteisöistä sukupuolen ilmaisu oli joustavampaa.



Kuva 6.2. Tutkimukseen perustuvia kuvituskuvia tekstissä käsitellyistä haudoista. Ylhäällä vasemmalta oikealle: Eura Luistari hauta 404, Hattula Suontaka, Hiitola Kalmistomäki hauta 13. Alhaalla vasemmalta oikealle: Pälkäne Rauniokirkko hauta 8/2022, Valkeakoski Toppolanmäki hauta 3/1937 ja Valkeakoski Toppolanmäki hauta 2/1936. Piirrookset: Veronika Paschenko.



Kuva 6.1. Sukupuolikromosomit ja niiden aneuploidioita. Lääketieteessä tilannetta, jossa sukupuolielimet, hormonitoiminta tai kromosomit eivät ole yksiselitteisesti nais- tai miestyyppillisiä, kutsutaan intersukupuolisuudeksi. Vaikka kuvassa esitetyt aneuploidiat liittyvät useimmiten joko nais- tai miestyyppilliseen vartaloon, ei intersukupuolisuus määritä henkilön sukupuoli-identiteettiä tai kokemusta itsestään. Kuva: Ulla Nordfors.

määritellyllä lapsella on ylimääräinen X-kromosomi.³²¹ Aikuisella XXY-yksilöllä on tavallisesti miestyyppillinen keho, mutta fyysisiin piirteisiin voi harvoissa tapauksissa kuulua rintakudoksen kasvua, kivenesten pienikokoisuutta ja naistyyppillistä karvoitusta. XXY-trisomia ei ole erityisen harvinaisen, sillä sitä esiintyy noin yhdellä 500–600:sta syntyvästä poikalapsesta.³²² Muinais-DNA-tutkimuksen perusteella myös Hattulan Suontaan ristiretki-aikaisella (n. 1050–1150 jaa.) vainajalla on todennäköisesti ollut tällainen sukupuolikromosomiyhdistelmä.³²³ Se ei kuitenkaan selitä, miksi todennäköisesti miesvartaloinen henkilö oli puettu aikakauden naisille tyyppilliseen **peplosmekkkoon**, ja miksi hauta oli varustettu sekä naisiin että miehiin yhdistetyllä esineistöllä (kuva 6.2).

Suontaan hauta ei vaikuta siltä, että vainajaa olisi pyritty halventamaan vaatevalinnalla. Hauta oli varustettu rikkaasti ja vainaja oli peitelty lämpimästi, mikä kertoo hautaustilanteesta osoitetusta huolenpidosta ja arvostuksesta. Haudan ylempiin osiin oli myös kätkeyty näyttävä pronssikahvainen miekka, mikä saattaa korostaa henkilön tai tämän muiston merkitystä yhteisössä. On mahdollista, että Suontaan henkilön sosiaalinen rooli yhteisössä ylitti naisiin ja miehiin tavallisesti liitetyjä odotuksia

321 Nielsen & Wohlert 1991

322 Nielsen & Wohlert 1991

323 Moilanen et al. 2022

ja normeja. Esimerkiksi tietäjät, joilla uskottiin olevan kyky ylittää elävien ja kuolleiden maailmojen rajat, saattoivat rikkoa myös sukupuolirajoja.³²⁴ Suontaan henkilö tai muut hänen yhteisönsä jäsenet eivät voineet tietää poikkeuksellisesta kromosomiyhdistelmästä. On kuitenkin mahdollista, että XXY-yksilöillä testosteronia erittyy vähemmän kuin XY-yksilöillä, jolloin murrosiässä alkava äänenmurros ja parrankasvu voivat jäädä tapahtumatta. Lisäksi XXY-yksilöt voivat olla lapsettomia.³²⁵ XXY-kromosomit eivät määritä henkilön sukupuoli-identiteettiä tai kokemusta itsestään,³²⁶ mutta yllä mainitut fyysiset ominaisuudet olisivat luultavasti olleet sellaisia piirteitä, joihin yhteisö kiinnitti huomiota. On myös yhtä hyvin mahdollista, että oireyhtymä ei ollut millään tavalla havaittavissa ulospäin. Siksi voikin olla sattumaa, että Klinefelterin oireyhtymä on havaittu juuri Suontaan haudasta, jossa oli poikkeuksellinen yhdistelmä esineitä. Muualla Euroopassa muinais-DNA-tutkimukset ovat paljastaneet eriaikaisia ja eri kulttuureihin kuuluvia XXY-yksilöitä, mutta toisin kuin Suontaan henkilö, yksikään näistä ei ole peräisin sellaisesta hautauksesta, joka olisi esineistönsä tai hautaus-tapansa vuoksi askarruttanut tutkijoita.³²⁷

Geenit ja korvavaikku

Korvavaha eli vaikku on korvakäytävän rauhasen muodostamaa eritettä, jonka tehtävänä on suojata ja kosteuttaa korvakäytävän ihoa. Korvavahan ominaisuuksien selvittäminen on suhteellisen suoraviivaista myös muinaisilta yksilöiltä, sillä ominaisuuksia säätelee vain yksi geeni. *ABCC11*-geenin **C-alleeli** saa aikaan kostean, keltaisen vaikutun, kun taas Itä-Aasiassa syntynyt T-variantti tuottaa **homotsygoottisena** (TT) harmaan, kuivan vaikutun.³²⁸ **Dominantisti** periytyvä C-variantti on yleisempi Euroopassa ja Afrikassa, T puolestaan Itä-Aasiassa ja Amerikan alkuperäiskansoilla. Nykyeurooppalaisista noin kymmenen prosenttia kantaa TT-muotoa.³²⁹

³²⁴ Price 2002: 271–273

³²⁵ Visootsak & Graham 2006

³²⁶ Ks. esim. Griffiths 2018

³²⁷ Anastasiadou et al. 2024

³²⁸ Yoshiura et al. 2006

³²⁹ Yoshiura et al. 2006



Kuva 6.3. Rautakautisia korvalusikoita Mikkelin Tuukkalasta (KM 2481: 80) (ylin ja toiseksi alin), Räisälän Hovinsaaresta (KM 2592: 9) (toiseksi ylin) ja Tampereen Vilusenharjusta (alin) (KM 17208: 620). Kuva: Ulla Nordfors.

Nykytiedon mukaan korvakäytävään ei kannata työntää mitään ylimääräistä, mutta historiallisesti korvalusikoita (kuva 6.3) tiedetään käytetyn vaikon poistamiseen monissa Aasian ja Euroopan kulttuureissa. Arkeologisten löytöjen perusteella korvalusikat ovat olleet melko yleisiä esineitä muun muassa antiikin Roomassa, anglosaksisessa Englannissa, viikinkiajan Skandinaviassa ja ristiretkiajan Suomessa. Rautakauden Skandinaviassa ja Suomessa korvalusikat ovat liittyneet naisten pukeutumiseen, ja niitä on pidetty näkyvällä paikalla rintakehällä kannetuissa ketjulaiteissa. Kenties korvalusikoiden esillä pitämisellä korostettiin mahdollisuutta huolehtia puhtaudesta ja hygieniasta.³³⁰

Ajoittain kuulee väitettävän, että korvalusikat sopisivat erityisen hyvin kuivan vaikkutyypin puhdistamiseen korvasta. Tämä ajatus on todennäköisesti ihmisten matkakokemuksiin ja mielipiteisiin liittyvä moderni myytti,³³¹ sillä korvalusikoita on jo kauan esiintynyt alueilla, joilla suurin osa ihmisistä kantaa kostean korvavaikon geenimuotoa. Joiltakin Suomen alueelta löydetyiltä arkeologisilta yksilöiltä on pystytty määrittämään korvavaikkuun vaikuttava geenimuoto (taulukko 6.1). Kaikilla tutkituilla yksilöillä vaikku

³³⁰ Etu-Sihvola & Moilanen 2022

³³¹ vrt. esim. Mosher 1985: 51

on ollut kostea ja keltainen. Muutama yksilö, kuten Valkeakosken Toppolanmäen kolmoishautaan haudattu mies (kuva 6.2), on kuitenkin kantanut *ABCC11*-geenistä CT-muotoa.

ABCC11-geeni vaikuttaa korvavahan lisäksi myös hien hajuun. Ihmiset, joilla on kostea korvavaha, tarvitsevat yleensä deodoranttia hajun hallintaan, kun taas kuiva vaikka liittyy hajuttomaan kainalohikeen. Ihmisillä, joilla on *ABCC11*-geenistä **heterotsygoottinen** CT-muoto, on kostea korvavaha mutta mahdollisesti vähemmän voimakas hienhaju kuin ihmisillä, joilla on geenistä homotsygoottinen CC-muoto.³³² Suhtautuminen kehon hajuun ja hikeen on vaihdellut eri aikoina. Antiikin Roomassa käytettiin parfyymeja ja hygieniatuotteita peittämään kehon hajua, sillä hiki yhdistettiin sairauteen ja elämellisyyteen.³³³ Myöhemmin asenteet hikeä kohtaan ovat olleet vaihtelevasti hyväksyvämpiä tai torjuvampia, ja siihen on yhdistetty monia eri asioita maskuliinisuudesta seksuaaliseen viehätysvoimaan ja kehon puhdistautumiseen.³³⁴ Ei kuitenkaan tiedetä, miten tuhannen vuoden takaisessa Suomessa suhtauduttiin hikeen, koettiin se yleisesti epämiellyttäväksi, ja pyrittiinkö sen hajua jollakin tavalla poistamaan tai peittämään. Siksi on mahdotonta tietää, erotuiko Toppolanmäen mies muista yhteisönsä jäsenistä ominaisuuden vuoksi.

Kukkaistuoksun haistajat

Ihmisen nenäontelossa on hajuhieron reseptorisoluja, jotka aktivoituvat hajumolekyylien joutuessa kosketuksiin solujen kanssa. Näin syntyy hajuaistimus.³³⁵ Yksilöiden kyky haistaa erilaisia hajuja ja tuoksuja kuitenkin vaihtelee hajureseptoreiden eroista johtuen. Yksi eroista liittyy kykyyn haistaa kemiallinen yhdiste β -iononi, jota esiintyy muun muassa ruusuissa, keto-orvokissa, yrteissä sekä monissa hedelmissä ja vihanneksissa, kuten vadelmissa ja omenoissa.³³⁶ Nykyisin β -iononia käytetään hajuste- ja elintarviketeollisuudessa, sillä sen tuoksu on miellyttävän kukkainen.³³⁷

332 Nakano et al. 2009

333 Bradley 2015: 137–138

334 Stolberg 2012: 503

335 Lyly et al. 2022

336 Dong et al. 2019; Larsen et al. 1991; Jaeger et al. 2014; Paparella et al. 2021

337 Paparella et al. 2021

Tutkimusten mukaan yksilön herkkyys haistaa β -iononin aikaansaama kukkaistuoksu riippuu lähes täysin yhdestä geenimuodosta *OR5A1*-geenisä: yhden tai kahden G-alleelin kantajat voivat havaita β -iononin pienemmästä määrästä kuin AA-yksilöt, ja he kokevat tuoksun yleisesti miellyttävän kukkaisena.³³⁸ Sama geenimuoto vaikuttaa myös siihen, miten β -iononin aikaansaama tuoksu tulkitaan. Nykytutkimusten mukaan β -iononille herkemmat GA ja GG-alleelien kantajat yleensä pitävät yhdisteen aikaansäämasta tuoksusta, ja he liittävät siihen AA-yksilöitä useammin positiivisia mielikuvia. Sen sijaan henkilöt, joilla on epäherkkä AA-**genotyyppi**, saattavat kokea saman tuoksun terävänä tai pistävänä, minkä vuoksi nämä yksilöt eivät välttämättä pidä vahvasti tuoksuvista kotitaloustuotteista.³³⁹ Tutkimuksissa on myös havaittu ominaisuuden yhteys makuaistiin, sillä β -iononille herkemmat G-alleelin kantajat maistavat yhdisteen helpommin ja pitävät sitä useammin miellyttävänä kuin AA-yksilöt.³⁴⁰

Maailmanlaajuisesti noin 40 prosentilla nykyihmisistä on epäherkkä AA-variantti, eli suurin osa ihmisistä kuuluu herkkiin haistajiin.³⁴¹ Syytä tähän ei kuitenkaan tiedetä. Täsmälleen samalla tavalla vaihtelevia geenimuotoja on havaittu myös neandertalinihmisillä, joten kyseessä on ilmeisesti vanha ihmislajin ominaisuus.³⁴²

Suomesta löytyneistä arkeologisista yksilöistä Pälkäneen rauniokirkon kohdalle 1200-luvun lopussa haudattu nainen (hauta 2/2022) kantoi *OR5A1*-geenisään GA-geenimuotoa, samoin haudan 11/2022 1600-luvulla elänyt nainen (kuva 6.7) sekä Tampereen Vilusenharjun kalmistoon (hauta 39) haudattu mies. Edellä mainittujen tutkimustulosten perusteella voidaan esittää, että nämä henkilöt ovat kenties olleet hyviä haistamaan kesäisten kukkien tuoksun, ja he ovat mahdollisesti saattaneet myös nauttia siitä. Sen sijaan Pälkäneelle 1200-luvun alussa haudatulla naisella (hauta 9/2022) ja myöhemmin 1200-luvulla kaksoishautaan 7/2022 lasketulla miehellä oli geenimuoto AA. Jos nämä yksilöt eläisivät nykypäivänä, he eivät luultavasti pitäisi voimakkaan hajuisista pesuaineista tai tuoksukynttilöistä.

338 Jaeger et al. 2013; Jaeger et al. 2014

339 Jaeger et al. 2013

340 Jaeger et al. 2013; Jaeger et al. 2014

341 Jaeger et al. 2014

342 Jaeger et al. 2013

Taulukko 6.1. Kahdenkymmenen Suomesta löydetyn arkeologisen yksilön geneettisiä ominaisuuksia: geneettinen sukupuoli, korvavahan tyyppi, mahdollinen kronotyyppi (uni-valverytmi), laktoosin-sietokyky ja ABO-järjestelmän mukainen veriryhmä. Kaikilla taulukon yksilöillä muinais-DNA:ta ei ole säilynyt riittävästi ominaisuuksien selvittämiseen. Veriryhmien tapauksessa monilla yksilöillä on säilynyt ainoastaan osa ABO-geenistä, jolloin saattaa olla mahdollista arvioida ainoastaan sitä, mihin veriryhmään henkilö ei ainakaan kuulu.

Kohde ja yksilön tunnistus	Hauta	Ajoitus	Geneettinen sukupuoli	Korvavahaan vaikuttava <i>ABCC71</i> -geenin variantti (rs17822931)	Kronotyyppiin vaikuttava <i>PER1</i> -geenin variantti (rs7221412)	Laktoosin-sietokyky	Veriryhmään vaikuttavat <i>ABO</i> -geenin variantit
Eura Luistari TU480	404	1100-luku	XX	-	Keskiverto herääjä (ilta- ja aamuvirkun välillä) (A;G)	Tolerantti	-
Hattula Ruskeen-kärki RSK001	B/1955	800–900-luku	XX	Kostea keltainen (C;C)	Aikainen herääjä (A;A)	Intolerantti	-
Hattula Suontaka VES001	1/1968	1000–1100-luku	XXY	-	-	-	-
Hiitola Kalmistomäki HI1004	13	1300-luku	XX	Kostea keltainen (C;C)	Keskiverto herääjä (A;G)	Intolerantti	A tai O rs7853989 (G;G)
Kuusamo Lehtoniemi KUU001	-	1500–1600-luku	XY	Kostea keltainen (C;T)	Keskiverto herääjä (A;G)	Tolerantti	A rs7853989 (G;G) rs8176746 (C;C) rs8176747(G;G)
Pälkäne Ristiänmäki PLN004	2/1983	1100–1200-luku	XY	Kostea keltainen (C;T)	Aikainen herääjä (A;A)	Tolerantti	A rs8176746 (C;C) rs8176747 (G;G)
Pälkäne Raunio-kirkko PKN002	2/2022	1200-luku	XX	-	Keskiverto herääjä (A;G)	Intolerantti	B rs505922 (C;C) rs7853989 (C;G) rs8176746 (A;C)
Pälkäne Raunio-kirkko PKN006	7/2022	1200-luku	XY	Kostea keltainen (C;T)	Keskiverto herääjä (A;G)	Tolerantti	B rs505922 (C;C) rs7853989 (G;G) rs8176746 (A;A)
Pälkäne Raunio-kirkko PKN009	8/2022	1200-luku	XY	-	-	-	-
Pälkäne Raunio-kirkko PKN008	9/2022	1200-luku	XX	Kostea keltainen (C;C)	Aikainen herääjä (A;A)	Tolerantti	A rs7853989 (G;G) rs8176746 (C;C) rs8176747(G;G)
Pälkäne Raunio-kirkko PKN007	11/2022	1600-luku	XX	Kostea keltainen (C;C)	Keskiverto herääjä (A;G)	Tolerantti	A tai O rs7853989 (G;G)rs505922 (T;T)
Pälkäne Raunio-kirkko PKN012	14/2022	1800-luku	XY	-	Aikainen herääjä (A;A)	Tolerantti	-
Raisio Kansakoulunmäki RK2004	6/1959	1100-luku	XX	-	-	Tolerantti	A tai O rs7853989 (G;G)
Raisio Kansakoulunmäki RK2009	17/1959	1100-luku	XX	Kostea keltainen (C;C)	Aikainen herääjä (A;A)	Tolerantti	-
Sipoo Eestiluoto EEL001	-	1500–1600-luku	XY	Kostea keltainen (C;T)	Keskiverto herääjä (A;G)	Tolerantti	-
Tampere Vilusenharju TMP003	39	1100–1200-luku	XY	Kostea keltainen (C;C)	Myöhäinen herääjä (G;G)	Tolerantti	-
Valkeakoski Toppolanmäki TOM004	2/1936	1100-luku	XX	-	Keskiverto herääjä (A;G)	Tolerantti	-
Valkeakoski Toppolanmäki TOM005	2/1936	1100-luku	XX	-	Keskiverto herääjä (A;G)	Intolerantti	B tai AB rs7853989 (C;G)
Valkeakoski Toppolanmäki TOM006	2/1936	1100-luku	XY	Kostea keltainen (C;T)	Keskiverto herääjä (A;G)	Tolerantti	A rs8176746 (C;C) rs8176747 (G;G)
Valkeakoski Toppolanmäki TOM001	3/1937	1100-luku	XY	Kostea keltainen (C;C)	Keskiverto herääjä (A;G)	Intolerantti	A rs7853989 (G;G) rs8176746 (C;C) s8176747 (G;G)

Laktoosinsietokyky

Laktaasi on **entsyymi**, joka pilkkoo laktoosin eli maidossa ja maitotuotteissa esiintyvän sokerin ohutsuolessa. Näin maitosokeri voi imeytyä verenkiertoon, ja elimistö voi käyttää sen sisältämän energian hyödyksi. Eurooppalaisten väestöjen laktoosinsietokyky johtuu pääasiassa laktaasientsyymiä koodaavan *LCT*-geenin säätelyalueella tapahtuneesta **mutaatiosta**, jonka seurauksena entsyymien tuotanto jatkuu aikuisuuteen saakka.³⁴³ Tämä mahdollistaa maitotuotteiden sietämisen myös aikuisena.

Ihmisten elimistön kyky pilkkoo laktoosia vaihtelee väestöittäin. Saharan eteläpuolisissa afrikkalaisväestöissä laktoosi-intolerantteja on noin 77–100 prosenttia, aasialaisissa ja eteläamerikkalaisissa väestöissä paikoin noin 80 prosenttia, kun taas länsi- ja pohjoiseurooppalaisissa väestöissä heitä on vain noin 4–36 prosenttia – nykysuomalaisista noin 19 prosenttia ei siedä laktoosia.³⁴⁴ Eurooppalaisten laktoosinsietokyky on todennäköisesti syntynyt neoliittisten karjankasvattajien keskuudessa yli 5000 vuotta sitten, ja sen yleistymistä on usein selitetty luonnonvalinnalla, joka suosi laktoosia sietäviä yksilöitä karjanhoidon ja maidonkäytön yleistyessä.³⁴⁵ Ennen karjanhoidon vakiintumista ihmisten ruokavalio perustui pääasiassa metsästyksen ja keräilyyn, eikä maitoa yleensä enää nautittu imeväisiän jälkeen. Koska elimistöllä ei ollut tarvetta ylläpitää laktaasituotantoa lapsuuden jälkeen, olivat kaikki varhaisen kivikauden ihmiset aikuisina laktoosi-intolerantteja.

Muinais-DNA-tutkimusten mukaan geenimuodon yleistyminen tapahtui Euroopassa melko myöhään, vasta pronssikaudella (n. 1500–500 eaa.).³⁴⁶ Elimistön kyky pilkkoo laktoosia antoi selviytymisedun henkilöille, jotka pystyivät hyödyntämään maitotuotteita. Nälänhätien tai epidemioiden kaltaisina kriisiaikoina laktoosi-intoleranssista kärsineet henkilöt saattoivat altistua vakaville terveysongelmille, kuten nestehukkaa aiheuttavalle ripulille, mikä lisäsi heidän kuolleisuuttaan.³⁴⁷ Tämä saattaa selittää, miksi **luonnonvalinta** on vaikuttanut voimakkaasti laktaasin pilkkomista säätelävään alueeseen ihmisen genomissa.

343 esim. Gerbault et al. 2011

344 Storhaug et al. 2017

345 Beja-Pereira et al. 2003; Leonardi et al. 2012

346 Burger et al. 2020

347 Evershed et al. 2022

Suomalaisesta muinaisaineistosta yksi Valkeakosken Toppolanmäen kolmoishaudan naisista ja saman haudan mies sekä Euran Luistarin haudan 404 nainen (kuva 6.2) ovat kantaneet geenimuotoja, jotka ovat mahdollistaneet laktaasin pilkkoutumisen elimistössä myös aikuisena (taulukko 6.1). Heillä maitotuotteet eivät todennäköisesti ole aiheuttaneet vatsaoireita. Sen sijaan muun muassa Hattulan Ruskeenkärjen rökkiöön haudatulla naisella, Hiitolan Kalmistomäen hautaan 13 lasketulla nuorella naisella, Toppolanmäen kolmoishaudan toisella naisella sekä Toppolanmäen haudan 3/1937 miehellä (kuva 6.2) on *LCT*-geenin toimintaan vaikuttavassa *MCM6*-geenissä alleleja, jotka on yhdistetty laktoosi-intoleranssiin.³⁴⁸ Nämä henkilöt eivät luultavasti ole voineet käyttää maitoa ilman vatsavaivoja. Tämä ei kuitenkaan välttämättä tarkoita henkilöiden vältelleen maitotuotteita elämänsä aikana. Esimerkiksi Keski-Aasian arojen paimentolaisväestöillä, jotka tutkimusten mukaan ovat hyödyntäneet runsaslaktoosista hevosenmaitoa jo vuosituhansien ajan, laktoosinsietokyky on melko alhainen, vain noin 11–32 prosenttia väestöstä.³⁴⁹ Myös Euroopassa maitotuotteita tiedetään käytetyn jo neoliittisella kivikaudella ennen laktoosinsietokyvyn laajamittaista yleistymistä.³⁵⁰

Laktoositoleranssilla on merkitystä myös väestötason tutkimuksissa, mutta yksilötasolla laktoosinsietokyvyn huomioiminen voisi olla kiinnostava lisä menneisyyden ravinnon ja ruokatottumusten tutkimuksessa. Maitorasvojen tarkastelu asuinpaikkojen tai kalmistojen keramiikka-astioista voisi tarjota yleistä tietoa maidon hyödyntämisestä yhteisöissä.³⁵¹ Taulukosta 6.1 on nähtävissä, että esimerkiksi Pälkäneen rauniokirkon 1200-luvun ja Toppolanmäen 1100-luvun vainajien joukossa on sekä laktoosia sietäneitä että intolerantteja yksilöitä. Samaan yhteisöön kuuluvilla henkilöillä on mahdollisesti ollut samanlainen ruokavalio. Vainajien mahdollisesta hammaskivestä voi tutkia maitoproteiinien jäämiä ja näin yksilöiden maidonkäyttöä (ks. luku 11).³⁵² Muinais-DNA-tutkimusta voi kuitenkin hyödyntää pohdittaessa, ovatko henkilöt käyttäneet maitoa myös silloin, kun se on aiheuttanut heille vatsavaivoja. Tämä voisi mahdollisesti auttaa pohtimaan

348 esim. Liebert et al. 2017

349 Heyer et al. 2011

350 Cramp et al. 2014; Evershed et al. 2022

351 ks. esim. Craig et al. 2000

352 ks. esim. Warinner et al. 2014

myös sitä, minkälaisia maitotuotteita eri aikoina on käytetty, sillä valmistusmenetelmät vaikuttavat tuotteiden laktoosipitoisuuteen. Esimerkiksi kypsytettyjen juustojen tai jogurtin valmistuksessa tapahtuvat käymisprosessit vähentävät lopullisen tuotteen laktoosipitoisuutta luontaisesti, jolloin myös laktoosia huonosti sietävät ihmiset voivat nauttia tuotetta ilman pelkoa vatsanväänneistä.³⁵³

Ilta- ja aamuvirkut

Yksilöittäin vaihteleva luontainen **kronotyyppi** eli uni-valverytmi on osittain *PER1*, *CRY1* ja *ARNTL*-geenien toiminnasta johtuva perinnöllinen ominaisuus, joka on esiintynyt ihmisissä jo lajin varhaisista vaiheista saakka.³⁵⁴ Ihmisille tyypillisen epäyhtenäisen uni-valverytmin selitykseksi ehdotettiin 1960-luvulla niin sanottua vartijahypoteesia.³⁵⁵ Sen mukaan osa yhteisöstä olisi pysynyt muiden nukkuessa hereillä ja valppaana mahdollisten vaarojen varalta. Myöhempään valvovat yksilöt olisivat käyneet nukkumaan sitten, kun osa aiemmin levolle käyneistä ihmisistä olisi herännyt. Tällainen toiminta olisi taannut kaikille yhteisössä riittävän pitkän yhtenäisen unen, mikä on erityisen tärkeää muistin ja **kognitiivisten toimintojen** kannalta.

Erilaisten unirytmien ansioista ihmisen varhaiset esivanhemmat olisivat voineet jakaa vastuun paitsi valvomisesta ja vartioinnista myös ravinnonhankinnasta, mikä olisi edistänyt ryhmien selviytymistä. Yksilöittäin vaihteleva unirytmisi olisi voinut mahdollistaa tehokkaan metsästyksen eri vuorokaudenaikoina osan yhteisöstä erikoistuesssa pyytämään esimerkiksi ilta- tai aamuyöstä liikkuvia eläimiä. Näin yhteisöt olisivat hyötäneet eniten siitä, että joukossa on yksilöitä, joiden unirytmit eroavat toisistaan.

Tässä luvussa tarkastelluista arkeologisista yksilöistä suurin osa on todennäköisesti ollut geneettisesti keskivertoja herääjiä (taulukko 6.1). Muun muassa Hattulan Ruskeenkärjen viikinkiaikaisella naisella on kuitenkin ollut aamuvirkuille tyypillinen *PER1*-geenin muoto, kun taas Tampereen

353 vrt. esim. Sieber et al. 1997; Silanikove et al. 2015

354 Jones et al. 2019

355 Snyder 1966

Vilusenharjun haudan 39 miehellä oli iltavirkuille tyypillinen myöhäinen kronotyyppi. Rautakauden yhteisöissä aamu- tai iltavirkkuudella ei luultavasti ollut erityistä merkitystä yhteisön kannalta, mutta geneettisen sisäisen kellon yksilötason vaikutuksia voi toki spekuloida. Ehkä aamuvirkut ovat muita helpommin nousseet aikaisin tekemään askareita tiluksilla, hoitamaan eläimiä ja valmistamaan ruokaa, kun taas iltavirkut ovat etenkin kylminä vuodenaikoina huolehtineet, että tulisijassa lämmittävä tuli ei sammuyön aikana.

Keskiajalla uskonnolliset rituaalit jaksottivat ihmisten vuorokautta. Luostareissa noudatettiin tarkkoja aikatauluja, joihin kuului hyvin varhaisia ja myöhäisiä rukoushetkiä. Uni-valverytmillä voisi arvella olleen merkitystä yksilön kykyyn noudattaa näitä rutiineja. Henkilöt, joilla oli luontainen taipumus aikaiseen heräämiseen, olisivat periaatteessa saattaneet kokea luostarin varhaiset rukoushetket miellyttävämmäksi kuin henkilöt, joilla oli luontainen taipumus herätä myöhemmin. Benediktiinisessä perinteessä noudatettua yöllistä rukoushetkeä, *vigiliaa*, on pidetty vuorokaudenajasta johtuen raskaana vaatimuksena etenkin luostarien uusille tulokkaille.³⁵⁶ Henkilöille, joilla oli myöhäinen kronotyyppi, myöhäiset rukoushetket olisivat kuitenkin voineet olla helpompia omaksua kuin aikaiset herätykset aamuhartauksia varten.

Harvoja Suomesta tutkittuja, mahdollisesti keskiajan katoliseen kirkko-yhteisöön yhdistettäviä arkeologisia yksilöitä on Piispa Henrikiksi arveltu vainaja, jonka 1100-luvulle radiohiiliajoitettu pääkallo löytyi Turun tuomiokirkosta vuonna 1924.³⁵⁷ Tällä henkilöllä oli iltavirkuille tyypillinen *PER1*-geenin muoto. On kuitenkin syytä muistaa, että ihmisillä on erinomainen kyky sopeutua ympäristön vaatimuksiin, joten geneettisellä uni-valverytmillä ei välttämättä ole lopulta suurta vaikutusta elämään. Toisaalta tutkimuksissa on havaittu, että myöhäisen kronotyypin ihmisillä on nykyään enemmän sydänsairauksia, mikä saattaa osittain olla seurausta siitä, että henkilöt omaksuvat helpommin epäterveellisiä elämäntapoja joutuaan noudattamaan elimistölleen sopimatonta vuorokausirytmää.³⁵⁸

³⁵⁶ Kerr 2009: xii; Vigilian ajankohta oli noin kaksi tuntia keskiyön jälkeen.

³⁵⁷ Taavitsainen et al. 2015: 314–315

³⁵⁸ esim. Makarem et al. 2020; Scheer et al. 2009

Veriryhmät

Tunnetuin tapa luokitella veriryhmiä on ABO-veriryhmäjärjestelmä. Koska veriryhmien yleisyys vaihtelee eri maantieteellisillä alueilla, on veriryhmien määrittystä käytetty väestöliikkeiden tutkimiseen erityisesti ennen DNA-analyysien aikaa. Viime vuosikymmeninä veriryhmiä on pohdittu esimerkiksi osana varhaisten ihmislajien **geneettistä monimuotoisuutta** ja muissa populaatiotason kysymyksissä.³⁵⁹ Esimerkiksi Amerikan alkupe räiskansojen keskuudessa O-veriryhmä on hyvin yleinen, ja yhdeksi syyksi on esitetty perustajavaikutusta, jossa väestö polveutuu pienestä ihmismäärästä. Toiseksi selitykseksi on tarjottu eurooppalaisten löytöretkiä seuraneiden epidemioiden aiheuttamaa väestön pienenemistä. Tutkimuksessa, jossa veriryhmä määritettiin viideltätoista muinaiselta amerikkalaiselta yksilöltä, kallistuttiin aineiston pienuudesta huolimatta perustajavaikutuksen puoleen.³⁶⁰ Myöhemmissä laajemmissa geenitutkimuksissa teoria perustajavaikutuksesta on saanut tukea, sillä Amerikan alkuperäiskansojen on todettu polveutuvan suhteellisen pienestä **populaatiosta**, joskin useammasta asutusaallosta.³⁶¹

Veriryhmien yleisyyteen ovat vaikuttaneet myös ympäristökijät. Esimerkiksi O-veriryhmän alhainen esiintyvyys Gangesin suistossa johtuu todennäköisesti vuosisatojen ajan alueella **endemisenä** esiintyneestä koleraasta. O-veriryhmä on liitetty suurempaan alttiuteen sairastua vakavaan koleraan, joten alueella, jolla tautia on esiintynyt runsaasti, ovat yleistyneet lievempiin oireisiin liittyvät geenimuodot.³⁶²

Vaikka veriryhmien tarkastelu voi sopia tiettyihin väestötason kysymyksiin, on veriryhmien informaatioarvo yksilötasolla vähäisempi. Arkeologisten veriryhmien huomioiminen voisi kuitenkin mahdollisesti toimia kiinnostavana lisätietona geneettisten sukulaisuuksien ja varsinkin lähisukulaisuuksien tutkimuksessa. Kaksi A-veriryhmään kuuluvaa vanhempaa ei voi saada B-veriryhmään kuuluvaa jälkeläistä ja toisinpäin. Sen sijaan O-veriryhmään kuuluva lapsi on periaatteessa molemmissa tapauksissa mahdollinen, sillä

359 Condemi et al. 2021

360 Halverson & Bolnick 2008

361 esim. Reich et al. 2012

362 Harris & LaRocque 2016

		Äidin alleelit						Alleelit:	Veriryhmä:
		AA	Ao	AB	BB	Bo	oo	AA →	A
Isän alleelit	AA	AA	AA, Ao	AA, AB	AB	AB, Ao	Ao	Ao →	A
	Ao	AA, Ao	AA, Ao, oo	AA, AB, Ao, Bo	AB, Bo	AB, Ao, Bo, oo	Ao, oo	AB →	AB
	AB	AA, AB	AA, AB, Ao, Bo	AA, AB, BB	AB, BB	AB, Ao, BB, Bo	Ao, Bo	BB →	B
	BB	AB	AB, Bo	AB, BB	BB	BB, Bo	Bo	Bo →	B
	Bo	AB, Ao	AB, Ao, Bo, oo	AB, Ao, BB, Bo	BB, Bo	BB, Bo, oo	Bo, oo	oo →	O
	oo	Ao	Ao, oo	Ao, Bo	Bo	Bo, oo	oo		
			Jälkeläisen mahdolliset alleelit						

Kuva 6.4. Veriryhmien periytyminen. Ylärivissä on esitetty äidin, vasemmalla isän, ja vaaleammissa ruuduissa jälkeläisen mahdollinen alleeliyhdistelmä. Oikealla kunkin alleeliyhdistelmän aikaansaama veriryhmä. Kuva: Ulla Nordfors.

O-veriryhmä periytyy **resessiivisesti**. Jos kumpikin vanhempi on O-veriryhmää, he eivät voi saada lasta, jolla on veriryhmä A, B, tai AB (kuva 6.4).

Kuvitellaan hypoteettinen tilanne: Arkeologisesta aineistosta tunnistetaan kolme yksilöä, nainen, mies ja mies, jotka ovat kaikki toisilleen ensimmäisen asteen sukulaisia eli vanhempia (isä tai äiti), täyssisaruksia (veli tai sisar) tai lapsia. Nainen on O-veriryhmää, mies A-veriryhmää ja toinen mies O-veriryhmää. Veriryhmien perusteella A-veriryhmään kuuluva mies ei ainakaan voi olla O-veriryhmään kuuluvien yhteinen lapsi, mutta hän voi olla kummankin O-veriryhmään kuuluvan veli tai isä tai jommankumman poika.

Kovin yksinkertaista veriryhmien määrittäminen muinais-DNA-datasta ei ole, ja vain muutamalta Suomesta löytyneeltä arkeologiselta yksilöltä on pystytty geneettisesti määrittämään todennäköinen veriryhmä (taulukko 6.1). Veriryhmiä ei myöskään tarvita sukulaisuuden määrittämisessä, sillä DNA-tasolla se käy helpommin muiden lokusten perusteella (ks. luku 5). Tästä syystä veriryhmillä ei ole käytännössä merkitystä arkeologisten yksilöiden sukulaisuuksien tutkimuksessa.

Ulkonäköön vaikuttavat ominaisuudet

Hiusten, silmien tai ihon ominaisuuksien määrittäminen DNA:sta ei ole kovin yksinkertaista, sillä niihin vaikuttavat useat eri geenit. Esimerkiksi ihon värisävyyden vaikuttaa ainakin 169 eri geenimuotoa.³⁶³ DNA:n pohjalta tehtävät ulkonäköpiirteiden määritykset perustuvat pitkälti todennäköisyyslaskentaan ja tilastollisiin päätelmiin siitä, minkälaiset geenimuodot aiheuttavat tietynlaisia piirteitä nyky-yksilöissä ja -väestöissä.³⁶⁴ **Forensisessa** eli rikosteknisessä tutkimuksessa mahdollisen rikoksentehtäjän tai tuntemattomaksi jääneen uhrin ulkonäköön liittyvät tiedot voivat olla tärkeitä, joten forensisen DNA-analyysin avuksi on kehitetty niin sanottu HIrisPlex-määrittäystyökalu.³⁶⁵ Sen avulla DNA-datasta voi tarkastella erilaisia pigmentaatioon liittyviä geneettisiä **markkereita**, jotka ennustavat henkilön todennäköisimmän silmien ja hiusten värin. Vaikka HIrisPlex on kehitetty nykyväestöjen pohjalta, sen avulla on mahdollista selvittää yksilöiden ulkonäköön vaikuttavia ominaisuuksia myös muinais-DNA:sta. Yksityiskohtaista tietoa tai sävyeroja menetelmä ei kuitenkaan paljasta (ks. kuva 6.7).³⁶⁶ Koska muinaisten ihmisyksilöiden hiusten ja silmien sävyjen geneettiseen määrittämiseen liittyy runsaasti epävarmuustekijöitä, on värityksestä kertoviin geneettisiin tuloksiin suhtauduttava lähinnä suuntaa-antavina mahdollisuuksina.

Hiusten ja ihon väri muodostuu pigmenteistä, joiden määrään ja vaihteluun vaikuttavat useat eri geenit. Yksi näistä on *MC1R*-geeni, joka ohjaa melanokorttiini 1-reseptoriksi kutsutun proteiinin valmistusta. Tämä reseptori vaikuttaa melanosyytteihin, jotka ovat melaniiniksi kutsutun pigmentin tuotantoon erikoistuneita soluja. Melanosyytit tuottavat melaniinista kahta muotoa, eumelaniinia ja feomelaniinia, joiden suhteelliset määrät vaikuttavat sekä hiusten että ihon väriin. Ruskeissa ja mustissa hiuksissa on paljon eumelaniinia, joka tummentaa hiusten väriä. Tiedut *MC1R*-geenin muunnokset saavat melanosyytit tuottamaan pääasiassa feomelaniinia, joka saa aikaan punaiset tai vaaleat hiukset ja vaalean ihonvärin.³⁶⁷ *EDAR*-geenin

363 Bajpai et al. 2023

364 Salmela 2024

365 Walsh et al. 2013

366 Esimerkiksi tulos ”todennäköisesti vaaleahiuksinen” voi tarkoittaa mitä tahansa tummanvaaleasta maantienharmaaseen, oljenvaaleaan ja hyvin vaaleaan.

367 esim. Valverde et al. 1995; Rees 2001

Kuva 6.5. Hollolan Kirkkailanmäen hyvin säilyneet hiukset haudasta 1/1978. Hiukset ovat alun perin olleet todennäköisesti tummemmat, ja ne ovat muuttuneet punertaviksi **tafonomisten** prosessien seurauksena. Kuva: Ulla Nordfors.



Kuva 6.6. Mikroskooppikuva Nousiaisten Myllymäen ristiretkiaikaisessa haudassa 3 säilyneistä hiuksista, joissa näkyy tummempia ja vaaleampia sävyjä. Arkeologisten hiusten muuttuminen vaaleiksi tai punertaviksi johtuu luonnollisista kuolemanjälkeisistä prosesseista. Kuva: Ulla Nordfors.



tietty muoto saa puolestaan aikaan paksut hiukset,³⁶⁸ ja eräillä muilla geenillä on vaikutusta siihen, ovatko hiukset suorat vai kiharat.

Toisinaan arkeologien tutkimissa haudoissa on säilynyt hiuksia. Säilyminen voi tapahtua esimerkiksi hiusten ollessa kosketuksissa pronssiesineisiin, joiden kuparisuolat estävät hajottajamikrobien toimintaa. Hollolan Kirkkailanmäestä vuonna 1978 tutkitusta 1100-luvulle ajoittuvasta haudasta 1 löytyi niin hyvin säilyneet hiukset, että niistä voitiin päätellä vainajan hiustyyli: takaraivolle kierretty solmukampaus (kuva 6.5). Koska pään läheisyydessä ei ollut pronssiesineitä, oli säilymiseen mahdollisesti vaikuttanut arkun pohjan tukipuun puulaji, jolla arveltiin olleen säilyttäviä ominaisuuksia.³⁶⁹ Vastaavia hiuslöytöjä on sittemmin tehty myös Vaalan Manamansalon 1500-luvulle ajoittavalta hautausmaalta ja Kaarinan Ravattulan Ristimäen myöhäisrautakautisesta kalmistosta.³⁷⁰ Arkeologisten hiusten perusteella ei kuitenkaan yleensä voi tehdä päätelmiä hiusten alkuperäisestä väristä, sillä useimmissa hautausolosuhteissa eumelaniini alkaa hävitä. Samalla feomelaniinin vaikutus voimistuu ja hiusten väri muuttuu, tavallisesti vaalenemalla tai muuttumalla punertavaksi (kuva 6.6).³⁷¹ Tästä syystä arkeologiset vainajat saattavat vaikuttaa vaaleammilta kuin he todellisuudessa ovat olleet, tai jopa virheellisesti punatukkaisilta. Pälkäneen rauniokirkolla vuonna 2022 tutkitun haudan 7 vainajalla oli kuitenkin punatukkaisilla yleisiä geenimuotoja. Tämä 1200-luvulla elänyt mies on ensimmäinen suomalainen arkeologinen yksilö, joka on DNA:nsa perusteella ollut jo eläessään aidosti punatukkainen.

Ihmisten silmien väri vaihtelee ruskean, vihreän, sinisen ja harmaan eri sävyissä. Silmien väriin vaikuttavat muun muassa *OCA2*- ja *HERC2*-geenit. *OCA2*-geeni ohjaa sellaisen proteiinin tuotantoa, joka vaikuttaa silmän värikalvon eli iiriksen melaniinin tyyppiin ja määrään, kun taas *HERC2*-geeni vaikuttaa *OCA2*-geenin toimintaan.³⁷² Erilaiset melaniinityyppien ja -määrien yhdistelmät saavat aikaan erilaisia silmien värejä: ruskeissa silmissä on enemmän eumelaniinia, sinisissä silmissä on vähän melaniinia, ja vihreät silmät syntyvät melaniinityyppien ja -määrien monimutkaisista yhdistelmistä.

368 Fujimoto et al. 2008

369 Hirviluoto 1986: 40

370 Laulumaa 1994: 53; Riikonen & Ruohonen 2021

371 Aufderheide 2003: 342

372 esim. White & Rabago-Smith 2011

Ulkonäköön liittyvien geenien tulkinta ei ole yksinkertaista, mutta niiden perusteella voi esittää joitakin arvioita. Toppolanmäen haudan 3/1937 (kuva 6.2) miehellä oli todennäköisesti suorat, vaaleat hiukset ja siniset silmät. Saman kalmiston kolmoishautaan 2/1936 oli haudattu nuori nainen, nuori mies ja vanhempi nainen, joilla kaikilla on todennäköisesti ollut vaaleat hiukset. Kolmoishaudan mies kantoi *EDAR*-geenin muotoa, joka saa aikaan paksut hiukset. Toppolanmäen naisten silmät ovat luultavasti olleet siniset, mutta koska kolmoishaudan miehellä on sekä siniseen että ruskeaan väriin yhdistettyjä geenimuotoja, hänen silmänsä ovat voineet olla vihreät.

Hiitolan Kalmistomäen hautaan 13 laskettu nuori nainen oli geeniensä perusteella todennäköisesti tummapiirteinen (kuva 6.2). Hänellä on tummiin hiuksiin, ruskeisiin silmiin ja keskitummaan ihonväriin yhdistettyjä geenimuotoja. Tummia hiuksia oli myös säilynyt haudassa olleiden ohimokorujen yhteydessä.³⁷³ Myös Pälkäneen Ristiänmäeltä tunnetaan lapsi, jolla oli mustiin hiuksiin ja ruskeisiin silmiin liitettyjä geenimuotoja.³⁷⁴ Kuusamon Kitkan Lehtoniemen saamelaishaudan vainajalla puolestaan oli todennäköisesti tummat hiukset ja siniset silmät.³⁷⁵ Hattulan Ruskeenkärjen viikinkiaikainen nainen oli todennäköisesti vaaleahiuksinen ja -silmäinen. Euran Luistarin haudan 404 naisella taas oli todennäköisesti siniset silmät, vaaleat kiharat hiukset ja pisamia sekä mahdollisesti nipukaton korvalehti (kuva 6.2).

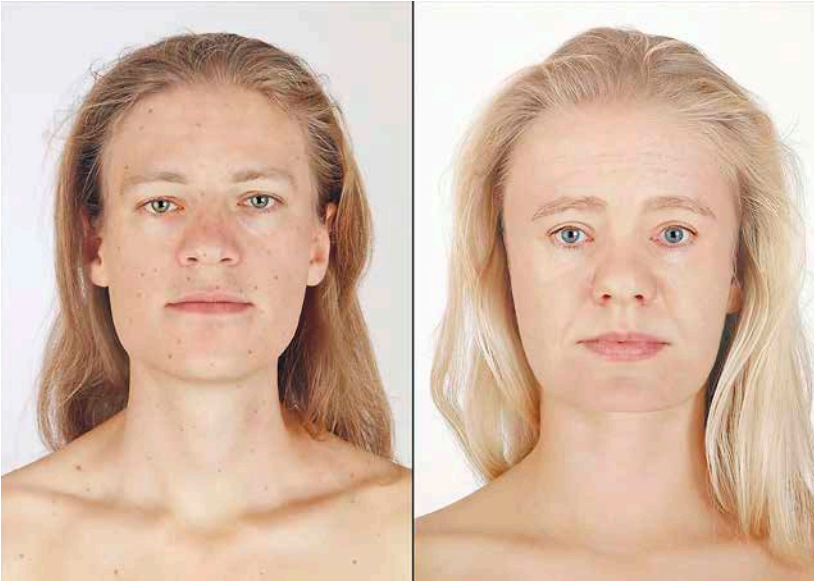
Monia saattaa kiehtoa ajatus siitä, miltä menneisyydessä eläneet ihmiset näyttivät. Tästä syystä ulkonäköön liittyvät ominaisuudet sopivat hyödynnettäväksi arkeologian ja arkeogenetiikan popularisoinnissa esimerkiksi museonäyttelyissä tai kasvoennallistuksissa. Kasvoennallistukset laaditaan hyvin säilyneiden kasvojen luiden pohjalta, ja ne perustuvat tarkkaan tietämykseen iän, sukupuolen ja luuston yksityiskohtien vaikutuksesta pehmytkudosten sijaintiin ja paksuuteen. Luiden pohjalta on mahdollista antaa kasvoille muoto, kun taas DNA antaa viitteitä ihon, hiusten ja silmien värisävystä ja muista ulkonäköön vaikuttavista geneettisistä piirteistä.

Suomalaiset luulöydöt ovat usein niin huonosti säilyneitä, että ennallistusten laatiminen on onnistunut vain muutamissa tapauksissa, esimer-

³⁷³ Laakso & Belskiy 2018: 71

³⁷⁴ Nordfors et al. *tulossa*

³⁷⁵ Peltola et al. *tulossa*



Kuva 6.7. Kasvoennallistus Sipoon Eestiluodolle 1500–1600-luvulla haudatusta nuoresta miehestä ja Pälkäneen rauniokirkolle 1600-luvulla haudatusta naisesta. Ennallistukset on kallon luiden pohjalta laatinut forensinen koulutuksen saanut ammattilainen, ja niissä on huomioitu muinais-DNA-analyysin tuottama tieto ihon, silmien ja hiusten geneettisistä ominaisuuksista. Molemmilla yksilöillä on ollut DNA:n perusteella vaaleat hiukset, mutta täysin tarkkaa sävyä ei kuitenkaan ole mahdollista määrittää. Kuvat: Hew Morrison.

kiksi Sipoon Eestiluodon 1500–1600-luvulle ajoittuvista luista ja Pälkäneen rauniokirkolle 1600-luvulla haudatun naisen luista. Sipoon ulkosaaristossa sijaitsevalta kallioiselta Eestiluodolta 1960-luvulla röykkiöstä löytyneet ihmisluit kuuluvat luuanalyysin mukaan nuorelle miehelle,³⁷⁶ jolla oli DNA:n perusteella todennäköisesti vaaleat hiukset sekä mahdollisesti vihertävät silmät ja pisamia (kuva 6.7). Pälkäneen rauniokirkon haudan 11/2022 naisella taas oli DNA:n perusteella todennäköisesti vaaleat hiukset ja siniset silmät (kuva 6.7). DNA-tutkimus kehittyy jatkuvasti, ja jo nyt tunnetaan useita kasvojen luuston muotoon liittyviä geenejä.³⁷⁷ Tulevaisuudessa saattaakin olla mahdollista ennustaa henkilön kasvojen muotoa ja siten ulkonäköä pelkän DNA-tiedon perusteella myös silloin, kun kasvojen luut eivät ole säilyneet.

³⁷⁶ Salo 2019

³⁷⁷ Crouch et al. 2017; Zhang et al. 2022; Tozzo et al. 2021; Li et al. 2023; Naqvi et al. 2021

Henkilökohtaisen arkeogenetiikan haasteita

Tiedot ihmisten henkilökohtaisista geneettisistä ominaisuuksista ovat tois-
taiseksi epätäydellisiä ja kuriositeetinomaisia, eikä niiden tieteellinen mer-
kitys ole välttämättä suuri. Tutkijoiden arkipäiväisenä pitämällä tiedolla
voi kuitenkin olla suuri merkitys tieteen popularisoinnissa. Museonäyt-
telyssä esillä olevat kasvoennallistukset ja menneisyyden yksilöiden hen-
kilökohtaiset ominaisuudet voivat korostaa inhimillistä lähestymistapaa
menneisyyteen. On kuitenkin tärkeää tunnistaa tulkintoihin liittyvä epä-
varmuus sekä erityisesti populaarikontekstissa yksinkertaistamisesta johtu-
va ylitulkinnan riski. Moniin geneettisiin ominaisuuksiin liittyy runsaasti
epävarmuustekijöitä, eikä niistä aina voi tehdä suoraviivaisia johtopää-
töksiä. Epävarmuus ei kuitenkaan tarkoita sitä, että tieto olisi epäluotetta-
vaa – päinvastoin, avoin epävarmuuden tunnistaminen on olennainen osa
luotettavaa tutkimusta. Jos painopiste kuitenkin siirtyy liiaksi geneettiseen
perimään, seurauksena voi olla tulkintakehys, jossa biologiset ominaisuus-
det nousevat hallitsevaan asemaan sosiaalisen ja kulttuurisen kontekstin
kustannuksella.

Museoissa ja muissa yleistajuisissa yhteyksissä yksilöllisen ja samaistu-
mista tukevan tiedon esittäminen voidaan kuitenkin nähdä eettisesti pe-
rusteltuna. Esittämällä menneisyyden ihmiset henkilöinä – ei vain osana
laajoja historiallisia kehityskulkuja tai aikajanoja – yleisölle tarjoutuu mah-
dollisuus emotionaaliseen kohtaamiseen menneisyyden kanssa. Yksilöihin
keskittyvä arkeogeneettinen lähestymistapa on usein kohdistunut historial-
lisesti tunnettuihin henkilöihin,³⁷⁸ mutta menetelmällä on suurta potentiaa-
lia myös sellaisten yksilöiden tutkimuksessa, joista ei ole säilynyt kirjallisia
lähteitä. Henkilökohtainen lähestymistapa voi syventää ymmärrystä siitä,
että historia koostuu todellisista ihmisistä ja heidän ainutkertaisista koke-
muksistaan.

Jos henkilökohtaisen geneettisen tiedon tuottamisen todetaan olevan
relevanttia arkeogeneettisessä hankkeessa, ongelmaksi voi kuitenkin muo-
dostua muinais-DNA:n huono säilyminen: pitkälle hajonneessa DNA:ssa
ei välttämättä ole enää jäljellä sellaisia perimän kohtia, joista voisi saada

378 esim. Stenton et al. 2017; Olasz et al. 2019; Du et al. 2024

selville yksilön ominaisuuksista kertovaa tietoa. Yksilötason tiedon tuottaminen on myös resurssikysymys, sillä geneettiset tutkimukset eivät yleensä tähtää henkilökohtaisten ominaisuuksien selvittämiseen, ja työ voi olla aikaavievää. Siksi haasteeksi voi jäädä se, kenen tehtävä tiedon tuottaminen on arkeogeneettisissä tutkimushankkeissa ja missä yhteydessä ja milloin tietoa lopulta sovelletaan tai käytetään, jos tieteelliset julkaisut eivät ole siitä kiinnostuneita. Yksilöiden ja laajempien ilmiöiden tarkastelu voivat kuitenkin täydentää toisiaan ja auttaa rakentamaan moniulotteisempaa kuvaa menneisyydestä.

Tutkimuskirjallisuus

- Anastasiadou, K., Silva, M., Booth, T., Speidel, L., Audsley, T. et al. 2024. Detection of chromosomal aneuploidy in ancient genomes. *Communications Biology* 7(14). <https://doi.org/10.1038/s42003-023-05642-z>
- Aufderheide, A. C. 2003. *The Scientific Study of Mummies*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Bajpai, V. K., Swigut, T., Mohammed, J., Naqvi, S., Arreola, M. et al. 2023. A genome-wide genetic screen uncovers determinants of human pigmentation. *Science* 381. eade6289(2023). <https://doi.org/10.1126/science.ade6289>
- Beja-Pereira, A., Luikart, G., England, P., Bradley, D. G., Jann, O. C. et al. 2003. Gene-culture coevolution between cattle milk protein genes and human lactase genes. *Nature Genetics* 35: 311–313. <https://doi.org/10.1038/ng1263>
- Bradley, M. 2015. Foul bodies in ancient Rome. Teoksessa: Bradley, M. (toim.) *Smell and the ancient senses*: 133–145. London: Routledge.
- Burger, J., Link, V., Blöcher, J., Schulz, A., Sell, C. et al. 2020. Low prevalence of lactase persistence in Bronze Age Europe indicates ongoing strong selection over the last 3,000 years. *Current Biology* 30(21): P4307–4315.E13. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2020.08.033>
- Condemi, S., Mazières, S., Faux, P., Costedoat, C., Ruiz-Linares, A. et al. 2021. Blood groups of Neanderthals and Denisova decrypted. *PLoS ONE* 16(7): e0254175. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0254175>
- Craig, O., Mulville, J., Parker Pearson, M., Sokol, R., Gelsthorpe, K. et al. 2000. Detecting milk proteins in ancient pots. *Nature* 408: 312. <https://doi.org/10.1038/35042684>
- Cramp, L., Evershed, R. P., Lavento, M., Halinen, P., Mannermaa, K. et al. 2014. Neolithic dairy farming at the extreme of agriculture in northern Europe. *Proceedings of the Royal Society B* 281: 20140819. <http://dx.doi.org/10.1098/rspb.2014.0819>
- Crouch, D. J. M., Winney, B., Koppen, W. P., Christmas, W. J., Hutnik, K. et al. 2017. Genetics of the human face: Identification of large-effect single gene variants. *PNAS* 115(4): E676–E685. <https://doi.org/10.1073/pnas.1708207114>
- Dong, H.-W., Wang, K., Chang, X.-X., Jin, F.-F., Wang, Q. et al. 2019. Beta-ionone-inhibited proliferation of breast cancer cells by inhibited COX-2 activity. *Archives of Toxicology* 93: 2993–3003. <https://doi.org/10.1007/s00204-019-02550-2>
- Du, P., Zhu, K., Qiao, H., Zhang, J., Meng, H. et al. 2024. Ancient genome of the Chinese Emperor Wu of Northern Zhou. *Current Biology* 34(7): 1587–1595.e5 <https://doi.org/10.1016/j.cub.2024.02.059>
- Etu-Sihvola, H. & Moilanen, U. 2022. Korvalusikat – Koristeita ja käyttöesineitä. *Kalmistopiiri* 25.10.2022. <https://kalmistopiiri.fi/2022/10/25/korvalusikat-koristeita-ja-kayttoesineita/> [viitattu 6.3.2024]
- Evershed, R. P., Davey Smith, G., Roffet-Salque, M., Timpson, A., Diekmann, Y. et al. 2022. Dairying, diseases and the evolution of lactase persistence in Europe. *Nature* 608: 336–345. <https://doi.org/10.1038/s41586-022-05010-7>
- Fujimoto, A., Ohashi, J., Nishida, N., Miyagawa, T., Morishita, Y. et al. 2008. A replication study confirmed the EDAR gene to be a major contributor to population differentiation regarding head hair thickness in Asia. *Human Genetics* 124: 179–185. <https://doi.org/10.1007/s00439-008-0537-1>
- Gaydarska, B., Rebay-Salisbury, K., Ramírez Valiente, P., Fries, J. E., Hofmann, D. et al. 2023. To Gender or not to gender? Exploring gender variations through time and space. *European Journal of Archaeology* 26(3): 271–298. <https://doi.org/10.1017/ea.2022.51>
- Gerbault, P., Liebert, A., Itan, Y., Powell, A., Currat, M. et al. 2011. Evolution of lactase persistence: an example of human niche construction. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 366(1566): 863–877. <https://doi.org/10.1098/rstb.2010.0268>
- Griffiths, D. A. 2018. Shifting syndromes: Sex chromosome variations and intersex classifications. *Social Studies of Science* 48(1). <https://doi.org/10.1177/0306312718757081>
- Halverson, M. S. & Bolnick, D. A. 2008. An ancient DNA test of a founder effect in Native American ABO blood group frequencies. *American Journal of Biological Anthropology* 137(3): 342–347. <https://doi.org/10.1002/ajpa.20887>
- Hansen, J., Petersen, H. C., Frei, K. M., Courtaud, P., Tillier, A.-M. et al. 2017. The Maglemosian skeleton from Koelbjerg, Denmark revisited: identifying sex and provenance. *Danish Journal of Archaeology* 6: 50–66. <https://doi.org/10.1080/21662282.2017.1381418>

- Harris, J. B. & LaRocque, R. C. 2016. Cholera and ABO blood group: Understanding an ancient association. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* 95(2): 263–264. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.16-0440>
- Hedenstierna-Jonson, C., Kjellström, A., Zachrisson, T., Krzewińska, M., Sobrado, V. et al. 2017. A female viking warrior confirmed by genomics. *American Journal of Biological Anthropology* 164(4): 853–860. <https://doi.org/10.1002/ajpa.23308>
- Heyer, E., Brazier, L., Ségruel, L., Hegay, L., Austerlitz, F. et al. 2011. Lactase persistence in Central Asia: Phenotype, genotype, and evolution. *Human Biology* 83(3): 379–392. <https://doi.org/10.3378/027.083.0304>
- Hirviluoto, A.-L. 1986. Uutta tietoa rautakauden hiusmuodista. *Iskos* 6: 37–44.
- Jaeger, S. R., McRae, J. F., Bava, C. M., Beresford, M. K., Hunter, D. et al. 2013. A Mendelian trait for olfactory sensitivity affects odor experience and food selection. *Current Biology* 23(16): P1601–1605. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2013.07.030>
- Jaeger, S. R., Reinbach, H. C., Roigard, C., McRae, J. F., Pineau, B. et al. 2014. Sensory characterization of food and beverage stimuli containing β -ionone and differences between individuals by genotype for rs6591536. *Food Research International* 62: 205–214. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2014.02.038>
- Jones, S. E., Lane, J. M., Wood, A. R., van Hees, V. T., Tyrrell, J. et al. 2019. Genome-wide association analyses of chronotype in 697,828 individuals provides insights into circadian rhythms. *Nature Communications* 10(343). <https://doi.org/10.1038/s41467-018-08259-7>
- Kerr, J. 2009. *Life in the medieval cloister*. London: Continuum.
- Laakso, V. & Belskiy, S. 2018. *The Kalmistomäki cemetery of the Kylälähti pogost in Hiitola, Karelia. Archaeological materials from excavations in 2006–2009*. Archaeologia Medii Aevi Finlandiae XXV. Turku: Suomen keskiajan arkeologian seura.
- Larsen, M., Poll, L., Callesen, O., & Lewis, M. 1991. Relations between the content of aroma compounds and the sensory evaluation of 10 raspberry varieties (*Rubus idaeus* L.). *Acta Agriculturae Scandinavica* 41(4): 447–454. <https://doi.org/10.1080/00015129109439927>
- Laulumaa, V. 1994. Vaalan Manamansalon vanha hautausmaa. *Kentältä poimitua 2. Kirjoitelmia arkeologian alalta*: 51–55.
- Leonardi, M., Gerbault, P., Thomas, M. G. & Burger, J. 2012. The evolution of lactase persistence in Europe. A synthesis of archaeological and genetic evidence. *International Dairy Journal* 22(2): 88–97. <https://doi.org/10.1016/j.idairyj.2011.10.010>
- Li, Q., Chen, J., Faux, P., Delgado, M. E., Bonfante, B., et al. 2023. Automatic landmarking identifies new loci associated with face morphology and implicates Neanderthal introgression in human nasal shape. *Communications Biology* 6(481). <https://doi.org/10.1038/s42003-023-04838-1>
- Liebert, A., López, S., Jones, B. L., Montalva, N., Gerbault, P. et al. 2017. World-wide distributions of lactase persistence alleles and the complex effects of recombination and selection. *Human Genetics* 136: 1445–1453. <https://doi.org/10.1007/s00439-017-1847-y>
- Lyly, A., Wikstén, J. & Lundberg, M. 2022. Hajujaustin arvoitukset. *Lääketieteellinen Aikakauskirja Duodecim* 138(20): 1780–6. <https://www.duodecimlehti.fi/duo16980>
- Makarem, N., Paul, J., Giardina, E.-G. V., Liao, M. & Aggarwal, B. 2020. Evening chronotype is associated with poor cardiovascular health and adverse health behaviors in a diverse population of women. *Chronobiology International* 37(5): 673–685. <https://doi.org/10.1080/07420528.2020.173240>
- Moilanen, U., Kirkinen, T., Saari, N., Rohrlach, A., Krause, J. et al. 2022. A Woman with a sword? – Weapon grave at Suontaka Vesitornimäki, Finland. *European Journal of Archaeology* 25(1): 42–60. <https://doi.org/10.1017/ear.2021.30>
- Mosher, S.W. 1985. *Journey to the Forbidden China*. New York: Free Press.
- Nakano, M., Miwa, N., Hirano, A., Yoshiura, K.-I. & Niikawa, N. 2009. A strong association of axillary osmidrosis with the wet earwax type determined by genotyping of the ABCC11 gene. *BMC Genetics* 10(42). <https://doi.org/10.1186/1471-2156-10-42>
- Naqvi, S., Sleyp, Y., Hoskens, H., Indencleef, K., Spence, J. P. et al. 2021. Shared heritability of human face and brain shape. *Nature Genetics* 53: 830–839. <https://doi.org/10.1038/s41588-021-00827-w>
- Nielsen, J. & Wohlert, M. 1991. Chromosome abnormalities found among 34,910 newborn children: Results from a 13-year incidence study in Århus, Denmark. *Human Genetics* 87: 81–83. <https://doi.org/10.1007/BF01213097>
- Nordfors, U., Peltola, S., O’Sullivan, R. J., Lamnidis, T., Majander, K. et al. (*tulossa*) Archaeogenetics reveals fine-scale genetic continuity and patterns of kinship and health in medieval Finland.

- Olasz, J., Seidenberg, V., Hummel, S., Szentirmay, Z., Szabados, G. et al. 2019. DNA profiling of Hungarian King Béla III and other skeletal remains originating from the Royal Basilica of Székesfehérvár. *Archaeological and Anthropological Sciences* 11: 1345–1357. <https://doi.org/10.1007/s12520-018-0609-7>
- Paparella, A., Haltiel-Harpaza, L. & Ibdah, M. 2021. β -Ionone: Its occurrence and biological function and metabolic engineering. *Plants* 10(4): 754. <https://doi.org/10.3390/plants1004075>
- Pape, E. & Jalongo, N. 2023. Error or minority? The identification of non-binary gender in pre-historic burials in Central Europe. *Cambridge Archaeological Journal* 1–21. <https://doi.org/doi:10.1017/S0959774323000082>
- Peltola, S., Nordfors, U., Arppe, L., Oinonen, M., Sarkkinen, M. et al. (tulossa). Bioarchaeological analysis illustrates the life of a 16th-century Saami individual from Kitka, Kuusamo, Northern Finland.
- Price, N. 2002. *The Viking way: Religion and war in Late Iron Age Scandinavia*. Aun 31. Uppsala: Uppsala University.
- Rebay-Salisbury, K., Berner, M., Wiltschke-Schrotta, K., Herrero Corral, A. M., Wolf, M. et al. 2025. More error than minority: Gendered burial practices align with peptide-based sex identification in Early Bronze Age burials in Central Europe. *Cambridge Archaeological Journal* Published online 2025: 1–16. <https://doi.org/10.1017/S095977432500006X>
- Rees, J. L. 2001. The Melanocortin 1 Receptor (MCR1): More than just red hair. *Pigment Cell Research* 13(3): 135–140. <https://doi.org/10.1034/j.1600-0749.2000.130303.x>
- Reich, D., Patterson, N., Campbell, D., Tandon, A., Mazieres, S. et al. 2012. Reconstructing Native American population history. *Nature* 488: 370–374. <https://doi.org/10.1038/nature11258>
- Riikonen, J. & Ruohonen, J. 2021. The "Ravattula" hairdo from grave 20/2026: New information on Iron Age hairstyles. *Fennoscandia archaeologica* XXXVIII: 193–198. <https://journal.fi/fennoscandiaarchaeologica/article/view/126600>
- Roscoe, W. 1998. *Changing ones. Third and fourth genders in Native North America*. New York: Palgrave Macmillan.
- Salmela, E. 2024. Suomen varhaiset asukkaatko tummaihoisia? Ihonvärin päättely muinais-DNA:sta. *Kalmistopiiri* 13.3.2024. <https://kalmistopiiri.fi/2024/03/13/suomen-varhaiset-asukkaatko-tummaihoisia-ihonvarin-paattely-muinai-dnasta/> [viitattu 6.4.2024]
- Salo, K. 2019. *Osteological analysis Estlotan, Sipoo Eestiluoto KM 41298 SUGRIGE project*. Osteologinen analyysiraportti. Museoviraston arkisto.
- Scheer, F. A. J. L., Hilton, M. F., Manzoros, C. S. & Shea, S. A. 2009. Adverse metabolic and cardiovascular consequences of circadian misalignment. *PNAS* 106(11): 4453–4458. <https://doi.org/10.1073/pnas.0808180106>
- Sieber, R., Stransky, M. & de Vrese, M. 1997. Laktoseintoleranz und Verzehr von Milch und Milchprodukten. *Zeitschrift für Ernährungswiss* 36: 375–393. <https://doi.org/10.1007/BF01617834>
- Silanikove, N., Leitner, G., & Merin, U. 2015. The Interrelationships between lactose intolerance and the modern dairy industry: Global perspectives in evolutionary and historical Backgrounds. *Nutrients* 2015(7): 7312–7331. <https://doi.org/10.3390/nu7095340>
- Snyder F. 1966. Toward an evolutionary theory of dreaming. *American Journal of Psychiatry* 123: 121–136.
- Stenton, D., Keenleyside, A., Fratpietro, S. & Park, R. 2017. DNA analysis of human skeletal remains from the 1845 Franklin expedition. *Journal of Archaeological Science: Reports* 16: 409–419. <https://doi.org/10.1016/j.jasrep.2017.03.041>
- Stolberg, M. 2012. Sweat. Learned concepts and popular perceptions, 1500–1800. Teoksessa: Horstmannshoff, M., King, H. & Zittel, C. (toim.) *Blood, Sweat and Tears: The Changing Concepts of Physiology from Antiquity into Early Modern Europe*: 503–522. Leiden: Brill.
- Storhaug, C. L., Fosse, S. K., & Fadnes L. T. 2017. Country, regional, and global estimates for lactose malabsorption in adults: a systematic review and meta-analysis. *Lancet Gastroenterology & Hepatology* July 6, 2017. [https://doi.org/10.1016/S2468-1253\(17\)30154-1](https://doi.org/10.1016/S2468-1253(17)30154-1)
- Stratton, S. 2016. "Seek and you shall find." How the analysis of gendered patterns in archaeology can create false binaries: a case study from Durankulak. *Journal of Archaeological Method and Theory* 23(3): 854–869. <https://doi.org/10.1007/s10816-016-9290-2>
- Taavitsainen, J.-P., Oinonen, M. J. & Possnert, G. 2015. The Turku Cathedral relics revisited and anonymous relics in the eleventh and twelfth centuries. *Mirator* 16(2): 308–322.
- Tozzo, P., Politi, C., Delicati, A., Gabbin, A. & Caenazzo, L. 2021. External visible characteristics prediction through SNPs analysis in the forensic setting: A review. *Frontiers in Bioscience* 26(10): 828–850. <https://doi.org/10.52586/4991>

- Valverde, P., Healy, E., Jackson, I., Rees, J. L. & Thody, A. J. 1995. Variants of the melanocyte-stimulating hormone receptor gene are associated with red hair and fair skin in humans. *Nature Genetics*, 11 (1995): 328–330. <https://doi.org/10.1038/ng1195-328>
- Visoosak, J. & Graham, J. M. 2006. Klinefelter Syndrome and other sex chromosomal aneuploidies. *Orphanet Journal of Rare Diseases* 1: 42. <https://doi.org/10.1186/1750-1172-1-42>
- Walsh, S., Liu, F., Wollstein, A., Kovatsi, L., Ralf, A. et al. 2013. The HIRISplex system for simultaneous prediction of hair and eye colour from DNA, *Forensic Science International: Genetics* 7(1): 98–115. <https://doi.org/10.1016/j.fsigen.2012.07.005>
- Warinner, C., Hendy, J., Speller, C., Cappellini, E., Fischer, R. et al. 2014. Direct evidence of milk consumption from ancient human dental calculus. *Scientific Reports* 4(7104). <https://doi.org/10.1038/srep07104>
- Wesseldijk, L. W., Henechowicz, T. L., Baker, D. J., Bignardi, G. Karlsson, R. 2024. Notes from Beethoven's genome. *Current Biology* 34(6): PR233–R234. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2024.01.025>
- White, D. & Rabago-Smith, M. 2011. Genotype–phenotype associations and human eye color. *Journal of Human Genetics* 56: 5–7. <https://doi.org/10.1038/jhg.2010.126>
- Yoshiura, K., Kinoshita, A., Ishida, T., Ninokata, A., Ishikawa, T. et al. 2006. A SNP in the *ABCC11* gene is the determinant of human earwax type. *Nature Genetics* 38: 324–330. <https://doi.org/10.1038/ng1733>
- Zhang, M., Wu, S., Du, S., Qian, W., Chen, J. et al. 2022. Genetic variants underlying differences in facial morphology in East Asian and European populations. *Nature Genetics* 54: 403–411. <https://doi.org/10.1038/s41588-022-01038-7>


7

Muinais-DNA osana terveyden ja sairauden monitieteistä arkeologista tutkimusta

Ulla Nordfors

 <https://orcid.org/0000-0002-4213-4061>

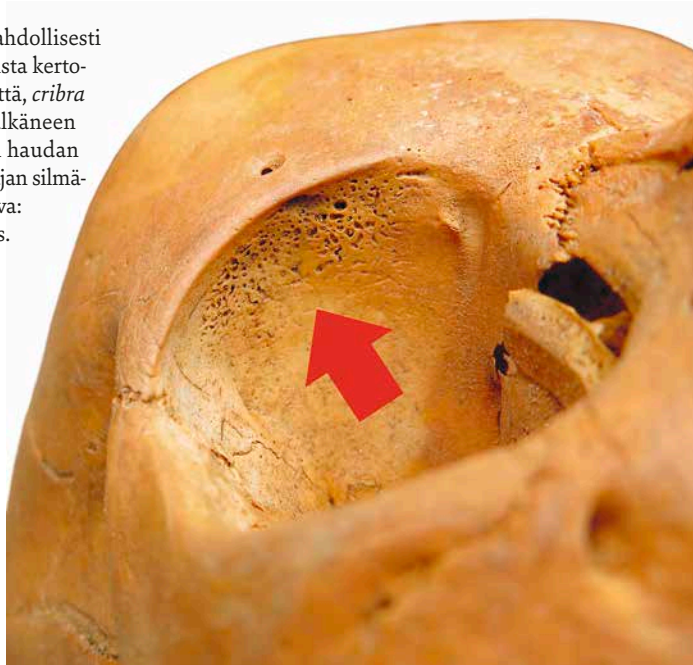
Sofia Paasikivi

 <https://orcid.org/0000-0003-0841-1800>

Terveiden ja sairauden arkeologinen tutkimus lähtee liikkeelle terveyden, sairauden ja taudin määrittelystä. Taudin ja sairauden käsitteet ovat toisinaan päällekkäisiä, mutta useimmiten taudeilla viitataan tarttuviin tauteihin, kun taas sairaudet voivat olla muita elimistön tai psyyken toiminnan poikkeavuuksia (pois lukien kansantaudit). Sairaus voi myös olla perinnöllinen, toisin kuin tauti. Terveys puolestaan on laajempi käsite, joka pitää sisällään erilaisia yksilön hyvinvointiin liittyviä tekijöitä. Esimerkiksi nälänhädän aikana henkilön terveys saattaa kärsiä, vaikka hänellä ei olisikaan sairauksia tai tauteja.

Arkeologisella tutkimuksella voidaan tavoittaa vain vähän yksilön kokonaisterveydestä. Tautien ja perinnöllisten sairauksien tutkimuksella voidaan kuitenkin lähestyä sitä, millainen oli menneisyyden ihmisen terveydentila, minkälaisista vaivoista hän kärsi, ja millaiset tekijät vaikuttivat hänen hyvinvointiinsa. Arkeologinen tutkimus voi keskittyä myös selvittämään tautikuolemien vaikutusta yhteisössä, kuinka sairauksiin reagoitiin, miten yhteisö huolehti sairaista tai vammaisista jäsenistään tai millaista elämää ihmisen oli mahdollista elää erilaisten terveyshuolien kanssa kulloisessakin ajassa, paikassa tai kulttuurisessa ympäristössä. Merkittävä lähde näiden

Kuva 7.1. Mahdollisesti puutostaudeista kertovaa reikäisyyttä, *cribra orbitalia*, Pälkäneen rauniokirkon haudan 16/2022 vainajan silmäkuopassa. Kuva: Ulla Nordfors.



asioiden selvittämiseen on luuaineisto. Se voi kertoa pitkään sairastetuista taudista, sairauksista, synnynnäisistä epämuodostumista sekä onnettomuuksien ja väkivallan aiheuttamista vammoista. Esimerkiksi pitkittynyt nälänhätä, yksipuolinen ravinto tai erilaiset sairaudet saattavat näkyä pääkallon silmäkuopissa reikäisyytenä tai huokoisuutena, jota kutsutaan *cribra orbitaliaksi* (kuva 7.1).³⁷⁹ Varhaislapsuudessa koettu fyysinen stressi, kuten ravinnon puute tai vakava infektio, voi puolestaan näkyä hammaskiilteen kehityshäiriönä, niin sanottuna **kiillehypoplasiana**.³⁸⁰

Luusto ei kuitenkaan kerro kaikkea ihmisen terveydestä. Monet tartuntataudit, kuten rutto tai malaria, saattavat tappaa niin nopeasti, että niistä ei jää merkkejä luuihin.³⁸¹ Joskus tällaiset taudit voidaan löytää etsimällä vainajasta otetusta DNA-näytteestä taudinaiheuttajien perimää. Myös nälkään voi kuolla niin nopeasti, ettei luustoon ehdi jäämään havaittavia merkkejä. Näin ollen arkeologiset yksilöt, joiden hampaissa on havaittavissa kiillehypoplasiaa, edustavat hankalista ajoista selviytyjiä. Pitkällä aikavälillä nämä

379 esim. Rivera & Lahr 2017

380 Lewis & Roberts 1998

381 Roberts & Ingham 2008

selviytyjät ovat voineet olla terveempiä ja vastustuskykyisempiä kuin ne, jotka menehtyivät ennen luumuutosten muodostumista. Siksi niin kutsuttu kuolleiden populaatio ei koskaan täysin vastaa sitä, millainen elävä yhteisö on ollut. Tutkittaessa arkeologisesta aineistosta esimerkiksi lapsia tutkimusaineistona ovat yleensä lapsuudessa kuolleet yksilöt, vaikka jokainen aikuisena kuollut on myös ollut lapsi. Ilmiöstä käytetään arkeologiassa nimitystä **osteologinen paradoksi**.³⁸²

Ihmisjäännösten tutkimus vaatii aina eettisten näkökohtien huomioimista. Sen lisäksi, että arkeologisten yksilöiden tutkimukseen liittyy aina kysymyksiä hautoihin ja ihmisjäännöksiin kajoamisen oikeutuksesta sekä ihmisyyden kunnioittamisesta,³⁸³ on terveyshistorian tutkimuksessa mukana omia erityiskysymyksiä. Tietyt taudit ja sairaudet, kuten seksitaudit ja mielenterveysongelmat, ovat yhä usein leimaavia ja niihin suhtaudutaan eri kulttuureissa eri tavoin.³⁸⁴ Etenkin historiallisen ajan arkeologisten yksilöiden henkilöllisyys saattaa olla tiedossa tai selvitettävissä,³⁸⁵ joten tutkimuksessa voi herätä kysymyksiä yksilön nimeämisen tarpeellisuudesta sekä siitä, miten hänestä puhutaan.³⁸⁶ Lain mukaan elossa olevien ihmisten terveystiedot ovat arkaluontoista tietoa, mutta henkilötietolakia ei sovelleta 1800-luvulla ja tätä aiemmin eläneisiin ihmisiin.³⁸⁷ Historiallisen henkilön nimeämättömäksi jättäminen esimerkiksi sairauden vuoksi voi myös edistää näkemystä, jonka mukaan jokin tietty sairaus on hävettävä ja tabunomainen.³⁸⁸ Eettisiin kysymyksiin ei useinkaan ole olemassa suoraviivaisia ja yhdenmukaisia vastauksia, vaan tutkijat tasapainottelevat erilaisten näkemysten välillä ja tekevät ratkaisunsa tapauskohtaisesti.

Oma haasteensa on tautihistoriallisen tutkimuksen dokumentoinnissa ja julkaisussa. Miten esimerkiksi valokuva-aineiston kanssa menetellään? Osa terveysongelmista, kuten lepra, pitkälle edennyt syfilis, tai jotkin kromosomipoikkeavuudet voivat aiheuttaa luustossa näkyviä poikkeamia.

382 Wood et al. 1992

383 esim. Sayer 2010; Wagner et al. 2020; Mytum 2021. Toisaalta keskustelua on käyty myös siitä, onko vainajalla oikeuksia, ks. esim. Wilkinson 2002; Sayer 2017: 21.

384 esim. Keusch et al. 2006; Stangl et al. 2019

385 Vainio-Korhonen 2017; Moilanen 2021a

386 Scarre 2003; Tagesson 2015; Tarlow 2015; Mytum 2021

387 Ks. aiheesta tarkemmin Vainio-Korhonen 2017

388 Vrt. Salmela 2017, jossa keskustellaan itsemurhan tehneiden historiallisten yksilöiden nimeämisen oikeutuksesta.

Tällaiset poikkeamat ovat usein kiehtoneet ihmisiä, ja niitä on voitu esitellä jopa museoissa shokeeraavaan tai kauhistelemaan sävyyn.³⁸⁹ Jokaisen arkeologisen luulöydön taustalla on kuitenkin todellinen ihminen, jonka terveyshaasteet ovat olleet osa hänen elämäänsä. Sairauksien merkkien valokuvaaminen ja julkaisu ovat välttämättömiä osia eettisesti kestävästä arkeologiaa ja dokumentoitua tieteentekemistä. Kuvien esittämisen tuleekin aina palvella paitsi tutkimusta myös menneisyyden ihmisiä tuomalla esiin heidän äänensä ja tarinansa. Lisäämällä ymmärrystä terveyden moninaisesta historiasta tutkimus voi osaltaan auttaa rikkomaan tabuja ja siten parantaa keskustelua myös nykyisten terveysongelmien ympärillä.

Taudinaiheuttajien muinais-DNA-tutkimus

Arkeologiset menetelmät kertovat eri tavoin menneisyyden ihmisten ja yhteisöjen elämästä, mutta eivät välttämättä suoraan sitä, mihin tautiin henkilö on mahdollisesti menehtynyt. Muinais-DNA-tutkimuksella voidaan kuitenkin tunnistaa tiettyjä taudinaiheuttajia tai perinnöllisiä tekijöitä, jotka ovat mahdollisesti vaikuttaneet ihmisten terveydentilaan. Hyödyntämällä useita erilaisia tieteenaloja ja menetelmiä kuva menneisyydestä täydentyy ja monipuolistuu.

Kun arkeologisesta aineistosta halutaan tutkia tauteja muinais-DNA:n avulla, keskitytään ihmisperimän sijaan **patogeenien** eli taudinaiheuttajien perimän etsimiseen. Useimmissa tapauksissa tämä tarkoittaa tutkimusta, jossa luustosta pyritään löytämään jälkiä taudinaiheuttajan DNA:sta. Koska tietyt sairaudet, esimerkiksi lepra ja syfilis, jättävät pitkittyessään luustoon tunnistettavia jälkiä, voivat luumuutokset auttaa päättämään, mistä kohdasta muinais-DNA-näyte kannattaa ottaa ja kannattaako näytteestä etsiä jotakin tiettyä taudinaiheuttajaa.

Luiden lisäksi taudinaiheuttajien perimää on mahdollista tutkia myös muumioituneesta kudoksesta ja hammaskivestä. Muinaisten **patogeenien** DNA-tutkimuksessa vaikuttavat kuitenkin pääosin samat haasteet kuin ihmisten perimää tutkittaessa: myös taudinaiheuttajan DNA hajoaa ajan

389 Bates 2006; 2008; Tarlow 2016

ja ympäristötekijöiden vaikutuksesta, jolloin sen havaitsemisesta tulee vaikeampaa. Toinen haaste on perimän konkreettinen määrä. Esimerkiksi ihmislääke on jo lähtökohtaisesti sisältänyt enemmän ihmisyksilön kuin hänessä elävien taudinaiheuttajien perimää. Taudinaiheuttajan perimän löytyminen arkeologisesta aineistosta ei myöskään automaattisesti merkitse, että kyseessä olisi yksilön kuolinsyy. Joidenkin tautien kanssa on saatettu elää pitkiäkin aikoja. Vastaavasti taudinaiheuttajan DNA:n puuttuminen näytteestä ei sulje pois mahdollisuutta, että henkilö olisi ollut sairas. Esimerkiksi kaikista ruttoon yhdistetyistä joukkohaudoista ei ole pystytty eristämään *Yersinia pestis*-bakteerin DNA:ta, mikä voi johtua esimerkiksi huonosta säilyvyydestä, eikä siitä, ettei tauti olisi ollut läsnä.³⁹⁰ Patogeenien DNA-tutkimusta hankaloittaa myös se, että jotkin taudinaiheuttajat muuttavat geneettisesti maaperässä eläviä harmittomia mikrobeja. Esimerkiksi tuberkuloosia aiheuttava *Mycobacterium tuberculosis* voidaan kuitenkin erottaa maaperän mykobakteereista DNA-tutkimuksella, jos näytteen sisältämä DNA on säilynyt riittävän hyvin.³⁹¹

Tartuntatautien tutkimuksessa suuri haaste ovat virukset. Monien virusten perimä koostuu DNA:ta yksinkertaisemmasta ja hajoamiselle herkemästä RNA:sta. Koska aika ja olosuhteet tuhoavat RNA:n nopeammin, on RNA:n löytäminen arkeologisesta aineistosta DNA:ta vaikeampaa. Tämän vuoksi muinaisten taudinaiheuttajien tutkimuksessa korostuvat bakteerit ja DNA-virukset, kuten isorokon aiheuttava variola-virus.³⁹² Toistaiseksi virustutkimuksen haasteet rajaavatkin pois merkittävän osan tautihistoriaa, sillä esimerkiksi monet hengitystieinfektiot ovat usein RNA-virusten aiheuttamia. Nämä virukset voivat aiheuttaa vakavia epidemioita, kuten vuosina 1918–1920 Euroopassa kymmeniä miljoonia ihmisiä tappanut espanjantauti (influenssavirus A, alatyyppejä H1N1)³⁹³ ja 2020-luvun koronapandemia (koronavirus SARS-CoV-2) osoittavat.

Arkeologisessa aineistossa yksi merkki tartuntatautien aiheuttamasta kohonneesta kuolleisuudesta on joukkohautojen lisääntyminen. Esihistoriallisten hautausten tapauksessa joukkohaudat saattavat tarkoittaa vain

³⁹⁰ Esim. Haensch et al. 2010; Cessford et al. 2021

³⁹¹ Gaeta 2021

³⁹² esim. Duggan et al. 2016; Mühlemann et al. 2020

³⁹³ Tumpey et al. 2005

muutamien yksilöiden laskemista samaan hautaan, mitä tapahtui esimerkiksi Suomessa 1100-luvun lopussa.³⁹⁴ Toisaalta Euroopassa tehtyjen tutkimusten perusteella tiedetään, että keskiajan ruttoepidemoissa ruttoon kuolleita haudattiin myös tavallisiin yksittäishautoihin.³⁹⁵ Koska kaikki epidemiat eivät välttämättä näy arkeologisessa aineistossa, tuovat luonnontieteelliset menetelmät, kuten bakteerien muinais-DNA-tutkimus tai eliöiden tuottamien proteiinien tutkimukseen keskittyvä **paleoproteomiikka** (luku 11), lisää tietoa epidemoista ja niiden vaikutuksista menneisyyden yhteisöihin.

Tarttuvat taudit

Peloponnesolaissodan aikaan 430-luvulla eaa. Ateenaan levinnyt kulkutauti aiheutti neljän vuoden aikana useita tavallista korkeamman kuolleisuuden ajanjaksoja. Arvioiden mukaan tauti surmasi vähintään kymmeniätuhansia ihmisiä. Vaikka epidemiasta puhutaan ”Ateenan ruttona”, sen aiheuttajaa ei tunneta. Epidemiasta on säilynyt aikalaishistorioitsijan Thukydideen kuvaus, jonka mukaan tauti saapui Etiopiasta Egyptin ja Libyan kautta leviten Välimeren ympäristöön. Tauti oli tuntematon lääkäreille ja niin vakava ja tappava, ettei kukaan muistanut vastaavaa. Sairaiden kanssa tekemisissä olleiden lääkäreiden kerrottiin kuolevan nopeasti, eikä kukaan tuntunut olevan turvassa, sillä surmansa saivat niin heikot kuin vahvatkin.

Thukydideen mukaan taudin oireina oli päänsärkyä, hengitystieoireita, oksentelua, kramppeja, ripulia, ihottumaa ja muistinmenetystä, ja kuolema tapahtui yleensä noin viikon kuluttua oireiden alkamisesta.³⁹⁶ Kuvauksen perusteella epidemian syyksi on ehdotettu muun muassa influenssaa, pilkkukuumetta, lavantautia, ruttoa, isorokkoa ja tuhkarokkoa – jopa ebolaa.³⁹⁷ Epidemian aiheuttajaa on pyritty etsimään myös **molekyylligetiikan** avulla. Kerameikoksesta löytyneen, Peloponnesolaissotien aikaan ajoittuvan joukkohaudan kolmesta vainajasta on onnistuttu eristämään

394 Moilanen 2021b: 66

395 Cessford et al. 2021; Gutschmidl-Schumann 2018

396 Ferngren 2014: 48–49

397 mm. Cunha 2004; Littman 2009; Kazanjan 2015

lavantautia aiheuttava bakteeri *Salmonella enterica serovar Typhi*.³⁹⁸ Koska lavantauti on kuitenkin ollut Kreikassa **endeeminen** ja siten oletettavasti aikalaisille tuttu, ei monikaan tutkija pidä sitä todennäköisenä Ateenan ruton aiheuttajana.³⁹⁹ Vaikuttaakin siltä, että Thukydideen kuvaus ei ole tarpeeksi tarkka taudin tunnistamiseen.

Rutto on sanana pitkään ollut yleisnimitys tartuntataudille, mutta nykyisin sillä viitataan nimenomaan *Yersinia pestis* -bakteerin aiheuttamaan tautiin. Taudin tyypillisin muoto, paiserutto, aiheuttaa korkeaa kuumetta ja paiseita. Paiseruton eteneminen keuhkoihin tai verenkiertoon aiheuttaa sekundaarisen keuhkoruton tai veriruton, jotka oireilevat verisenä yskänä, verenmyrkytyksenä tai nekrooseina eli kudoskuolemina erityisesti raajoissa. Rutolla on omaleimainen kulttuurinen asema tautien historiassa, ja sen aiheuttamat epidemiat ovat olleet laajoja. Tauti onkin ollut kiinnostava kohde myös muinais-DNA-tutkimukselle sen historiallisen ja kulttuurisen merkityksen vuoksi.

Arkeologisista ihmisjäännöksistä tehdyt taudinaiheuttajien tutkimukset ovat osoittaneet, että *Y. pestis* -bakteeria esiintyi Euraasiassa jo noin 5 000 vuotta sitten kivi- ja pronssikauden taitteessa ilmeten todennäköisesti keuhkoruttona.⁴⁰⁰ Bakteeria on löytynyt myös Virosta Sopen ja Kunilan **nuora-keramisista** (noin 2500–2300 eaa.) kalmistoista ja Ruotsista Frälsegårdenin **käytävähaudasta** (noin 3900–2100 eaa.).⁴⁰¹ Lähialueilta tehtyjen löytöjen vuoksi on ehdotettu, että arkeologisen aineiston perusteella ilmeinen väestökato Suomen alueella 4 900–4 300 vuotta sitten olisi ainakin osittain johdunut rutosta.⁴⁰² Toistaiseksi Suomesta ei kuitenkaan ole löydetty varmoja esihistoriallisia todisteita *Y. pestis* -bakteerista.

Rutto on usein esiintynyt pitkän ajan kuluessa pienempien epidemioiden ryppäinä, kuten varhaiskeskiaikainen Justinianuksen rutto vuosina 541–767. Euroopassa vuosina 1347–1351 levinneeseen **Mustana surmana** tunnettuun ruttoepidemiaan kuoli mahdollisesti jopa kolmannes Euroopan väestöstä. Mustan surman vaikutukset tunnetaan melko hyvin kirjallisten lähteiden ansiosta. Norjassa ja Tanskassa ruton on tulkittu tappaneen

398 Papagrigorakis et al. 2006

399 esim. Littman 2009; ks. myös Ferngren 2014; Cohn 2018

400 Rasmussen et al. 2015; Spyrou et al. 2022

401 Rasmussen et al. 2015; Andrades Valtueña et al. 2017; Rascovan et al. 2019

402 Saipio 2022

1300-luvulla niin paljon väkeä, että osa jäi hautaamatta.⁴⁰³ Korkean kuolleisuuden vuoksi joidenkin ruotsalaisten hiippakuntien verotuotto väheni puoleen vuoden 1350 jälkeen, ja Skaran hiippakunnassa vain 34 pappia yhteensä viidestäsadasta selvisi epidemiasta.⁴⁰⁴ Konkreettisia todisteita ruton leviämisestä Suomen alueelle 1300-luvulla ei toistaiseksi ole, eikä epidemian mahdollisia välillisiä tai paikallisia vaikutuksia ole vielä tutkittu.⁴⁰⁵ Varmuudella rutto kuitenkin saapui Suomeen 1400-luvun lopussa.⁴⁰⁶ Vuonna 1495 Naantalın luostarin esimies kirjasi 50 ihmisen kuolleen ruttoon kaupungissa, kun taas luostarin asukkaat säästyivät taudilta.⁴⁰⁷ Tämän jälkeen rutto vieraili Suomessa useasti, välillä vain muutamien vuosien välein. Viimeisessä epidemiassa vuosina 1710–1711 kuoli arvioiden mukaan 4000–10000 suomalaista.⁴⁰⁸

Muinais-DNA-tutkimuksissa *Y. pestis*-bakteeria on löydetty muun muassa keskiajan Englannista, Tanskasta, Saksasta ja Ranskasta.⁴⁰⁹ Ihmisten ja *Y. pestiksen* perimään keskittyneiden tutkimusten mukaan 1300-luvulla rai-vokkaasti levinnyt Musta surma sai alkunsa Keski-Aasian aroilta.⁴¹⁰ DNA-tutkimusten ansiosta tiedetään myös, että Mustan surman aikaansaama korkea kuolleisuus edisti tiettyjen immuunipuolustukseen liittyvien geenien yleistymistä Euroopassa. Sen vuoksi kuolleisuus oli matalampi Mustaa surmaa seuranneissa ruttoepidemioissa.⁴¹¹

Toinen muinai-DNA-tutkimuksin runsaasti tutkittu tauti on lepra, jonka vanhempi nimitys on spitaali. Lepraan on liittynyt Euroopassa voimakas stigma, ja sairastuneet on tyypillisesti eristetty muusta yhteisöstä. Iho-oireet ovat olleet näkyvä merkki sairaudesta, vaikka lievän lepran aiheuttamat ihomuutokset on mahdollista sekoittaa esimerkiksi psoriasikseen, vau-pukkasyylätautiin, kupan iho-oireisiin tai muihin ihotauteihin (kuva 7.2).

403 Kallioinen 2005: 30

404 Kallioinen 2005: 31

405 ks. Moilanen & Paasikivi 2022

406 Ilmoni 1846: 229, 247, Kallioinen 1998

407 Kallioinen 2005: 34

408 Kallioinen 2005: 36

409 Eaton et al. 2023. Omassa hankkeessamme olemme ottaneet näytteen Porvoosta löytyneistä ihmisjäännoksista, jotka perimätiedon mukaan saattaisivat liittyä ruttoepidemiaan. Näytteet ovat tätä kirjoittaessa kuitenkin vasta matkalla laboratorioon.

410 Spyrou et al. 2022

411 Klunk et al. 2022



Kuva 7.2. A. Tardieun kaiverrus 1800-luvun alusta kuvaa lepraan sairastunutta islantilaista miestä ja tämän kasvoissa näkyviä iho-oireita. Kuva: Wellcome Collection.

Pitkittynyt ja vaikea lepra voi kuitenkin edetä iho-oireista vakaviin vaurioihin ja johtaa esimerkiksi sormien, varpaiden tai nenän menettämiseen. Lepran aiheuttavan *Mycobacterium leprae*-bakteerin evoluutiota on ollut vaikea tutkia, sillä bakteeria ei voi kasvattaa laboratorio-olosuhteissa.⁴¹² Siksi arkeologiset näytteet ovat olleet avainasemassa tutkittaessa taudin aiheuttajan alkuperää, kehitystä ja leviämistä. *M. leprae*-bakteeria on löydetty esimerkiksi 1100-luvun vainajasta Ruotsin Sigtunasta sekä Tanskasta ja Englannista,⁴¹³ mutta ei toistaiseksi Suomesta. Lepra on silti ensimmäinen tartuntatauti, josta Suomesta on kirjallisia lähteitä: vuonna 1355 Turun tuomiokirkon **Mustassakirjassa** mainitaan leprasairaille tarkoitettu Turun Pyhän Yrjänän hospitaali.⁴¹⁴

Huolimatta lepran aiheuttamista sosiaalisista ongelmista ei tauti itsessään ole erityisen voimakkaasti tarttuva tai aiheuttanut voimakasta kuollei-

⁴¹² McMurray 1996

⁴¹³ Schuenemann et al. 2013; Mendum et al. 2014

⁴¹⁴ Kallioinen 2005: 43

suutta.⁴¹⁵ Tautia kuitenkin pelättiin niin paljon, että sairastuneille perustettiin 1600-luvulla eri puolille Ruotsin valtakuntaa useita eristyksissä olevia hospitaaleja. Suomen alueella kenties kuuluisin oli Seilin saarelle vuonna 1624 perustettu leprahospitaali.

Kolmas runsaasti tutkittu tauti on syfilis eli kuppa, joka levisi Euroopassa laajasti 1500-luvulla. Vakiintuneen käsityksen mukaan kuppa levisi Amerikasta Eurooppaan 1400-luvulla Kolumbuksen laivaston mukana, vaikkakin jotkut tutkijat ovat kyseenalaistaneet taudin maantieteellisen alkuperän.⁴¹⁶ Kuppa aiheutti 1700- ja 1800-luvuilla useita paikallisia epidemioita, ja yhä nykyäänkin siihen sairastuu noin 200 suomalaista vuosittain.⁴¹⁷

Kirkko piti kuppaa rangaistuksena syntisestä elämästä, ja tauti olikin usein leimaava. Kupan aiheuttava *Treponema pallidum* -bakteeri leviää sukupuolilyhteydessä tai tartunnan saaneelta äidiltä sikiöön istukan kautta. Kuppaa vuosien ajan sairastaneella ihmisellä tauti saattaa näkyä keskushermosto-oireina tai luumuutoksina. Siksi luuanalyysissä on mahdollista tunnistaa pitkälle edenneen kupan luustoon jättämät merkit, joista *Treponema*-bakteeria on mahdollista etsiä molekulaarisin menetelmin. Taudin aiheuttajaa on löytynyt toistaiseksi kahdelta suomalaiselta arkeologiselta yksilöltä. Toinen on aikuinen Turusta Pyhän Hengen talon eli köyhäinhospitaalin hautausmaalta 1500-luvulle ajoittuvasta haudasta, ja toinen on lapsi Porvoon tuomiokirkon hautausmaalta 1700-luvulle ajoittuvasta haudasta 28/2007.⁴¹⁸ Porvoon keskosikäisenä menehtynyt lapsi on kantanut elimistössään *Treponemaa*, joka on todennäköisesti siirtynyt lapseen syfilistä sairastaneen äidin kautta. Bakteeri on todennäköisesti myötävaikuttanut lapsen varhaiseen kuolemaan joko kohdussa tai hyvin pian syntymän jälkeen.

Pälkäneen rauniokirkolle 1500-luvulla haudatun noin viisivuotiaan lapsen luista (hauta 12/2022) on muinais-DNA-tutkimuksissa löytynyt *Yersinia enterocolitica* -bakteeria,⁴¹⁹ jonka **patogeeninen** kanta oireilee ripulina, vatsakipuna, kuumeena ja pahoinvointina.⁴²⁰ Bakteeri leviää yleensä

415 Kallioinen 2005: 43–44, Vuorinen 2002: 153–154

416 ks. keskustelua alkuperästä esim. Beale et al. 2020, Majander et al. 2020

417 Terveystieteiden tutkimuskeskus 2023

418 Majander et al. 2020. Tarkemmin määrittämätön *Treponema* on havaittu myös Pälkäneen rauniokirkolta tutkitusta 1800-luvun alkuun ajoittuvasta haudasta (Nordfors et al., *tulossa*).

419 Nordfors et al. *tulossa*

420 Bottone 1999; Kapperud 1991

saastuneen ruoan, erityisesti raakojen tai huonosti kypsennettyjen sianlihatuotteiden välityksellä.⁴²¹ Vaikka *Y. enterocolitica* -infektiot ovat yleensä lieviä ja itsestään parantuvia, vakavammissa tapauksissa ne voivat johtaa vaarallisiin komplikaatioihin ja kuolemaan. Etenkin lapsilla ja vanhuksilla on suurempi riski saada vakava *Y. enterocolitica* -infektio.⁴²²

Suomen lähialueilta on muinais-DNA-tutkimuksissa löytynyt muitakin tartuntatautien aiheuttajia: isorokkoa aiheuttavaa variola-virusta tunnetaan viikinkiaikaisesta Tanskasta ja Ruotsista ja vakavia suolistotauteja aiheuttavaa *Salmonella enterica* -bakteeria 1200-luvun Norjasta.⁴²³ Suomessa viruksia on tutkittu toisen maailmansodan aikaisista vainajista, joista on löytynyt parvorokkoa aiheuttavan parvoviruksen DNA:ta.⁴²⁴ Näitä ja muitakin tarttuvia tauteja olisi mahdollista selvittää myös suomalaisesta arkeologisesta aineistosta muinais-DNA-menetelmillä, joskin taudinaiheuttajien löytyminen on säilymisestekojen vuoksi jossain määrin sattumanvaraista.⁴²⁵

Yleisesti ottaen geneettinen tutkimus antaa tietoa tarttuvia tauteja aiheuttavien patogeenien alkuperästä, evoluutiosta ja leviämisestä, ja yhdistettynä perinteisiin arkeologisiin menetelmiin se auttaa myös tutkimaan tartuntatautien historiallista vaikutusta menneisyyden yhteisöissä. Samalla tutkimus voi antaa äänen myös sellaisille ihmisille – lapsille, köyhille ja epidemioiden uhreille – joita historiantutkimus ei välttämättä muuten tavoita.

Menneisyyden ihmisten terveydentila

Menneisyyden ihmisten terveyden tutkimus vaatii monitieteistä lähestymistapaa. Luuanalyysit ja **bioarkeologian** muut menetelmät antavat tietoa ihmisten terveydestä, esimerkiksi hammassairauksista ja -hygieniasta, kun taas kasvijäännetutkimuksilla voidaan päästä kiinni menneisyydessä käytettyihin lääkekasveihin. Arkeologinen tutkimus voi myös avata terveydenhuollon käytäntöjä menneisyydessä. Eri menetelmiä yhdistämällä tutkijat voivat muodostaa huomattavasti laajemman käsityksen muinaisesta tervey-

421 Kapperud 1991

422 esim. Robins-Browne 2012

423 Mühlemann et al. 2018; Zhou et al. 2018

424 Toppinen 2021

425 ks. Moilanen & Paasikivi 2023

destä ja sen kulttuurisista, ympäristöllisistä ja geneettisistä taustatekijöistä kuin yhtä menetelmää käyttämällä.

Yksi terveyden tutkimukseen liittyvä aihepiiri on suun terveys, joka kertoo usein monia asioita ihmisen kokonaisterveydestä. Aihetta voidaan lähestyä **metagenomiikan** menetelmillä tutkimalla suun **mikrobiomia** eli suussa elävien mikrobien lajikirjoa ja geenejä. Suun mikrobiomilla on suuri merkitys yksilön terveyteen, sillä se vaikuttaa esimerkiksi immuunijärjestelmään, ravinteiden imeytymiseen sekä aineenvaihdunnan aktiivisuuteen.⁴²⁶ Mikrobiomista ei tutkita pelkästään taudinaiheuttajia, vaan siitä voidaan saada tietoa myös harmittomista tai jopa elimistön toiminnalle tarpeellisista bakteereista. Suun mikrobiomiin kuuluu bakteerien lisäksi myös alkueläimiä, viruksia ja sieniä, mutta niitä on toistaiseksi tutkittu vähemmän kuin bakteeristoa.⁴²⁷

Suun mikrobiomin tutkimushistoria ulottuu kauas. Mikrobiologian uranuurtaja Antoni van Leeuwenhoek tarkasteli vuonna 1674 itse rakentamallaan mikroskoopilla omaa hammaskiveään ja kirjasi nähneensä, kuinka ”pikkueläimet liikkuvat kauniisti”.⁴²⁸ Muinais-DNA-tutkimus perehtyy suun mikrobiomiin mikroskopialla syvemmin. Tällä hetkellä tunnetaan lähes 700 tunnistettavissa olevaa suun mikrobiomiin kuuluvaa pieneliötä, joista osa on kaikille ihmisille samoja ja osa taas yksilöllisiä lajeja, joiden esiintymiseen vaikuttavat esimerkiksi ruokavalio ja suun terveys.⁴²⁹ Harmittomat, niin kutsutut **kommensaalit** eli pöytävieraslaajat, myös suojaavat ihmistä taudeilta, sillä ne vievät elintilaa **patogeenisiltä** bakteereilta. Jotta patogeeninen bakteeri voi aiheuttaa suussa tulehduksen, sen on ensin läpäistävä harmittomien bakteerien muodostama kerros.⁴³⁰

Muinais-DNA-tutkimuksessa suun mikrobiomia tutkitaan tyypillisesti hammaskivestä (kuva 7.3). Hammaskiveä muodostuu mikrobien, ruoantähteiden ja proteiinien kertyessä plakiksi hampaan pinnalle ja syljen sisältämien kalsium- ja fosfaattisuolojen kovettaessa plakin hampaan pinnalle.⁴³¹ Tämä ihmisen elämän aikana kertynyt hammaskivi säilyy erinomaisesti ja

426 Gancz & Weyrich 2023

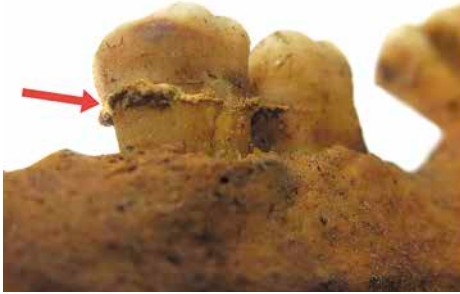
427 Deo & Desmukh 2019

428 Patil et al. 2013; Warinner et al. 2015

429 Deo & Desmukh 2019; Weyrich 2020

430 Deo & Desmukh 2019

431 Gancz & Weyrich 2023



Kuva 7.3. Suun mikrobiomin tutkimukseen sopivia aineistoja. Vasemmalla hammaskiveä Pälkäneen rauniokirkon haudan 11/2022 vainajan hampaissa. Kuva: Ulla Nordfors. Oikealla Lapualta Pitkämäen kivikautiselta asuinpaikalta löytynyttä purupihkaa, jossa näkyy pureskelijan hampaanjälkiä. Kuva: Museovirasto, arkeologian kuvakokoelma. CC BY 4.0.

on hyvä lähde luonnontieteelliselle tutkimukselle.⁴³² Poikkeuksellisempi suun mikrobiomin lähde on purupihka (kuva 7.3) eli koivuntuohiterva, jota on kivikaudella käytetty muun muassa saviastioiden paikkaamiseen ja kiviterien liimaamiseen. Tanskasta löytyneestä 5 700 vuotta vanhasta purupihkasta on tunnustettu runsaasti ei-patogeenisiä bakteereja, mutta myös herpesvirus 4 eli Epstein–Barrin virus (EBV) ja *Streptococcus pneumoniae* -bakteeri, joka aiheuttaa merkittävän osan keuhkokuumetartunnoista.⁴³³ Purupihkaa on löydetty myös Suomen kivikautisilta asuinpaikoilta, joten se muodostaa kiinnostavan aineiston alueen kivikautisten asukkaiden terveydentilan tutkimiseen.

Nykyaineistoja tutkimalla on havaittu, että tietyt sairaudet muuttavat ihmisen suun mikrobiomia ja esimerkiksi hampaan kiinnityskudosten tulehdus **parodontiitti** voi esiintyä samanaikaisesti niiden kanssa. Alustavien tulosten pohjalta vaikuttaa siltä, että suun mikrobiomi voi toimia indikaattorina muun muassa sydän- ja verisuonisairauksille, nivelreumalle, diabetekselle ja Alzheimerin taudille, mutta menetelmää ei ole vielä sovellettu arkeologisiin yksilöihin.⁴³⁴ Koska suun mikrobiomi kertoo terveydestä myös laajemmin, se avaa kiinnostavan mahdollisuuden tutkia arkeologisilta yksilöiltä **monitekiäisiä** sairauksia, joita ei muuten ole helppo havaita arkeologisesta aineistosta.

Hammaskiven lisäksi mikrobiomia on mahdollista tutkia myös suolistosta. Arkeologisesta aineistosta tämä tapahtuu esimerkiksi tutkimalla muumioita tai **koproliitteja** eli arkeologisoituneita ulosteita. Ensiksi mainituista kenties

⁴³² ks. Hendy 2021

⁴³³ Jensen et al. 2019

⁴³⁴ Gancz & Weyrich 2023

kuuluisin esimerkki on noin 5200 vuotta vanha Ötziksi nimetty mummio, joka löytyi Italian vuoristosta vuonna 1991. Ötzin suolistosta löydettiin muun muassa *Clostridium perfringens* ja *Pseudomonas veronii* -patogeenien varhaisia muotoja. Molempien bakteerien nykykannat aiheuttavat pahoinvointia ja ripulia.⁴³⁵ Arkeologisten yksilöiden suoliston mikrobiomia tutkimalla on myös havaittu, että suolistobakteerien määrä on vähentynyt ja yksipuolistunut viimeisen tuhannen vuoden aikana, mikä voi olla yksi allergioiden, astman ja ylipainon merkittävää lisääntymistä selittävistä tekijöistä.⁴³⁶

Geneettiset alttiudet ja tulkinnan haasteet

Genetiikan soveltaminen muinaisen ihmisen terveyden tutkimukseen ei kuitenkaan ole kaikilta osin ongelmaton. Monien geenien ja niiden toiminnan ymmärtäminen on vielä puutteellista, mikä hankaloittaa joidenkin ominaisuuksien, riskitekijöiden tai sairauksien liittämistä tiettyihin yksittäisiin geneettisiin tekijöihin. Monet terveyteen vaikuttavat tilat ovat geneettisesti monitekijäisiä, eli niihin vaikuttaa useampi geeni sekä ympäristö. Geneettiset alttiudet ovat myös kytköksissä väestöjen **geneettiseen monimuotoisuuteen**. Eri **populaatioilla** on erilaiset geneettiset profiilit, minkä vuoksi tietyt riskitekijät voivat vaihdella populaatioiden välillä.

Sirppisoluanemia on kiinnostava esimerkki siitä, miten ympäristötekijät voivat muokata kokonaisten populaatioiden geneettistä koostumusta.⁴³⁷ Sirppisoluanemia on **resessiivisesti** periytyvä sairaus, joka aiheuttaa punasolujen poikkeavan muodon ja voi johtaa vaikeaan anemiaan ja verisuonitautiin. Sitä esiintyy yleisesti alueilla, joilla malarian vakavin muoto on yleinen. Tavallisesti malarialoinen infektoi elimistössä punasoluja, mutta sirppisoluanemiaa sairastavan ihmisen punasolujen muoto hankaloittaa loisen elinkiertoa, mistä syystä sirppisoluanemiaa sairastavat henkilöt sairastuvat harvemmin vakavaan malariaan. Malarian **endeemisillä** alueilla positiivinen **luonnonvalinta** on siis suosinut geenimuotoja, jotka tarjoavat selviytymisedun malariaa vastaan siitäkin huolimatta, että joissakin

435 Lugli et al. 2017

436 ks. esim. Bello et al. 2018; Zink & Maixner 2019

437 esim. Kwiatkowski 2005

tapauksissa näillä geneettisillä sopeutumilla voi olla myös haitallisia vaikutuksia. Vastaavalla tavalla tietyt Alzheimerin taudin riskejä lisäävät geenimuodot suojaavat lapsia suolistotaudeilta,⁴³⁸ mikä edistää lasten selviytymistä olosuhteissa, joissa ripuli on hyvin yleistä.

Geenien ja alttiuksien välinen yhteys on harvoin täysin selvä, kuten hyperemeesin ja pre-eklampsian tapauksessa. Hyperemeesi (*Hyperemesis gravidarum*) tarkoittaa raskaudenaikaista vakavaa, usein sairaalahoitoa vaativaa pahoinvointia. Ennen nykyaikaisia hoitokeinoja, kuten suonensisäistä nesteytystä, hyperemeesi on voinut olla hengenvaarallinen. Sitä on esimerkiksi esitetty kirjailija Charlotte Brontën mahdolliseksi kuolinsyyksi.⁴³⁹ Pälkäneen rauniokirkolta tutkituista synnytysikäisistä tai sen ylittäneistä naisista ainoastaan yhdeltä on mahdollista tarkastella useita hyperemeesiin liitettyjä geenimuotoja.⁴⁴⁰ Tällä 1200-luvulle ajoittuvalla naisella (hauta 9/2022) on ollut sekä hyperemeesin riskiä lisääviä että siltä suojaavia geenimuotoja, minkä vuoksi on vaikea arvioida, onko nainen kärsinyt tavallista vakavammasta pahoinvoinnista, jos hän ollut raskaana.

Pre-eklampsia eli raskausmyrkytys puolestaan kehittyy usein raskauden loppuvaiheessa ja oireilee verenpaineen nousuna ja valkuaisen erittymisenä virtsaan. Hoitamaton raskausmyrkytys voi johtaa sisäelinten pettämiseen, ja se on maailmanlaajuisesti yksi yleisimmistä äitiyskuolemien syistä.⁴⁴¹ Vuonna 2005 julkaistun tutkimuksen mukaan raskauksissa, joissa sikiöllä on tietty mutaatio *STOX1*-geenissä, on kohonnut raskausmyrkytyksen riski.⁴⁴² Kyseinen mutaatio löytyy ristiretkiäikäiseltä (n. 1050–1200 jaa.) mieheltä, joka haudattiin Tampereen Vilusenharjun hautaan 39. Pelkästään tämän havainnon perusteella on kuitenkin mahdotonta sanoa, kärsikö miehen äiti raskausmyrkytyksestä.⁴⁴³ Myöhemmissä tutkimuksissa on saatu vaihtelevia tuloksia *STOX1*-geenin yhteydestä raskausmyrkytykseen.⁴⁴⁴ Vaikka

438 Oriá et al. 2007

439 Allison & Lobo 2020

440 Riskigeneistä ks. Fejzo et al. 2018; Fejzo et al. 2024

441 Steegers et al. 2010

442 van Dijk et al. 2005

443 Tilasta aiheutuu suuri riski myös lapselle, joka saattaa menehtyä. Vilusenharjun yksilö on kuitenkin elänyt aikuisuuteen saakka, mikä saattaa kertoa siitä, että äiti ei kärsinyt raskausmyrkytyksestä.

444 Kivinen et al. 2007; Williams & Broughton Pipkin 2011; Pinarbasi et al. 2020; Bildirici et al. 2023

sairauden tarkkaa syytä tai aiheuttajaa ei vielä täysin tunneta, tiedetään, että siihen vaikuttavat useat eri tekijät. *STOXI*-geenin lisäksi riskitekijänä on pidetty muun muassa äidin ikää ja tämän yleistä geneettistä alttiutta sydän- ja verisuonisairauksiin sekä erilaisia ympäristötekijöitä, kuten tiettyjen ravintoaineiden puutosta raskauden aikana.⁴⁴⁵

Geenit ja ympäristö ovat tiiviissä vuorovaikutuksessa keskenään, minkä vuoksi on hankala ennustaa tarkasti, miten geneettiset alttiudet tai taipumukset ilmenevät eri yksilöissä. Ympäristötekijöiden vaikutuksesta samanlainen perimä voi ilmetä yksilöillä eri tavoin. Ristiretkiajalla Valkeakosken Toppolanmäen hautaan 3/1937 haudatulla miehellä oli monien nykysuomalalaisten tavoin geenejä, jotka nykytutkimuksen mukaan altistavat lihavuudelle ja sydäntaudeille. Geneettinen alttius ei kuitenkaan suoraan kerro, ilmenivätkö nämä miehellä.

Toppolanmäen miehellä oli myös *HLA-DRA*-geenissä **alleeli**, joka on nykyeurooppalaisilla ja eurooppalaissukuisilla amerikkalaisilla yhdistetty ruoka-aineallergioihin, erityisesti vakavaan maapähkinäallergiaan.⁴⁴⁶ Maapähkinöitä ei tuhannen vuoden takaisessa Suomessa vielä ollut, sillä kasvi on kotoisin Etelä-Amerikasta, josta se on levinnyt maailmalle viimeisten vuosisatojen aikana. Maapähkinäallergikot voivat kuitenkin saada oireita myös muista pähkinöistä ja koivun siitepölystä sekä harvinaisissa tapauksissa myös herneistä ja pavuista,⁴⁴⁷ jotka kuuluivat rautakauden Suomessa syötyihin lajeihin. Vaikka erilaisten allergioiden arvellaan vaivanneen jo menneisyyden ihmisiä,⁴⁴⁸ niiden yleisyydestä ei kuitenkaan ole tietoa.

Ympäristö ja elintavat vaikuttavat siihen, millaiseksi henkilön immuunijärjestelmä muovautuu. Tästä syystä erilaiset geneettiset alttiudet eivät automaattisesti kerro yksilön kärsineen allergioista tai sairauksista.⁴⁴⁹ Esimerkiksi osa korkeaan kolesteroliin ja sepelvaltimotautiin vaikuttavista geeneistä on kytköksissä ravinnon rasvojen tehokkaaseen hyödyntämiseen, minkä vuoksi nämä geenit ovat tarjonneet suojan nälänhätää vastaan vaikeissa olosuhteissa. Nykyisin ihmisillä on kuitenkin mahdollisuus nauttia ravintoa huomattavasti esivanhempiaan runsaammin, mikä voi lisätä veren kolesterolipitoisuutta ja

445 Dimitriadis et al. 2023

446 Hong et al. 2015

447 Kukkonen et al. 2013

448 Ring 2014

449 esim. Murrison et al. 2019; Cardenas et al. 2023

vaikuttaa sepelvaltimotaudin esiintyvyyteen.⁴⁵⁰ Ympäristötekijöiden lisäksi tulee huomata, että yksilöt voivat kantaa riskialleelien ohella erilaisia suojaavien alleelien yhdistelmiä, mikä tekee geneettisten riskien arvioinnista monimutkaista. Tutkimukset ovat osoittaneet, että sairauksien ennustaminen pelkästään geneettisen riskin perusteella ei ole mahdollista edes elävien ihmisten kohdalla, sillä geenien ja ympäristön lisäksi myös sattumalla on suuri vaikutus sairauksien kehittymiseen.⁴⁵¹ Vielä vaikeampaa arviointi on arkeologisten yksilöiden kohdalla. Tästä syystä ei ole ehkä koskaan mahdollista tietää, onko esimerkiksi Toppolanmäen mies saanut allergiaoireita keväisin koivun kukkiessa tai onko hän kärsinyt nykysuomalaisista kansantaudeista.

Nuorempia aikoja tutkiva historiallisen ajan arkeologia tarjoaa mahdollisuuden tutkia viime vuosisatojen aikana eläneiden ihmisten elämää. Esimerkiksi Pälkäneen rauniokirkolta on tutkittu keskiaikaisten hautojen lisäksi 1800-luvun alkuun ajoittuvia rivihautoja, joihin hautaaminen oli hyvin edullista. Rivihautoihin on todennäköisesti haudattu palvelusväkeä ja ruotuvaivaisia,⁴⁵² jotka eivät välttämättä kyenneet itsenäisesti huolehtimaan toimeentulostaan ja joilla ei ollut varaa muunlaiseen hautapaikkaan.⁴⁵³ Hauta 14/2022 kuului rivihautaan lasketulle iäkkäälle miehelle, jonka luustossa oli vanhuuden aiheuttamaa rappeumaa ja joka oli menettänyt osan hampaistaan elinaikanaan.⁴⁵⁴ Mies oli haudattu päällään housut, joissa oli yhteensä seitsemän nappia. Niistä yksi oli vaihdettu, sillä se oli kuparisekoitteista metallia ja erinäköinen kuin muut napit, jotka olivat tinaa.⁴⁵⁵ Miehen hammasterveys oli huono, ja lisäksi hampaissa oli näkyvissä tummahko värjäymä kruunun ja juuren rajalla,⁴⁵⁶ mikä voi viitata siihen, että mies on tupakoinut tai juonut kahvia eläessään.⁴⁵⁷ Vainajasta saatu alustava DNA-data viittaa siihen, että henkilö on saattanut kärsiä *Treponeman* aiheuttamasta taudista.⁴⁵⁸

450 Koskenvuo 2004

451 Hingorani et al. 2022. Näiden seikkojen vuoksi kaupalliset DNA-analyysit tarjoavat yritykset ovat saaneet kritiikkiä riittämättömästä ohjeistuksesta ja opastuksesta, joka auttaisi asiakkaita ymmärtämään terveyteen liittyviä analyysituloksiaan, ks. esim. Harris et al. 2013; Majumder et al. 2021.

452 Moilanen 2023a: 42; Moilanen 2023b: 28–29

453 ks. Pälkäneen seurakunnan arkisto, kuolleiden ja haudattujen luettelot 1800–1841

454 Kuha 2023: 29–30

455 Moilanen 2023a: 45–46; Moilanen 2023b: 29–30

456 Kuha 2023

457 Eriksen & Nordbø 1978

458 Nordfors et al. *tulossa*

Pälkäneen rauniokirkon rivihautojen ja muiden vastaavasti ajoittuvien hautojen vainajien tutkimus saattaa herättää huolta siitä, voiko vainajien henkilöllisyys olla tunnistettavissa ja miten geneettinen tieto yksilöiden terveydentilasta tai sairauksista voi vaikuttaa heidän nykyisin eläviin jälkeläisiinsä.⁴⁵⁹ On kuitenkin epätodennäköistä, että useiden sukupolvien takaisten esivanhempien tutkimus paljastaisi merkittäviä asioita nykyisin elävien jälkeläisten geeneistä (ks. luku 5). Kaksisataa vuotta sitten eläneen esivanhemman sairaudet tai geneettiset alttiudet eivät suoraan siirry hänen jälkeläisilleen, ja kuten edellä on todettu, yksilön terveyteen vaikuttavat geenien lisäksi monet muutkin tekijät.

Ihmisyksilöiden geneettisen tiedon käsittelyyn ja julkaisuun liittyy silti eettisiä haasteita. Esimerkiksi tieto yksilön kuulumisesta johonkin vähemmistöryhmään ja tällaisella yksilöllä havaittu leimaava sairaus tai geneettinen alttius voi helposti vaikuttaa siihen, millaisia poliittisia narratiiveja ihmisryhmistä luodaan nykyisyydessä.⁴⁶⁰ Eri asia kuitenkin on, missä määrin tutkija voi itse vaikuttaa tutkimustuloksensa väärinkäyttöön ja minkälaisilla ratkaisuilla mahdollista vaaraa voi minimoida. Haasteista huolimatta yksilön terveyshistorian käsittelyn voi nähdä myös myönteisenä ja välittävänä tekona. Eettisessä keskustelussa onkin usein nostettu esiin menneisyyden ihmisen oikeus tulla muistetuksi ja nykyihmisten oikeus saada kattavaa tietoa menneisyydestä.⁴⁶¹

Loiset ihmisen kumppaneina

Arkeologiset kohteet ja ihmisjäännökset tarjoavat mahdollisuuden myös sisä- ja ulkoloisten tutkimukseen. Tämä on kiinnostavaa siksi, että loiset kertovat eri tavoin ihmisten terveydestä, elinolosuhteista ja hygieniakäytänteistä. Genetiikka tuo etenkin loisten lajinmääritykseen uutta tarkkuutta ja myös evolutiivisen näkökulman. Mikrobin tavoin myös loisista on mahdollista tutkia eri lajien kehityksessä tapahtuneita muutoksia ja saada

459 Scarre 2003 tosin huomauttaa, että jälkeläisten painottaminen eettisissä kysymyksissä saattaa jopa olla riittämätön tai harhaanjohtava tapa ymmärtää eettisiä velvollisuuksia.

460 Sheldon et al. 2008; Walsh et al. 2011

461 Vainio-Korhonen 2017; Moilanen 2021a; Frigren 2024

näin lisätietoa lajien vaikutuksesta ihmisten terveyteen. Loisia voidaan etsiä ihmisjäännösten lisäksi muun muassa **latriineista, koproliteista** tai hauta-aineistosta, kuten hautaan asetetuista pehmikkeistä, säilyneistä hiuksista tai vaatteista.

Nykyisin tunnetaan noin 400 ihmisiin vaikuttavaa alkueläintä ja sisäloista, joista noin sata on yleisiä. Merkittävä osa yleisistäkin lajeista elää pääasiassa trooppisilla ja subtrooppisilla alueilla. Osa lajeista on niin vanhoja, että **nykyihminen** on tuonut ne mukanaan levittäytyessään Afrikasta muualle maailmaan, kun taas osa on siirtynyt ihmisiin muista eläimistä erityisesti karjanhoidon myötä.⁴⁶²

Ensimmäiset loisista kertovat kirjalliset lähteet ovat Egyptistä noin 3 500 vuoden takaa. Antiikin Kreikasta ja varhaisesta arabialaisesta kirjallisuudesta löytyy myös runsaasti mainintoja loisten aiheuttamista vaivoista.⁴⁶³ Erityisesti tietyt loisilajit, kuten sukkulamadot (*Ascaris*) ja lapamato (*Diphyllobothrium latum*), ovat niin suurikokoisia, että niiden tunnistaminen on mahdollista myös kuvailevista lähteistä. Tietyt alkueläimet, kuten malariaplasmodi (*Plasmodium*) tai vaikeaa ripulia aiheuttava *Giardia*, ovat kuitenkin niin pieniä, ettei niitä ole voinut havaita ennen mikroskooppien keksimistä.

Joistakin arkeologisista aineistoista on löydetty muun muassa sukkulamatojen, piiskamatojen, heisimadojen ja kihomatojen munia, joita on tunnistettu DNA-menetelmillä.⁴⁶⁴ Myös Euran Luistarin rautakautisesta kalmistosta on hammaskivitutkimuksissa löydetty suolinkaisen (*Ascaris lumbricoides*) ja yksisoluisten alkueläinten kokkidien jäänteitä.⁴⁶⁵ Loiset ovat tyypillisesti tarttuneet ihmisiin epähygieenisissä olosuhteissa, esimerkiksi ulosteen saastuttamasta juomavedestä tai huonosti kypsennetystä eläinperäisestä ruoasta. Trikinellan (*Trichinella spiralis*) tarttumista huonosti kypsennetystä sianlihasta on pidetty yhtenä mahdollisena syynä sille, miksi moni uskonto kieltää sianlihan syömisen.⁴⁶⁶

Kaikki loiset eivät kuitenkaan aiheuta selviä oireita. Esimerkiksi *Toxoplasma gondii* -alkueläin voi olla täysin oireeton, mutta on erittäin vahingollinen kehittyvälle sikiölle ja immuunivajeisille yksilöille. *T. gondiin*

462 Cox 2002

463 Cox 2002

464 esim. Søre et al. 2015; Flammer & Smith 2020

465 Juhola et al. 2019

466 ks. esim. Cox 2002; Cohen 2021

vaikutukset ja leviämistavat on ymmärretty vasta 1970-luvulla.⁴⁶⁷ Lapsikuoleisuutta ja erityisesti näköelinten epämuodostumia aiheuttava loiseliö on edelleen taustalla joissakin raskaana oleville kirjatuiissa terveysuosituksissa: *T. gondii* tuhoutuu noin 65 celsiusasteen lämpötilassa, joten perusteellisesti kypsennetyn ruoan syöminen on turvallista myös raskauden aikana.

Sisäloisten lisäksi ihmisillä on myös ulkoloisia, kuten täitä. Ihmisen täilajeja on kolme: päätäi (*Pediculus capitis*), vaatetäi (*Pediculus humanus humanus*) ja satiainen (*Phthirus pubis*). DNA-tutkimusten mukaan ihmisen ja simpanssin täit ovat eriytyneet toisistaan noin 770000 vuotta sitten,⁴⁶⁸ joten täit ovat todennäköisesti kulkeneet ihmisen seuralaisena yhtä kauan kuin anatomisesti nykyisen kaltaisia ihmisiä on ollut olemassa. Pienikokoiset loiset säilyvät huonosti, joten niitä löytyy arkeologisista konteksteista vain harvoin. Löytyessään täit kuitenkin kertovat menneisyyden elinoloista ja antavat viitteitä sosiaalisten kontaktien määristä sekä hygienian ja terveydenhuollon mahdollisuuksista ja välineistä historian eri aikoina.

Koska ulkoloisista aiheutuu harmia ja kiusaa, niiden leviämistä on todennäköisesti pyritty aktiivisesti torjumaan. Antiikin kreikkalaisen historioitsijan Herodotoksen mukaan muinaisen Egyptin papisto ajeli hiuksensa ja muun karvoituksensa pois. Tavalla on saatettu pyrkiä vähentämään ulkoloisten esiintymistä, ja vastaavasti on voitu toimia muuallakin täitartunnan edettyä sietämättömäksi. Perheenjäsenet ovat mahdollisesti nyppineet ja kammanneet täitä toistensa hiuksista, ja loisia on luultavasti myös puisteltu vuodevaatteista ja vaateuksesta. Täitartuntoja on jossain määrin voitu pitää kurissa hyvän hygienian ja kampojen avulla. Täikammat ovat yleensä kaksipuolisia (kuva 7.4) ja niillä on ollut kaksi eri käyttötarkoitusta: harvempi-piikkisellä osalla on selvitetty takkuja ja tiheämpipiikkisellä poistettu täitä. Arkeologisessa aineistossa esiintyvät täikammat voivat siis välillisesti kertoa täitartuntojen hoitamisesta, ja kammat voivat yleisesti ottaen olla otollinen paikka löytää täiden tai saivareiden jäänteitä (kuva 7.4).⁴⁶⁹

467 Dubey 2009

468 Reed et al. 2004

469 Fell 1996; Mumcuoglu 2008



Kuva 7.4. Vasemmalla kaksipuolinen (täi)kampa Tampereen Vilusenharjun rautakautisen kalmiston haudasta 43/1962. Kamman piikeistä on jäljellä enää vain tyvet. Oikealla mikroskooppikuva täin kappaleesta Salon Halikon Rikalanmäen rautakautisesta kalmistosta löytyneessä kammassa. Kaikki kammoista löytyvät eliöt eivät aina ole loisia, sillä esimerkiksi hautoihin asetettuihin kamppoihin tarttuu usein myös maaperässä eläviä eliöitä. Kuvat: Ulla Nordfors.

Vammat, synnynnäiset kehityshäiriöt ja vammaisuus

Toisinaan ihmisillä on synnynnäisiä tai elämän aikana syntyneitä rajoitteita, jotka voivat vaikuttaa fyysiseen, psyykkiseen tai **kognitiiviseen toimintakykyyn**. Näiden rajoitteiden vakavuus ja vaikutukset voivat vaihdella suuresti. Erilaisista vammoista voidaan saada tietoa luuanalyysin avulla, kun taas laajempien arkeologisten löytöyhteyksien pohjalta voi olla mahdollista päätellä, kuinka vammautuneisiin ihmisiin on suhtauduttu. Maailmalta tunnetaan esimerkiksi vakavasti loukkaantuneiden tai vammautuneiden, mutta toisten yksilöiden avulla hengissä selvinneiden, yksilöiden hautoja.⁴⁷⁰ Vammaisiin suhtautumista ja vammaisuuden merkitystä menneisyyden yhteisöissä on pohdittu myös historiantutkimuksessa,⁴⁷¹ jossa vammaiset pyritään tunnistamaan yhteisöjensä aktiivisina toimijoina.

Pälkäneen rauniokirkolta tutkittu, 1700-luvun lopulle ajoittuva hauta 16/2022 kuului noin kymmenvuotiaana kuolleelle lapselle. Lapsen kylkiluissa oli useita synnynnäisiä kehityshäiriöitä ja lannerangassa oli merkkejä

⁴⁷⁰ Zollikofer 2002; De Angelis et al. 2019: 389–390

⁴⁷¹ esim. Blackie & Kuuliala 2021

Kuva 7.5. Pälkäneen rauniokirkon haudan 8/2022 vainajan selkänikamissa on runsaasti kulumien ja reumaattisen tulehduksen aiheuttamia muutoksia. Tällaiset luustoon jääneet jäljet antavat tietoa henkilön elintavoista ja terveydentilasta. Kuva: Ulla Nordfors.



keskivaikeasta selkärankahalkiosta.⁴⁷² Poikkeavuuksien taustalla on voinut olla erilaisia syitä, kuten äidin raskauden aikana kärsimä folaatin puutos tai tämän hoitamaton diabetes.⁴⁷³ Selkärankahalkio on periaatteessa voinut aiheuttaa heikkoutta lapsen jaloissa, liikkumisvaikeuksia sekä rakon ja suolen pidätysvaikeuksia.

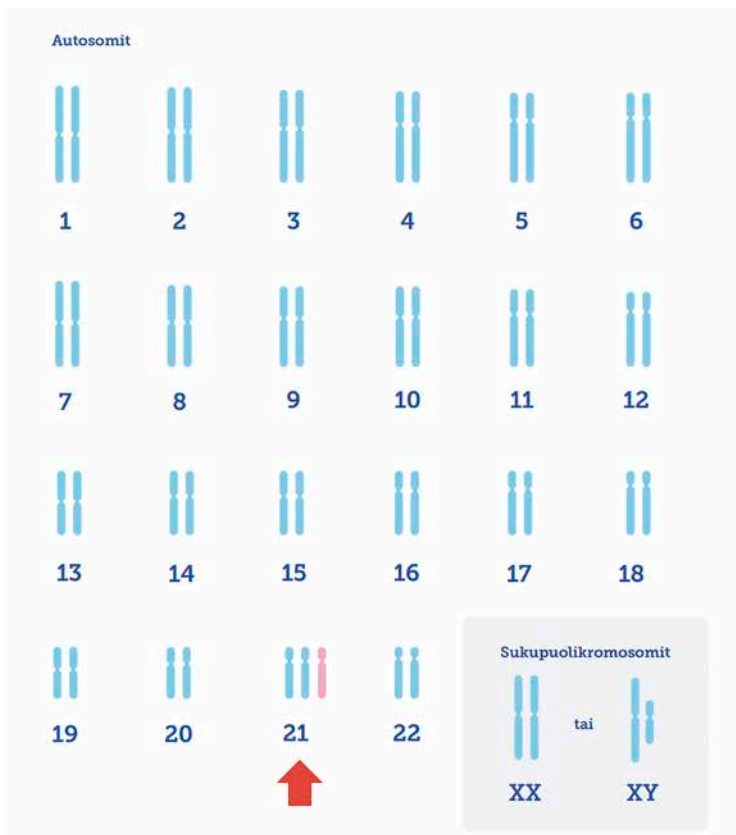
Rauniokirkon 1200-luvulle ajoittuvaan hautaan 8/2022 lasketulla miehellä puolestaan oli selkänikamissaan runsaasti raskaan työn aiheuttamia kulumia (kuva 7.5) ja lonkkanivelessään niin pahoja kulumia, että ne ovat todennäköisesti aiheuttaneet särkyä ja hankaloittaneet liikkumista. Lisäksi miehen nikamissa oli merkkejä selkärankareumasta.⁴⁷⁴ Selkärankareuma on krooninen autoimmunisairaus, jolle on ominaista kipu ja jäykkyys selkärangassa. Nikamien ja nivelten tulehdus johtaa sairauden edetessä liikkuvuuden heikkenemiseen. Selkärankareuman tarkkaa syytä ei tunneta, mutta sen taustalla ovat vahvasti perinnölliset tekijät, joskin laukaisevana tekijänä on nykyisin usein jokin infektioitauti. Haudan 8/2022 miehen DNA ei ollut säilynyt tarpeeksi hyvin niistä kohdista, joista selkärankareumaan vaikuttavia perimänkohtia olisi voinut tarkastella. Monilla muilla Pälkäneen yksilöillä oli sekä selkärankareumalle altistavia että siltä suojaavia geenimuotoja, mikä on varsin tavallista.

Sekä Pälkäneen haudan 8/2022 että haudan 16/2022 yksilö on todennäköisesti tarvinnut ainakin jossain määrin muiden ihmisten apua arjessaan.

472 Kuha 2023: 37–38

473 Copp et al. 2015; Mitchell et al. 2004

474 Kuha 2023: 19



Kuva 7.6. Trisomiassa ihmisellä on solussaan jostakin kromosomista kolme kopiota. Kromosomin 21 trisomia saa aikaan Downin oireyhtymän. Kuva: KMG Turku, muokkaus Ulla Nordfors.

Kummankin hautaus ilmensi huolenpitoa: vainajat oli puettu ja varustettu lämpimästi – lapsi oli kiedottu tiukasti takkiin ja miehen haudasta löytyi turkiksen jäänteitä. Molemmat vainajat oli myös aseteltu hautaan huolellisesti, ja miehen rinnalle oli siitepölyanalyysin perusteella laskettu kulle-roita.⁴⁷⁵ Vaikuttaa siltä, että näistä yksilöistä on selvästi välitetty ja että he ovat olleet jollekulle tärkeitä.

Muinais-DNA:ta voidaan jossain määrin hyödyntää synnyynnäisen vammaisuuden tutkimuksessa. **Trisomiat** ovat melko yleisiä **mutaatioita**, joissa ihmisellä on soluissaan kromosomiparin sijasta kolme kromosomia. Osa trisomioista aiheuttaa rakennepoikkeavuuksia aivoissa ja sisäelimissä, minkä

⁴⁷⁵ Moilanen 2023a: 32, Siitepölyanalyysi: Sanna Pätsi.

vuoksi moni trisomiaraskaus päättyi keskenmenoon. Trisomioita, jotka eivät johda kuolemaan, ovat Downin oireyhtymä, jossa kromosomia 21 on kolme kappaletta (kuva 7.6), Edwardsin oireyhtymä (kolme kromosomia 18) ja Patauin oireyhtymä (kolme kromosomia 13). Trisomia 13 ja 18 -yksilöt selviytyvät kuitenkin vain harvoin aikuisikään ilman lääketieteellisiä toimenpiteitä, sillä oireyhtymiin liittyy muun muassa eriasteisia synnynnäisiä sydänvikoja.⁴⁷⁶

Vuonna 2024 julkaistussa muinais-DNA-tutkimuksessa seulottiin lähes 10 000 arkeologista yksilöä eri puolilta maailmaa trisomioiden havaitsemiseksi. Tutkimuksessa löytyi yhteensä kuusi tapausta Downin oireyhtymää (trisomia 21) ja yksi Edwardsin oireyhtymä (trisomia 18). Kaikki yksilöt olivat joko kuolleena syntyneitä tai pian syntymän jälkeen kuolleita lapsia. Yksi lapsista oli löytynyt kivikauden Irlannista (n. 3 500 eaa.), yksi pronssikauden Bulgariasta (n. 2 600 eaa.), yksi pronssikauden Kreikasta (n. 1 300 eaa.) ja neljä pronssi- ja rautakauden taitteen Espanjasta (800–400 eaa.). Yksi lapsista oli haudattu Helsingin Senaatintorin kohdalla sijainneelle Ulrika Eleonoran kirkon hautausmaalle 1700-luvulla. Aiemmin on arveltu, että Downin oireyhtymä olisi saattanut menneisyydessä johtaa lasten hylkäämiseen tai jopa surmaamiseen,⁴⁷⁷ mutta kaikki tutkimuksessa tunnistetut yksilöt oli haudattu kullekin aikakaudelle tyypillisin rituaalein. Tämä osoittaa, että lapsia on pidetty yhteisönsä tavanomaisina jäseninä, sillä heistä on huolehdittu myös kuoleman jälkeen.⁴⁷⁸ Tutkimuksessa havaittujen trisomiatapausten vähäinen määrä voi kuitenkin viitata siihen, että Downin oireyhtymä oli menneisyydessä nykyistä harvinaisempi. Yksi syy voi olla se, että naisten keskimääräinen synnytysikä oli aiemmin alhaisempi, sillä korkean synnytysiän tiedetään lisäävän hieman trisomioiden todennäköisyyttä. On myös mahdollista, että kaikkia trisomiyksilöitä ei ole löydetty. Suuresta lapsikuolleisuudesta huolimatta löydetty lasten hautaukset ovat yleisesti ottaen harvinaisempia kuin aikuisten, mikä johtuu muun muassa siitä, että lasten pienikokoiset luut säilyvät aikuisten luita huonommin.⁴⁷⁹

⁴⁷⁶ Hassold & Jacobs 1984

⁴⁷⁷ Wright 2011: 25, 46

⁴⁷⁸ Röhlach et al. 2024

⁴⁷⁹ Moilanen 2021b: 63

Inhimillinen yhteys nykypäivän ja menneisyyden välillä

Menneisyyden ihmisten terveydentilan tutkimus pitää sisällään lukuisia teknisiä ja eettisiä haasteita ja epävarmuuksia. Monialainen, huolellisesti toteutettu arkeologiaa ja genetiikkaa yhdistävä tutkimus voi kuitenkin avata uusia mahdollisuuksia ymmärtää, millaista ihmisten elämä oli keskellä erilaisia tartuntatauteja, perinnöllisiä sairauksia, vammautumisia ja vanhuuden tuomia vaivoja. Muinais-DNA-tutkimus mahdollistaa myös museokokoelmiin kerättyjen arkeologisten ihmisjäännösten tutkimisen uusilla menetelmillä ja tarkentaa arkeologisen aineiston ja historiankirjoituksen tuottamaa kuvaa siitä, millaisten eliöiden kanssa ihmiset ovat jakaneet paitsi ympäristönsä myös oman kehonsa.

Menneisyyden ihmisten terveydentilasta kertova tieto voi myös tuoda heidät lähelle nykyisten ihmisten kokemusmaailmaa. Vaikka sairauksien ja tautien tutkimuksen voi nähdä myös kurjuuden historiana, sisältää aihepiiri myös valtavasti elämää ja ihmisyyttä. Epidemioiden keskellä huolellisesti haudatut vainajat tai hellästi takkiin kääritty pälkäneläinen lapsi kertovat ennen kaikkea siitä, millaisella lämmöllä yhteisöt ovat jäseniään kohdelleet.

Tutkimuskirjallisuus

- Allison, S. P. & Lobo, D. N. 2020. The death of Charlotte Brontë from hyperemesis gravidarum and refeeding syndrome: A new perspective. *Clinical Nutrition* 39(1): P304–305. <https://doi.org/10.1016/j.clnu.2019.01.027>
- Andrades Valtueña, A., Mittnik, A., Key, F. M., Haak, W., Allmæe, R. et al. 2017. The Stone Age plague and its persistence in Eurasia. *Current Biology* 27(23): 3683–3691.e8. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2017.10.025>
- Bates, A. W. 2006. Dr Kahn's museum: Obscene anatomy in Victorian London. *Journal of the Royal Society of Medicine* 99(12): 618–624. <https://doi.org/10.1177/014107680609901209>
- Bates, A. W. 2008. "Indecent and demoralising representations": Public anatomy museums in mid-Victorian England. *Medical History* 52(1): 1–22. <https://doi.org/10.1017/S0025727300002039>
- Beale, M. A., & Lukehart, S. A. 2020. Archaeogenetics: what can ancient genomes tell us about the origin of syphilis? *Current Biology* 30(19): R1092–R1095. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2020.08.022>
- Bello, M. G. D., Knight, R., Gilbert, J. A., & Blaser, M. J. 2018. Preserving microbial diversity. *Science* 362(6410): 33–34. <https://doi.org/10.1126/science.aau8816>
- Bildirici, A. E., Akin, S., Atron, B., Pinarbasi, E., Cekin, N. et al. 2023. Relationship between STOX1 gene variations and preeclampsia in Turkish population. *Human Gene* 37: 201193. <https://doi.org/10.1016/j.humgen.2023.201193>
- Blackie, D. & Kuuliala, J. 2021. Katsaus vammaisuuden historian tutkimukseen. *Historiallinen Aikakauskirja* 119(2): 156–164.
- Bottone, E. J. 1999. Yersinia enterocolitica: overview and epidemiologic correlates. *Microbes and Infection* 1(4): 323–333. [https://doi.org/10.1016/S1286-4579\(99\)80028-8](https://doi.org/10.1016/S1286-4579(99)80028-8)
- Cardenas, A., Fadadu, R. P. & Koppelman, G. H. 2023. Epigenome-wide association studies of allergic disease and the environment. *Journal of Allergy and Clinical Immunology* 152(3): 582–590. <https://doi.org/10.1016/j.jaci.2023.05.020>
- Cessford, C., Scheib, C., Guellil, M., Keller, M., Alexander, C. et al. 2021. Beyond plague pits: Using genetics to identify responses to plague in Medieval Cambridgeshire. *European Journal of Archaeology* 24(4): 496–518. <https://doi.org/10.1017/eea.2021.19>
- Cohen, A. B. 2021. You can learn a lot about religion from food. *Current Opinion in Psychology* 40: 1–5. <https://doi.org/10.1016/j.copsyc.2020.07.032>
- Cohn, S. K. Jr. 2018. *Epidemics: Hate and Compassion from the Plague of Athens to AIDS*. Oxford: Oxford University Press.
- Copp, A., Adzick, N., Chitty, L., Fletcher, J. M., Holmbeck, G. N. et al. 2015. Spina bifida. *Nature Reviews Disease Primers* 1: 15007. <https://doi.org/10.1038/nrdp.2015.7>
- Cox F. E. 2002. History of human parasitology. *Clinical Microbiology Reviews* 15(4): 595–612. <https://doi.org/10.1128/cmr.15.4.595-612.2002>
- Cunha, B. A. 2004. The cause of the plague of Athens: plague, typhoid, typhus, smallpox, or measles? *Infectious Disease Clinics of North America* 18(1): 29–43. [https://doi.org/10.1016/S0891-5520\(03\)00100-4](https://doi.org/10.1016/S0891-5520(03)00100-4)
- De Angelis, F., Varano, S., Martínez-Labarga, C., Rickards, O. & Catalano, P. 2019. Katsaus ruokavalioon Castel Malnomen yhteisössä. Teoksessa: Karivieri, A. & Meriluoto, M. (toim.) *Ostia. Portti Roomaan*: 384–391. Tampereen museoiden julkaisuja 157. Helsinki.
- Deo, P. N. & Deshmukh, R. 2019. Oral microbiome: Unveiling the fundamentals. *Journal of Oral Maxillofacial Pathology* 23(1): 122–128. https://doi.org/10.4103/jomfp.JOMFP_304_18
- van Dijk, M., Mulders, J., Poutsma, A., Könst, A. A. M., Lachmeijer, A. M. A. et al. 2005. Maternal segregation of the Dutch preeclampsia locus at 10q22 with a new member of the winged helix gene family. *Nature Genetics* 37, 514–519 (2005). <https://doi.org/10.1038/ng1541>
- Dimitriadis, E., Rolnik, D. L., Zhou, W., Estrada-Gutierrez, G., Koga, K. et al. 2023. Pre-eclampsia. *Nature Reviews Disease Primers* 9(8). <https://doi.org/10.1038/s41572-023-00417-6>
- Dubey, J. P. 2009. History of the discovery of the life cycle of Toxoplasma gondii. *International Journal for Parasitology* 39(8): 877–882. <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2009.01.005>
- Duggan, A. T., Perdomo, M. F., Piombino-Mascali, D., Marcianik, S., Poinar, D. et al. 2016. 17th century Variola virus reveals the recent history of smallpox. *Current Biology* 26(24): P3407–3412. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2016.10.061>
- Eaton, K., Sidhu, R. K., Klunk, J., Gamble, J. A., Boldsen, J. L. et al. 2023. Emergence, continuity, and evolution of Yersinia pestis throughout medieval and early modern Denmark. *Current Biology* 33(6): 1147–1152. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2023.01.064>

- Eriksen, H.M. & Nordbø, H. 1978. Extrinsic discoloration of teeth. *Journal of Clinical Periodontology* 5(4): 229–236. <https://doi.org/10.1111/j.1600-051X.1978.tb01916.x>
- Fejzo, M. S., Sazonova, O. V., Sathirapongsasuti, J. F., Hallgrímsson, I. B., Vacic, V. et al. 2018. Placenta and appetite genes GDF15 and IGFBP7 are associated with hyperemesis gravidarum. *Nature Communications* 9(1178). <https://doi.org/10.1038/s41467-018-03258-0>
- Fejzo, M., Rocha, N., Cimino, I., Lockhart, S. M., Petry, C. J. et al. 2024. GDF15 linked to maternal risk of nausea and vomiting during pregnancy. *Nature* 625: 760–767. <https://doi.org/10.1038/s41586-023-06921-9>
- Fell, V. 1996. Washing away the evidence. *Studies in Conservation*, 41(sup1): 48–51. <https://doi.org/10.1179/sic.1996.41.Supplement-1.48>
- Ferngren, G. B. 2014. *Medicine and Religion: A Historical Introduction*. Baltimore: Johns Hopkins University Press.
- Flammer, P.G. & Smith, A. L. 2020. Intestinal helminths as a biomolecular complex in archaeological research. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* 375: 37520190570–20190570. <https://doi.org/10.1098/rstb.2019.0570>
- Frigren, P. 2024. Tirkistelyä vai ymmärryksen lisäämistä? Historiantutkija arkaluontoista asioista kirjoittamassa. Teoksessa: Häkkinen, A. & Eilola, J. (toim.) *Historiantutkimuksen etiikka*, 3. painos: 51–70. Helsinki: Gaudeamus.
- Gaeta, R. 2021. Ancient DNA and paleogenetics: risks and potentiality. *Pathologica* 113(2): 141–146. <https://doi.org/10.32074/1591-951X-146>
- Gancz, A. S. & Weyrich, L. S. 2023. Studying ancient human oral microbiomes could yield insights into the evolutionary history of noncommunicable diseases. *F1000Research* 12: 109. <https://doi.org/10.12688/f1000research.129036.2>
- Gutmiedl-Schumann, D., Paffgen, B., Schwarzberg, H., Keller, M., Rott, A. et al 2018. Digging up the plague: A diachronic comparison of aDNA confirmed plague burials and associated burial customs in Germany. *Praehistorische Zeitschrift* 92(2): 405–427.
- Haensch, S., Bianucci, R., Signoli, M., Rajerison, M., Schultz, M. et al. 2010. Distinct clones of *Yersinia pestis* caused the Black Death. *PLoS Pathogens*. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1001134>
- Harris, A., Kelly, S. E., & Wyatt, S. 2013. Counseling customers: Emerging roles for genetic counselors in the direct-to-consumer genetic testing market. *Journal of Genetic Counseling* 22: 277–288. <https://doi.org/10.1007/s10897-012-9548-0>
- Hassold, T. J. & Jacobs, P. 1984. Trisomy in man. *Annual Review of Genetics* 18: 69–97. <https://doi.org/10.1146/annurev.ge.18.120184.000441>
- Hendy, J. 2021. Ancient protein analysis in archaeology. *Science Advances* 7(3): eabb9314. <https://doi.org/10.1126/sciadv.abb9314>
- Hingorani, A. D., Gratton, J., Finan, C., Schmidt, A. F., Patel, R. et al. 2022. Performance of polygenic risk scores in screening, prediction, and risk stratification: secondary analysis of data in the Polygenic Score Catalog. *BMJ Medicine* 2023;2:e000554. <https://doi.org/10.1136/bmjmed-2023-000554>
- Hong, X., Hao, K., Ladd-Acosta, C., Hansen, K. D., Tsai, H.-J. et al. 2015. Genome-wide association study identifies peanut allergy-specific loci and evidence of epigenetic mediation in US children. *Nature Communications* 6: 6304. <https://doi.org/10.1038/ncomms7304>
- Ilmoni, I. 1846. *Bidrag till Nordens sjukdoms-historia I*. Helsingfors.
- Jensen, T. Z. T., Niemann, J., Iversen, K. H., Fotakis, A. K., Gopalakrishnan, S. et al. 2019. A 5700 year-old human genome and oral microbiome from chewed birch pitch. *Nature Communications* 10(5520). <https://doi.org/10.1038/s41467-019-13549-9>
- Juhola, T., Henry, A. G., Kirkinen, T., Laakkonen, J. & Välianta, M. 2019. Phytoliths, parasites, fibers, and feathers from dental calculus and sediment from Iron Age Luistari cemetery, Finland. *Quaternary Science Reviews* 222: 105888. <https://doi.org/10.1016/j.quascirev.2019.105888>
- Kallioinen, M. 1998. Pestepidemierna och bosättningsexpansionen i det medeltida Finland. *Historisk Tidskrift för Finland* 83. <https://journal.fi/hft/article/view/52988>
- Kallioinen, M. 2005. *Rutto ja rukous: tartuntataudit esiteollisen ajan Suomessa*. Jyväskylä: Atena.
- Kapperud, G. 1991. *Yersinia enterocolitica* in food hygiene. *International Journal of Food Microbiology* 12(1): 53–65. [https://doi.org/10.1016/0168-1605\(91\)90047-S](https://doi.org/10.1016/0168-1605(91)90047-S)
- Kazanjian, P. 2015. Ebola in Antiquity? *Clinical Infectious Diseases* 61(6): 963–968. <https://doi.org/10.1093/cid/civ418>
- Keusch, G. T., Wilentz, J., & Kleinman, A. 2006. Stigma and global health: Developing a research agenda. *The Lancet* 367(9509): 525–527. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(06\)68183-X](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(06)68183-X)
- Kivinen, K., Peterson, H., Hiltunen, L., Laijuori, H., Heino, S. et al. 2007. Evaluation of STOX1 as a preeclampsia candidate gene in a population-wide sample. *European Journal of Human*

- Genetics* 15: 494–497. <https://doi.org/10.1038/sj.ejhg.5201788>
- Klunk, J., Vilgaly, T.P., Demeure, C.E., Cheng, X., Shiratori, M. et al. 2022. Evolution of immune genes is associated with the Black Death. *Nature* 611: 312–319. <https://doi.org/10.1038/s41586-022-05349-x>
- Koskenvuo, M. 2004. Geenien ja ympäristön vuorovaikutus. *Lääketieteellinen Aikakauskirja Duodecim* 120(15): 1833–4. <https://www.duodecimlehti.fi/duo94428>
- Kuha, A. 2023. *Pälkäne Rauniokirkko 2022. Osteologinen analyysi*. Museoviraston arkisto.
- Kukkonen, A. K., Mäkelä, M. & Pelkonen, A. 2013. Pähkinäallergia – vaikea ongelma kliinikolle. *Lääketieteellinen Aikakauskirja Duodecim* 129(12): 1263–1270. <https://www.duodecimlehti.fi/duo11058>
- Kwiatkowski, D. P. 2005. How Malaria Has Affected the Human Genome and What Human Genetics Can Teach Us about Malaria. *American Journal of Human Genetics* 77(2): 171–192. <https://doi.org/10.1086/432519>
- Lewis, M. & Roberts, C. 1998. Growing pains: the interpretation of stress indicators. *International Journal of Osteoarchaeology* 7(6): 581–586. [https://doi.org/10.1002/\(SICI\)1099-1212\(199711/12\)7:6<581::AID-OA325>3.0.CO;2-C](https://doi.org/10.1002/(SICI)1099-1212(199711/12)7:6<581::AID-OA325>3.0.CO;2-C)
- Littman, R. J. 2009. The plague of Athens: epidemiology and paleopathology. *The Mount Sinai Journal of Medicine* 76(5): 456–67. <https://doi.org/10.1002/msj.20137>
- Lugli, G. A., Milani, C., Mancabelli, L., Turroni, F., Ferrario, C. et al. 2017. Ancient bacteria of the Ötzi's microbiome: a genomic tale from the Copper Age. *Microbiome* 5(5). <https://doi.org/10.1186/s40168-016-0221-y>
- Majander, K., Pfrengle, S., Kocher, A., Neukamm, J., Du Plessis, L. et al. 2020. Ancient bacterial genomes reveal a high diversity of *Treponema pallidum* strains in Early Modern Europe. *Current Biology* 30(19): 3788–3803.e10. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2020.07.058>
- Majumder, M. A., Guerrini, C. J. & McGuire, A. L. 2021. Direct-to-consumer genetic testing: value and risk. *Annual Review of Medicine* 72: 151–166. <https://doi.org/10.1146/annurev-med-070119-114727>
- McMurray, D. N. 1996. *Mycobacteria and Nocardia*. Teoksessa: Baron S (toim.). *Medical Microbiology*. 4th edition. Galveston: University of Texas.
- Mendum, T. A., Schuenemann, V. J., Roffey, S., Taylor, G. M. Wu, H. et al. 2014. *Mycobacterium leprae* genomes from a British medieval leprosy hospital: towards understanding an ancient epidemic. *BMC Genomics* 15: 270. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-270>
- Mitchell, L. E., Adzick, N. S., Melchionne, J., Pasquariello, P. S., Sutton, L. N. et al. 2004. Spina bifida. *The Lancet* 364(9448): 1885–1895. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(04\)17445-X](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(04)17445-X)
- Moilanen, U. 2021a. Mitä tarkoittaa ihmisjäännösten kunnioitava kohtelu? *Muinaistutkija* 4/2021: 38–43.
- Moilanen, U. 2021b. *Variations in inhumation burial customs in Southern Finland (AD 900–1400): Case studies from Häme and Upper Satakunta*. *Annales Universitatis Turkuensis, Hum B* 555. Turku: University of Turku. <https://www.utupub.fi/handle/10024/152659>
- Moilanen, U. 2023a. *Pälkäne Rauniokirkko. Tutkimuskaivaus* 27.9. –18.10.2022. Kenttätyöraportti, Museokeskus Vapriikki.
- Moilanen, U. 2023b. Ruumishautojen ajoittamisen haasteellisuus – Tapausesimerkinä Pälkäneen rauniokirkko. *Muinaistutkija* 3/2023: 19–35. <https://muinaistutkija.journal.fi/article/view/128729>
- Moilanen, U. & Paasikivi, S. 2023. Esihistoriallisten tartuntatautien ja epidemioiden tutkimusmahdollisuudet Suomessa. *Ennen ja nyt – Historian tietosanomat* 2/2023. *Kulkutautilien historiaa*: 5–18. <https://doi.org/10.37449/ennenjanyt.125929>
- Mühlemann, B., Vinner, L., Margaryan, A., Wilhelmson, H., de la Fuente Castro, C., et al 2020. Diverse Variola virus (smallpox) strains were widespread in northern Europe in the Viking Age. *Science* 369: eaaw8977. <https://doi.org/10.1126/science.aaw8977>
- Mühlemann, B., Margaryan, A., Damgaard, P. d. B., Allentoft, M. E., Vinner, L. et al. 2018. Ancient human parvovirus B19 in Eurasia reveals its long-term association with humans. *PNAS* 115(29): 7557–7562. <https://doi.org/10.1073/pnas.1804921115>
- Mumcuoglu, K. Y. 2008. The louse comb: past and present. *American Entomologist* 54(3): 164–166. <https://doi.org/10.1093/ae/54.3.164>
- Murrison, L. B. Brandt, E. B., Myers, J. B. & Hershey, G. K. K. 2019. Environmental exposures and mechanisms in allergy and asthma development. *The Journal of Clinical Investigation* 2019, 129, 1504–1515. <https://doi.org/10.1172/JCI124612>
- Mytum, H. 2021. Ethics and practice in the excavation, examination, analysis, and preservation of historical mummified human remains. *Historical Archaeology* 55(1): 96–109. <https://doi.org/10.1007/s41636-021-00286-4>
- Nordfors, U. Peltola, S., O'Sullivan, R. J., Lamnidis, T., Majander, K. et al. (*tulossa*) Archaeogenetics

- reveals fine-scale genetic continuity and patterns of kinship and health in medieval Finland. Oriá, R. B., Patrick, P. D., Blackman, J. A., Lima, A. A. M. & Guerrant, R. L. 2007. Role of apolipoprotein E4 in protecting children against early childhood diarrhea outcomes and implications for later development. *Medical Hypotheses* 68(5): 099–1107. <https://doi.org/10.1016/j.mehy.2006.09.036>
- Papagrigorakis, M. J., Yapijakis, C., Synodinos, P.N. & Baziotopoulou-Valavani, E. 2006. DNA examination of ancient dental pulp incriminates typhoid fever as a probable cause of the Plague of Athens. *International Journal of Infectious Diseases* 10(3): 206–214. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2005.09.001>
- Patil, S., Rao, R. S., Amrutha, N. & Sanketh, D. S. 2013. Oral microbial flora in health. *Journal of Contemporary Dental Practice* 4(4): 262–266. <https://doi.org/10.5005/jp-journals-10024-1477>
- Pinarbasi, E., Cekin, N., Bildirici, A. E., Akin, S. & Yanik, A. 2020. STOX1 gene Y153H polymorphism is associated with early-onset preeclampsia in Turkish population. *Gene* 754: 144894. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2020.144894>
- Pälkäneen seurakunnan arkisto, I Väestörekisteriarkisto, IF Kuolleiden ja haudattujen luettelot 1809–1841, Kansallisarkisto.
- Rascovan, N., Sjögren, K.-G., Kristiansen, K., Nielsen, R., Willerslev, E. et al. 2019. Emergence and spread of basal lineages of *Yersinia pestis* during the Neolithic decline. *Cell* 176(1–2): 295–305. e10. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2018.11.005>
- Rasmussen, S., Allentoft, M. E., Nielsen, K., Orlando, L., Sikora, M. et al. 2015. Early Divergent Strains of *Yersinia pestis* in Eurasia 5,000 Years Ago. *Cell* 163: 571–582. <http://dx.doi.org/10.1016/j.cell.2015.10.009>
- Reed, D. L., Smith, V. S., Hammond, S. L., Rogers, A. R. & Clayton, D. H. 2004. Genetic analysis of lice supports direct contact between modern and archaic humans. *PLoS Biology* 2:e340. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0020340>
- Ring, J. 2014. History of allergy in antiquity. Teoksessa: Bergmann, K. C. & Ring, J. (toim.). *History of Allergy: 2–20*. Basel: Karger.
- Rivera, F. & Lahr, M. M. 2017. New evidence suggesting a dissociated etiology for cribra orbitalia and porotic hyperostosis. *American Journal of Biological Anthropology* 164(1): 76–96. <https://doi.org/10.1002/ajpa.23258>
- Roberts C. & Ingham S. 2008. Using Ancient DNA Analysis in Palaeopathology: A Critical Analysis of Published Papers, with Recommendations for Future Work *International Journal of Osteoarchaeology* 18: 600–613. <https://doi.org/10.1002/oa.966> 10.1002/oa.966
- Robins-Browne, R. M., 2012. *Yersinia enterocolitica*. Teoksessa: Doyle, M. P., Buchanan, R. L. (toim.) *Food Microbiology: Fundamentals and Frontiers*, 4th Edition: 339–376. Washington D. C.: American Society for Microbiology Press.
- Rohrlach, A. B., Rivollat, M., de Miguel-Ibáñez, P., Nordfors, U., Liira, A.-M. et al. 2024. Cases of trisomy 21 and trisomy 18 among historic and prehistoric individuals discovered from ancient DNA. *Nature Communication* 15(1294). <https://doi.org/10.1038/s41467-024-45438-1>
- Saipio, J. 2022. *Yersinia pestis*, the demise of the giant's church culture and disappearance of Asbestos Ware in Late Neolithic Finland. Teoksessa: Halinen, P., Heyd, V. & Mannermaa, K. (toim.) *Oodeja Mikalle – Odes to Mika – Оды Мике: Festschrift for Professor Mika Lavento on the occasion of his 60th birthday*. Monographs of the Archaeological Society of Finland 10: 561–564. Helsinki: Suomen arkeologinen seura.
- Salmela, A. 2017. *Kuolemantekojä. Naisten itsemurhat 1800-luvun jälkipuolen tuomioistuinpöytäkirjoissa*. Annales Universitatis Turkuensis, Ser. C 440. Turku: Turun yliopisto. <https://www.utupub.fi/handle/10024/143614>
- Sayer, D. 2017. *Ethics and burial archaeology* Bloomsbury Academic: London & New York.
- Sayer, D. 2010. Who's afraid of the dead? Archaeology, modernity and the death taboo. *World Archaeology* 42(3), 481–491. <https://doi.org/10.1080/00438243.2010.498665>
- Scarre, C. 2003. Archaeology and respect for the dead. *Journal of Applied Philosophy* 20(3): 237–249. <https://doi.org/10.1046/j.0264-3758.2003.00250.x>
- Schuenemann, V., Singh, P., Mendum, T., Krause-Kyora, B., Jäger, G. et al. 2013. Genome-wide comparison of medieval and modern *Mycobacterium leprae*. *Science* 341: 179–183. <https://doi.org/10.1126/science.1238286>
- Sheldon, J. P., Pfeffer, C. A., Jayaratne, T. E., Feldbaum, M., & Petty, E. M. 2008. Beliefs about the etiology of homosexuality and about the ramifications of discovering its possible genetic origin. *Journal of Homosexuality* 52(3–4): 111–150. https://doi.org/10.1300/J082v52n03_06
- Spyrou, M. A., Musralina, L., Gnechchi Ruscone, G. A., Kocher, A., Borbone, P.-G. et al. 2022. The source of the Black Death in the fourteenth-century central Eurasia. *Nature* 606: 718–724. <https://doi.org/10.1038/s41586-022-04800-3>

- Spyrou, M. A., Tikhbatova, R. I., Wang, C. C., Valtueña, A. A., Lankapalli, A. K. et al. 2018. Analysis of 3800-year-old *Yersinia pestis* genomes suggests Bronze Age origin for bubonic plague. *Nature Communications* 9: 2234. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-04550-9>
- Stangl, A. L., Earnshaw, V. A., Logie, C. H., van Brakel, W. C., Simbayi, L. et al. 2019. The Health Stigma and Discrimination Framework: A global, crosscutting framework to inform research, intervention development, and policy on health-related stigmas. *BMC Medicine* 17(1): 31. <https://doi.org/10.1186/s12916-019-1271-3>
- Steegers, E. A. P., von Dadelszen, P., Duvekot, J. J. & pijnenborg, R. 2010. Pre-eclampsia. *The Lancet* 376(9741): P631–644. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(10\)60279-6](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(10)60279-6)
- Søe, M. J., Nejsum, P., Fredensborg, B. L. & Kapel, C. M. 2015. DNA typing of ancient parasite eggs from environmental samples identifies human and animal worm infections in Viking-age settlement. *Journal of Parasitology* 101: 57–63. <https://doi.org/10.1645/14-650.1>
- Tagesson, G. 2015. The human body as material culture – Linköping cathedral churchyard in the Early Modern Period. Teoksessa: Tarlow, S. & Michalak, K. (toim.) *The archaeology of death in post-medieval Europe*: 19–38. Warsaw/Berlin: De Gruyter Open.
- Tarlow, S. 2015. Introduction: Death and Burial in Post-medieval Europe. Teoksessa: Tarlow, S. & Michalak, K. (toim.) *The archaeology of death in post-medieval Europe*: 1–18. Warsaw/Berlin: De Gruyter Open.
- Tarlow, S. 2016. Curious afterlives: The enduring appeal of the criminal corpse. *Mortality* 21(3): 210–228. <https://doi.org/10.1080/13576275.2016.1181328>
- Terveyden ja hyvinvoinnin laitos: Kupan esiintyvyys Suomessa. <https://thl.fi/fi/web/infektioauditit-ja-rokotukset/audit-ja-torjunta/audit-ja-taudinaiheuttajat-a-o/kuppa/kupan-esiintyvyys-suomessa> [viitattu 10.10.2023]
- Toppinen, M. 2021. *Parvoviral genomes in human soft tissues and bones over decades*. Doctoral dissertation. University of Helsinki. <http://hdl.handle.net/10138/324787>
- Tumpey, T., Basler, C. F., Aguilar, P. V., Zeng, H., Solórzano, A. et al. 2005. Characterization of the reconstructed 1918 Spanish influenza pandemic virus. *Science* 310: 77–80. <https://doi.org/10.1126/science.1119392>
- Vainio-Korhonen, K. 2017. Vastuullinen historia. Teoksessa: Lidman, S., Koskivirta, A. & Eilola, J. (toim.) *Historiantutkimuksen etiikka*: 29–50. Helsinki: Gaudemus.
- Vuorinen, H. S. 2002. *Tautinen historia*. Tampere: Vastapaino.
- Wagner, J. K., Colwell, C., Claw, K. G., Stone, A. C., Bolnick, D. A. et al. 2020. Fostering responsible research on ancient DNA. *The American Journal of Human Genetics* 107(2): 183–195. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2020.06.017>
- Walsh, P., Elsabbagh, M., Bolton, P. & Singh, I. 2011. In search of biomarkers for autism: scientific, social and ethical challenges. *Nature Review Neuroscience* 12, 603–612. <https://doi.org/10.1038/nrn3113>
- Warinner, C., Speller, C. & Collins, M. J. 2015. A new era in palaeomicrobiology: prospects for ancient dental calculus as a long-term record of the human oral microbiome. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 19 January 2015. <https://doi.org/10.1098/rstb.2013.0376>
- Weyrich, L. S. 2020. The evolutionary history of the human oral microbiota and its implications for modern health. *Periodontology* 85: 90–100. <https://doi.org/10.1111/prd.12353>
- Wilkinson, T. M. 2002. Last rights: the ethics of research on the dead. *Journal of Applied Philosophy* 16(1): 31–41. <https://doi.org/10.1111/1468-5930.00202>
- Williams, P. J. & Broughton Pipkin, F. 2011. The genetics of pre-eclampsia and other hypertensive disorders of pregnancy. *Best Practice & Research Clinical Obstetrics & Gynaecology* 25(4): 405–417. <https://doi.org/10.1016/j.bpobgyn.2011.02.007>
- Wood, J. W., Milner, G. R., Harpending, H. C., Weiss, K. M., Cohen, M. N. et al. 1992. The osteological paradox: Problems of inferring prehistoric health from skeletal samples [and Comments and Reply]. *Current Anthropology* 33(4): 343–370.
- Wright, D. 2011. *Downs: The History of a Disability*. Oxford: Oxford University Press.
- Zink, A. R., & Maixner, F. 2019. The current situation of the Tyrolean iceman. *Gerontology* 65(6): 699–706. <https://doi.org/10.1159/000501878>
- Zhou, Z., Lundstrøm, I., Tran-Dien, A., Duchêne, S., Alikhan, N.-F. et al. 2018. Pan-genome analysis of ancient and modern *Salmonella enterica* demonstrates genomic stability of the invasive Para C lineage for millennia. *Current Biology* 28(15): 2420–2428.e10. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2018.05.058>
- Zollikofer, C., Ponce de Leó, M., Vandermeersch, B. & Lévêque, F. 2002. Evidence for interpersonal violence in the St., Césaire Neanderthal. *PNAS*, 99(9): 6444. <https://doi.org/10.1073/pnas.082111899>

8

DNA-viivakoodaus menneisyyden eliölajistojen ja ympäristöjen tutkimusmenetelmänä

Riikka Elo

 <https://orcid.org/0000-0002-3989-6858>

Aitotumallisten eliöiden – eli kasvien, sienten ja eläinten – evoluutio alkoi noin 2,7–1,2 miljardia vuotta sitten yhteisestä **kantamuodosta**, joka evoluution ja **luonnonvalinnan** myötä erilaistui nykyisin nähtäväksi luonnon lajikirjoksi. Tänä päivänä aitotumallisia eliöitä tunnetaan maailmasta noin 1,5 miljoonaa lajia. Suomesta tunnetaan lähes 48 000 lajia, joista putkilokasveja on noin 3 200, sieniä noin 8 000 ja eläimiä 29 000. Eläimistä valtaosa on selkärangattomia, ja niiden suurimman ryhmän muodostavat hyönteiset lähes 26 000 lajilla.⁴⁸⁰ Valtaosa luonnon monimuotoisuudesta on kuitenkin yhä tuntematonta, sillä lajeja arvioidaan olevan jopa kymmeniä satakertaisesti.⁴⁸¹

Aitotumallisten eliöiden yhteisestä kantamuodosta muistuttavat tänä päivänä niin eliöiden ulkoisten piirteiden, rakenteiden kuin perimänkin samankaltaisuudet ja erot.⁴⁸² Esimerkiksi kasveilla ja sienillä on soluseinä, joka kasveilla koostuu selluloosasta ja sienillä kitiinistä – eläinsolussa sen sijaan ei ole soluseinää. Aitotumallisten eliöiden soluissa on tuma, jossa

⁴⁸⁰ Hyvärinen et al. 2019

⁴⁸¹ Mora et al. 2011

⁴⁸² Douzery et al. 2004

eliön perimä on pakkautuneena kromosomeihin. Kaikilla kolmella eliöryhmällä – kasveilla, sienillä ja eläimillä – on solujen sisällä myös energia-aineenvaihdunnassa tarvittavia **mitokondrioita**, joissa on myös DNA:ta. Kasveilla on lisäksi DNA:ta yhteyttämisestä huolehtivissa viherhiukkasissa eli kloroplasteissa. Eliökuntaan kuuluvat myös esitumalliset eli bakteerit ja arkit, jotka myös sisältävät DNA:ta. Pieniä määriä DNA:ta tai **RNA**:ta sisältävät myös virukset, joilla ei ole omaa solurakennetta, vaan ne vaativat isäntäsolun lisääntyäkseen. Tästä syystä viruksia ei katsota eläviksi organismeiksi.

DNA:n koostumus niin tumassa, mitokondriossa kuin viherhiukkasessa on lähes identtinen riippumatta sen alkulähteestä. DNA koostuu neljästä emäksestä: adeniinista (A), tymiinistä (T), guaniinista (G) ja sytosiinista (C). DNA-molekyylit koostuvat kahdesta toisilleen vastakkaisesta juosteesta, jotka pariutuvat emäsparisäännön mukaisesti AT ja GC. Näin muodostuu kaksijuosteinen DNA-molekyylit, joka sisältää koko yksilön genomin eli perimäaineksen. Aitotumallisten eliöiden tuman genomissa on geenejä eli proteiineja koodaavia DNA-jaksoja (eksonit) sekä ei-koodaavia DNA-jaksoja (introni). Bakteereissa, mitokondrioissa tai viherhiukkasissa ei yleensä ole introneja, vaan niiden sisältämä DNA koostuu vain proteiineja koodaavista geeneistä.

Geenit ja niiden proteiinisynteesissä koodaamat proteiinit ovat elollisten organismien toiminnan lähtökohta. Esimerkiksi ihmisen perimä on pituudeltaan noin kolme miljardia emäsparia, ja sen arvioidaan sisältävän noin 20 000–25 000 geeniä. Vastaavasti esimerkiksi lituruohon noin 116 miljoonaa emäsparia pitkässä perimässä on noin 26 000 geeniä ja banaanikärpäsellä on 180 miljoonaa emäsparia pitkässä genomissa noin 15 000 geeniä. Banaanikärpäsellä on siis vähän yli puolet ihmisen geenien määrästä. Analysoimalla näiden kahden organismin perimää on havaittu, että geenit ovat hyvin samankaltaisia. Esimerkiksi tunnetuista ihmisen geneettisten sairauksien geeneistä 75 prosentilla on **homologi** eli samasyntyinen geeni banaanikärpäsessä.⁴⁸³

Eliökunnan evoluution – ja myös lajikirjon – molekyylitason tutkimus perustuu homologisten eli samasyntyisten DNA-jaksojen vertailuun eri

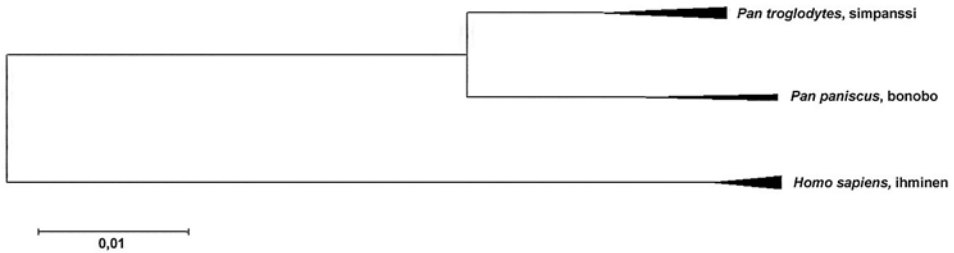
483 Helariutta et al. 2001; Hammal et al. 2022

		290	300	310	320	330	340	350	360
1	KP126163.1	Homo sapiens	CCTGGCATTCGTATAGTGGAGCGGACGGAACAGGTTGACACCTAACCCTCCCTTAGAGGGAACATCTC						
2	JF700169.1	Homo sapiens	CCTGGCATTCGTATAGTGGAGCGGACGGAACAGGTTGACACCTAACCCTCCCTTAGAGGGAACATCTC						
3	KY033221.1	Homo sapiens	CCTGGCATTCGTATAGTGGAGCGGACGGAACAGGTTGACACCTAACCCTCCCTTAGAGGGAACATCTC						
4	MH791065.1	Homo sapiens	CCTGGCATTCGTATAGTGGAGCGGACGGAACAGGTTGACACCTAACCCTCCCTTAGAGGGAACATCTC						
5	MH791064.1	Homo sapiens	CCTGGCATTCGTATAGTGGAGCGGACGGAACAGGTTGACACCTAACCCTCCCTTAGAGGGAACATCTC						
6	MH791066.1	Homo sapiens	CCTGGCATTCGTATAGTGGAGCGGACGGAACAGGTTGACACCTAACCCTCCCTTAGAGGGAACATCTC						
7	MH791063.1	Homo sapiens	CCTGGCATTCGTATAGTGGAGCGGACGGAACAGGTTGACACCTAACCCTCCCTTAGAGGGAACATCTC						
8	MH791061.1	Homo sapiens	CCTGGCATTCGTATAGTGGAGCGGACGGAACAGGTTGACACCTAACCCTCCCTTAGAGGGAACATCTC						
9	KC750830.1	Homo sapiens	CCTGGCATTCGTATAGTGGAGCGGACGGAACAGGTTGACACCTAACCCTCCCTTAGAGGGAACATCTC						
10	AY544154.1	Pan troglodytes	ACTTGGCATTCGCAATAGTGAAGCGGGCCGGAACAGGTTGACACCTAACCCTCCCTTAGAGGGAACATCTC						
11	KJ192907.1	Pan troglodytes	ACTTGGCATTCGCAATAGTGAAGCGGGCCGGAACAGGTTGACACCTAACCCTCCCTTAGAGGGAACATCTC						
12	X93335.1	Pan troglodytes	ACTTGGCATTCGCAATAGTGAAGCGGGCCGGAACAGGTTGACACCTAACCCTCCCTTAGAGGGAACATCTC						
13	AY846293.1	Pan troglodytes	ACTTGGCATTCGCAATAGTGAAGCGGGCCGGAACAGGTTGACACCTAACCCTCCCTTAGAGGGAACATCTC						
14	KJ192906.1	Pan troglodytes	ACTTGGCATTCGCAATAGTGAAGCGGGCCGGAACAGGTTGACACCTAACCCTCCCTTAGAGGGAACATCTC						
15	AY544152.1	Pan troglodytes	ACTTGGCATTCGCAATAGTGAAGCGGGCCGGAACAGGTTGACACCTAACCCTCCCTTAGAGGGAACATCTC						
16	AY846292.1	Pan troglodytes	ACTTGGCATTCGCAATAGTGAAGCGGGCCGGAACAGGTTGACACCTAACCCTCCCTTAGAGGGAACATCTC						
17	KJ192809.1	Pan troglodytes	ACTTGGCATTCGCAATAGTGAAGCGGGCCGGAACAGGTTGACACCTAACCCTCCCTTAGAGGGAACATCTC						
18	AY544162.1	Pan paniscus	ACTTGGCATTCGCAATAGTGAAGCGGGCCGGAACAGGTTGACACCTAACCCTCCCTTAGAGGGAACATCTC						
19	AY544161.1	Pan paniscus	ACTTGGCATTCGCAATAGTGAAGCGGGCCGGAACAGGTTGACACCTAACCCTCCCTTAGAGGGAACATCTC						
20	AY544156.1	Pan paniscus	ACTTGGCATTCGCAATAGTGAAGCGGGCCGGAACAGGTTGACACCTAACCCTCCCTTAGAGGGAACATCTC						
21	AY544155.1	Pan paniscus	ACTTGGCATTCGCAATAGTGAAGCGGGCCGGAACAGGTTGACACCTAACCCTCCCTTAGAGGGAACATCTC						

Kuva 8.1. Kolmen kädellisen, ihmisen (*Homo sapiens*, rivit 1–9) ja sen kahden lähimmän sukulaislajin, simpanssin (*Pan troglodytes*, rivit 10–17) ja bonobon (käpiösimpanssi, *Pan paniscus*, rivit 18–21) DNA-viivakoodisekvenssien vertailu (COI-geenialue, 658 emäsparia, näkymä emäksistä 287–361). DNA-sekvenssissä näkyy lajinsisäisiä eroja. Esimerkiksi ihmisen eri yksilöiden DNA-viivakoodissa voi olla A tai G emäspaikassa 305 ja simpanssilla taas emäspaikoissa 329 ja 350. DNA-sekvensseissä näkyy myös lajin välisiä eroja. Esimerkiksi ihmisellä on kuvan ensimmäisessä sarakkeessa emäspaikassa 287 G, kun molemmilla apinalajeilla on A. Geenisekvenssit ovat GenBankista (tunnus lajinimen edessä). Kuva: Riikka Elo.

organismeilla. DNA:ssa tapahtuu ajan ja evoluution myötä **mutaatioita**. Mutaatioiden muotoja ovat kromosomisto-, kromosomi- ja pistemutaatiot. Mutaatiot voivat olla yksilölle hyödyllisiä, haitallisia tai neutraaleja, ja ne voivat olla periytyviä (esimerkiksi sukusolujen ja mitokondrion mutaatiot) tai periytymättömiä (**somaattiset mutaatiot**). Evoluutio karsii **populaatioista** luonnonvalinnan kautta pois haitallisia mutaatioita, ja usein vakavimmat mutaatiot karsiutuvat pois jo yksilönkehityksen alkuvaiheessa, sillä ne voivat vaikuttaa DNA:n emäsjärjestykseen, johon proteiinisynteesi ja oikeanlaisten proteiinien muodostuminen perustuvat.

Mutaatiot näkyvät eliöiden homologisten DNA-jaksojen emäsjärjestyksen eroina, ja niiden muotoa, laajuutta ja yleisyyttä voidaan käyttää apuna tunnistettaessa eri lajeja (kuvat 8.1 ja 8.2). Näitä eroja lajien DNA:ssa käytetään geneettisinä lajitunnisteina samalla tavalla kuin silminnähtäviä ulkoisia tuntomerkkejä ja muita biologisia eroja perinteisessä **morfologisessa** lajitunnistuksessa (esimerkiksi väri, koko, pintarakenne, karvaisuus, kiilto, elinympäristö, ravinnonkäyttö, käytös). Lajierot DNA:ssa ovat siis kuin sormenjälkiä, joilla voidaan erottaa toisistaan eri lajit ja tarvittaessa saman lajin eri populaatiot tai jopa yksilöt esimerkiksi rikospaikka- tai sukututkimuksessa.



Kuva 8.2. Kuvassa ihmisen (*Homo sapiens*) ja kahden lähimmän sukulaislajin, simpanssin (*Pan troglodytes*) ja bonobon (kääpiösimpanssi, *Pan paniscus*) evolutiivinen puu DNA-viivakoodin perusteella (COI lähinaapurimetodi, data Elo 2019). Kuvassa viivan pituus näyttää lajierot: Ihmisen lajiero apinalajeihin on noin 10 prosenttia ja kahden apinalajin välinen ero on noin 4 prosenttia. Viivan paksuus päätetekolmioissa osoittaa lajinsisäistä muuntelua kuvan aineistona käytetyissä DNA-sekvensseissä (ihminen 0,3 %, simpanssi 1,1 % ja bonobo 1,2 %). Kuva: Riikka Elo.

Osa eliöiden geneistä on evoluutiossa hyvin **konservoituneita**, eli niissä esiintyy vain vähän tai ei lainkaan mutaatioita eri lajien välillä. Tällaiset geenit tuottavat yksilöille elintärkeitä proteiineja. Pienikin emästen lukuvirhe estää oikeanlaisen proteiinin muodostumisen ja siten yksilön toiminnan ja kasvun. Osa geneistä taas on ei-konservatiivisia, mikä nähdään DNA-sekvenssivertailussa suurempana emäsvariaationa. Ei-koodaavissa DNA-jaksoissa esiintyy enemmän mutaatioita kuin proteiineja koodaavilla geenialueilla. Eri DNA-alueille voidaan arvioida **mutaatiofrekvenssi**, jota käytetään molekyylikellona selvitetessä eliökunnan kehityslinjojen ja lajien eriytymistä vuosimiljoonien aikana (kuva 8.2).⁴⁸⁴

DNA-viivakoodauksella työkaluja lajistotutkimukselle

Vuonna 2003 kanadalainen professori Paul Hebert kollegoineen esitti ajatuksen, että kaikki organismit voidaan tunnistaa lajitasolle pienen DNA-osan, DNA-viivakoodin, avulla. Heidän tutkimuksissaan eläinten DNA-viivakoodimarkkeriksi eli DNA-sormenjälkitunnisteeksi valikoitui mitokondrion COI-geenialueen alkuosa, joka on vain noin 658 emäsparin

484 Douzery et al. 2004; Hammal et al. 2022

(engl. *base pair, bp*) pituinen alue.⁴⁸⁵ Tämä geeni on erityisen tärkeä solun toiminnalle, sillä se koodaa soluhengityksen tiettyä proteiinia. Geeni on siis hyvin konservoitunut, ja siinä esiintyy lajien välillä suhteellisen vähän – mutta tutkimukselle riittävästi – mutaatioita eli DNA:n emäsjärjestyksessä nähtäviä eroja. Vuonna 2003 julkaistussa tutkimuksessa tämän DNA-viivakoodin tarkastelu sadalta eläinlajilta osoitti, että lajit voidaan erottaa toisistaan alueen vertailun avulla.⁴⁸⁶ Tutkimus paljasti, että geenialueessa on lajien välillä yli kahden prosentin ero, kun lajien sisällä ero on alle kaksi prosenttia. Tätä tasoa pidettiin alustavasti eräänlaisena nyrkkisääntönä lajinsisäisen ja lajien välisen **geneettisen muuntelun** suhteelle (divergenssi). Sittemmin tieto on tarkentunut suku-, heimo-, luokka- ja lahkotasolla (**taksonit**). Esimerkiksi lajien välinen ero voi vaihdella 3–40 prosentin välillä.⁴⁸⁷

Sama COI-geenialue löytyy myös kasvien ja sienten mitokondrioista, mutta sen sijasta kasvien DNA-viivakoodausmarkkeriksi ovat valikoituneet viherhiukkaseen *matK*- ja *rbcl*-geenit ja sienten osalta tuman ITS-**markkeri**, joka on tuman ei-koodaavaa DNA:ta.⁴⁸⁸ Myös tietyille eläinryhmille, kuten maaperäeläimille, joilla perinteinen COI-viivakoodaus on haasteellista, on esitetty lajitunnisteiksi vaihtoehtoisia DNA-viivakoodigeenejä (esimerkiksi ribosomaaliset 16S, 18S ja 28S, joita löytyy niin eläimiltä, kasveilta, sieniltä kuin bakteereiltakin).⁴⁸⁹

DNA-viivakoodauksella voidaan siis tunnistaa lajit tarkasti, edullisesti ja nopeasti. Lajintunnistus perustuu **geenipankkeihin** eli referenssiaineistoihin, joihin kootaan tunnistettujen lajien DNA-sekvenssitietoja lähdemateriaaliksi. Näitä geenipankkeja kootaan kansallisissa ja kansainvälisissä tutkimushankkeissa. Esimerkiksi Suomen DNA-viivakoodaushankkeen *The Finnish Barcoding of Life* -projektin tavoitteena on DNA-viivakoodata koko Suomen eläin-, kasvi- ja sienilajisto.⁴⁹⁰ Työtä tämän eteen on tehty jo yli kymmenen vuotta, ja esimerkiksi lähes sadan asiantuntijan yhteistyöllä on DNA-viivakoodattu Suomen niveljalkaisista jo noin 43 prosenttia.⁴⁹¹

485 Hebert et al. 2003; Elbrecht et al. 2019

486 Hebert et al. 2003

487 Ratnasingham & Hebert 2013; Young & Hebert 2015

488 CBOL Plant Working Group et al. 2009; Seifert 2009

489 Deiner et al. 2017; Elo 2019; Harrison et al. 2021

490 FinBOL, www.finbol.org

491 Roslin et al. 2021

Vastaavia maakohtaisia hankkeita on esimerkiksi Saksassa ja Norjassa. Ne kaikki linkittyvät maailmanlaajuiseen *International Barcoding of Life* -hankkeeseen,⁴⁹² jonka tavoitteena on DNA-viivakoodata koko maailman lajisto. Eliöiden DNA-viivakoodit kerätään kansainvälisiin geenipankkeihin, kuten iBOL-verkoston BOLD-tietokantaan⁴⁹³ sekä tätä laajempaan geenipankkiin.⁴⁹⁴ Valtaosa maailman lajeista esiintyy laajalla maantieteellisellä alueella riippumatta valtioiden rajoista. Jatkuvasti kasvavia geenipankkeja voi käyttää tutkimuksessa riippumatta lajien esiintymispaikasta. Esimerkiksi, jos Suomesta ei ole vielä DNA-viivakoodattu rauduskoivua, mutta Norjasta on, löytyy tämän lajin DNA-viivakoodi jo valmiiksi geenipankista.

Geenipankkien avulla voidaan tunnistaa lajeja myös tunnistamattomasta eliöstä täysin DNA-pohjaisesti. Menetelmässä tunnistamattoman eliön DNA monistetaan **PCR-reaktiossa** ja **sekvensoidaan**, ja saatua DNA-sekvenssipätkää verrataan geenipankkien miljooniin sekvensseihin tunnetuista lajeista. Jos eliön DNA saa tunnistuksen geenipankissa olevaan lajiin, saadaan lajille nimi. Tämä on erityisen tärkeä menetelmä esimerkiksi eliöiden eri kehitysvaiheiden tunnistuksessa. Menetelmällä voidaan DNA-pohjaisesti tunnistaa esimerkiksi hyönteisen muna tai toukka, kasvin siemen tai siitepöly taikka sienien pala tai homekasvusto, joiden lajintunnistus muuten voi olla hankalaa tai mahdotonta. DNA-viivakoodauksen suurin rajoite on geenipankkien kattavuus, sillä niihin on saatu vietyä vasta pieni osa maapallon lajiversiteetistä.⁴⁹⁵

DNA-teknologian kehittyessä Sanger-sekvensoinnista **NGS-menetelmään** (ks. luku 1), on evoluutiotutkimuksissa viime vuosina ryhdytty yhä enemmän siirtymään yhden tai muutaman geenin tutkimuksesta koko **mitokondriogenomin** tai koko genomin tutkimukseen.⁴⁹⁶ Tämä on erityisen tärkeää, sillä eliöiden koko genomit mahdollistavat lajien – joskus eläinrotujen tai jopa yksilöiden – tunnistuksen pienistä DNA-paloista myös silloin, kun DNA on hajonnut. DNA-viivakoodaus ja laajat geenipankit tarjoavatkin yhä laajemmat mahdollisuudet eliöiden tunnistukseen niin nyky- kuin muinais-DNA:stakin.

492 iBOL, <https://ibol.org/>

493 www.boldsystems.org

494 NBCI GenBank <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>

495 Ratnasingham & Hebert 2013; Roslin et al. 2021

496 Arribas et al. 2016, Sims et al. 2009

DNA-massaviivakoodauksessa sovelletaan lajintunnistusta suureen lähdeaineistoon

DNA:ta on siellä, missä on soluja. Soluja taas on lähes kaikkialla, ja näin ollen myös DNA:ta – niin maassa, ilmassa kuin vedessäkin. Eliöiden solut uusiutuvat luontaisesti, ja vanhat kuolleet solut varisevat näkymättömästi ilmaan eliöiden pinnalta. Esimerkiksi huonepölystä valtaosa on ihmisistä ja lemmikeistä varissutta hilsettä, siitepölyä taas on kasvukaudella ilmassa valtavat määrät. Vedessä puolestaan elää monenlaisia vesieläimiä ja -kasveja. Eliöiden kuollessa niiden pehmytkudokset hajoavat hajottajaeliöiden (sienten, bakteerien ja hajottajaeläinten) toiminnan takia, kun taas kovat osat (muun muassa luut, hyönteisten ulkokuoret, kasvien siemenet ja siitepöly sekä sieni-itiöt) hautautuvat ja säilytyvät lopulta maaperän sedimentteihin fossiileina. Nämäkin kuitenkin jättävät jälkeensä soluja ja niiden sisällä myös DNA:ta.

DNA-viivakoodausmenetelmän merkittävimpiä hyötyjä ovat sen monenlaiset sovellukset lajintunnistuksessa, erityisesti **DNA-massaviivakoodauksen** (myös DNA-metaviivakoodaus) keinoin. DNA-massaviivakoodaus tarkoittaa analyysiä, jossa DNA-viivakoodaus tehdään rinnakkain lukuisista yksilöistä ja DNA-molekyyleistä samanaikaisesti. Esimerkiksi elintarvikevalvonnassa DNA-massaviivakoodauksella voidaan paljastaa teesekeituksissa, sushi-pöydissä tai luontaislääkkeissä mahdollisesti olevat myrkylliset tai uhanalaiset lajit ottamalla vain pieni näyte tutkittavasta elintarvikkeesta.⁴⁹⁷ Vastaavasti menetelmällä voidaan selvittää eläimen ruokavalio ottamalla näyte esimerkiksi lepakon, sudenkorennon tai linnun jätöksistä.⁴⁹⁸ Lapiollisesta maaperäkariketta taas paljastuvat maaperän monimuotoiset lajiyhteisöt.⁴⁹⁹ Maaperän mullassa elää sienirihmastoja, kasvien juuria, maaperäeläimiä ja bakteereita. Eläinten luut, kasvien siemenet ja siitepöly, sieni-itiöt ja selkärangattomien eläinten kovat ulkokuoren osat ovat voineet jättää maaperään DNA:ta. Sitä tutkimalla saadaan tietoa esimerkiksi muinaisista kasviyhteisöistä ja niiden pölyttäjästä, ihmisten ulko- ja sisäloisista, ihmisten ravinnonkäytöstä, ihmisiä haitanneista tuhohyönteisistä sekä sienistä ja homeista.

497 Fišer Pečnikar & Buzan 2014; Roslin et al. 2021; Srivathsan et al. 2021

498 Kaunisto et al. 2017; Vesterinen et al. 2018; Rytönen et al. 2019

499 Young et al. 2012; Arribas et al. 2016.

Toisinaan ei tarvita edes varsinaista näkyvää näytettä DNA:n lähteestä. Hiljattain esimerkiksi Tanskassa eläintarhan yläpuolelta ilmasta kerätystä pölystä pystyttiin tunnistamaan eläintarhassa asuvat eläimet, ja tutkimus paljasti alueelta myös tavallisia kaupunkieläimiä.⁵⁰⁰ Myös eliöiden välisiä vuorovaikutuksia voidaan selvittää DNA-massaviivakoodauksella. Eräissä tutkimuksissa tutkijat keräsivät niityltä luonnonkukkia, joita huuhdeltiin tutkimusnesteellä. Pelkällä nesteen DNA-analyysillä saatiin paljastettua kukissa käyneet pölyttäjät, jotka olivat jättäneet jälkeensä soluja kukkien pinnalle.⁵⁰¹ Menetelmää käytetään myös vesistöjen tutkimuksessa, sillä vettä tarvitaan näyteenpurkkiin vain pieni tilkka. DNA-seulomalla siitä saadaan selvitettyä vesistöissä olevat hyönteiset ja tarvittaessa myös kalat, kasvit, levät ja bakteerit.⁵⁰² Periaatteessa samaa DNA-massaviivakoodausmenetelmää käytetään myös esimerkiksi puutiaisten kantamien **patogeenien** eli taudinaiheuttajien tutkimuksessa. Hajottamalla puutiaisyksilöt ja vertaamalla niiden vatsojen sisältöä tiettyihin DNA-**markkereihin** selviävät puutiaisen kantamat bakteerit, virukset ja alkueläimet sekä isäntäeläimet, joissa puutiaiset ovat ruokailleet veriateriansa.⁵⁰³

DNA-massaviivakoodauksessa hyödynnetään **NGS-sekvensointia** (ks. luku 1). Menetelmän avulla voidaan tunnistaa näytteestä samalla kertaa useita eliöryhmiä, kuten kasvit ja eläimet. Kun sekvenssejä verrataan geenipankkeihin, voidaan tuottaa näytteen lajilista. **Bioinformatiikka** eli DNA-datan tiedonlouhinta on yhä tutkijalle ja tietokoneohjelmille hyvin työlästä, kallista ja aikaa vievää. Saatavan DNA-datan määrää voidaan kuitenkin rajoittaa eliöryhmäkohdistetulla (**PCR-pohjaisella**) DNA-monistuksella ja siten helpottaa bioinformatiikan työvaihetta. Nykyään menetelmiä käytetään osittain rinnakkain.

500 Clare et al. 2021

501 Thomsen & Sigsgaard 2019

502 Kuntke et al. 2020

503 Klemola et al. 2019; Sormunen et al. 2023

Muinais-DNA menneiden populaatioiden, lajien ja eliöyhteisöjen tutkimuksessa

Arkeologisten tutkimusten yhteydessä on usein tutkittu biologisia näytteitä etenkin kasvimakrofossiilien ja siitepölyn osalta. **Makrofossiileihin** kuuluvat myös pienet eläinfossiilit, kuten hyönteisten osat ja maaperäeläinten jäännökset (kuva 8.3). Niitä on kuitenkin niin Suomessa kuin ulkomaillakin tutkittu vain hyvin vähän pääosin niiden pienen koon, vaikean tai mahdottoman tunnistuksen sekä asiantuntijoiden puutteen vuoksi.⁵⁰⁴ Muinaiset eliöyhteisöt – kasvit, sienet ja eläimet – tarjoavat kuitenkin valtavan tietolähteen, jota voidaan tutkia muinais-DNA:n avulla. Jo nyt muinais-DNA-tutkimus mahdollistaa esimerkiksi selkärangattomien lajintunnistuksen niin yksittäisestä näytteestä kuin sedimenttinäytteestäkin (kuva 8.3).

Nykytekniikalla lähes kaikki tutkimukset, jotka voidaan tehdä nyky-DNA:sta, on mahdollista tehdä myös muinais-DNA:sta. DNA voi säilyä tutkimuskelpoisena, vaikka se olisi kulkenut läpi ruoansulatuksen, altistunut hapelle ja UV-säteilylle kaupunkipölyssä tai kellunut suolaisessa valtameressä. Toisaalta kaikki nämä tekijät myös hajottavat DNA-molekyyliä katkomalla DNA-juosteita ja muuttamalla molekyyliarakenteita. Kasvi- ja sienisoluja suojaavien soluseiniä sisällä DNA saattaa säilyä pidempään kuin eläinsoluissa, joissa soluseiniä ei ole. Toisaalta soluseiniä hajotus, joka tarvitaan DNA:n tutkimuksessa, luo haasteita laboratorionmenetelmille niin nyky-DNA:n kuin muinais-DNA:nkin tutkimuksessa. Joskus ei tuoreistakaan kasvi- tai sieninäytteistä saada eristettyä DNA:ta.⁵⁰⁵

DNA säilyy parhaiten jäätyneenä sekä tasaisen kuivissa tai kosteissa ja hapettomissa olosuhteissa. Muinais-DNA myös **kontaminoituu** helposti nyky-DNA:lla. Näin ollen esimerkiksi arkeologisilta kaivauksilta DNA-analyysiin lähtevän näytemateriaalin kanssa tulee olla hyvin tarkkana. Ihmisestä irtoaa jatkuvasti ihon kuolleita soluja, minkä lisäksi henkilöiden vaatteissa tai kengissä voi olla lemmikkieläinten karvoja. Näyte tulee suojata myös ilmassa leijuvalta siitepölyltä, sieni-itiöiltä, eläinpölyltä, hyönteisiltä, bakteereilta ja viruksilta. Muinais-DNA-laboratorio onkin ilmatiivis, ja siellä työskennellään hupullisissa suojavaatteissa (ks. luku 1).

⁵⁰⁴ Lempiäinen-Avci et al. 2021

⁵⁰⁵ Elo 2019



Kuva 8.3. Pälkäneen rauniokirkon arkeologisessa kaivauksessa löytyneitä selkärangattomien jäännöksiä, jotka ovat peräisin 1800-luvun alkuun ajoittuvasta haudasta (Moilanen 2023). Kuvassa on kovakuoriaisten peitinsiipiä, kärpästen toukkanahkoja, määrittelemättömiä hyönteisten ulkokuoren osia sekä sammalpunkkien kuoria. Näiden jäännösten silmämääräinen tunnistus on lähes mahdotonta selkärangattomien pienestä koosta ja suuresta lajimäärästä johtuen. Rauniokirkon haudoista kerättyjä hyönteisnäytteitä on lähetetty DNA-analyysiin, ja alustavat tulokset ovat lupaavia. Kuva: Riikka Elo.

DNA ja sen säilymisympäristöt muodostavat terminologian ja lyhenteiden viidakon, mutta käsitteet avautuvat helpommin englannin kielen kautta. **Ympäristö-DNA** (*environmental DNA*, *eDNA*) tarkoittaa nyky-ympäristöstä löytyvää DNA:ta niin ilmassa, maassa kuin vedessäkin. Kun tähän termiin lisätään mukaan pitkä aikajänne, saadaan termi **aeDNA** eli muinaisympäristö-DNA (*ancient environmental DNA*). Lähes samaan viittaa termi sedimentti-DNA, lyhennettynä *seDNA* (*sediment DNA* tai *sedimentary ancient DNA*), joka tarkoittaa myös muinaista ympäristö-DNA:ta, mutta erityisesti sellaista, joka on säilynyt maaperän, vesistöjen tai jään sedimenttikerrokseen.

Muinais-DNA-tutkimus mahdollistaa biodiversiteettitutkimuksen niin populaatio-, laji- kuin yhteisötasollakin. Tutkijat ovat esimerkiksi

selvittäneet sukupuuttoon kuolleen luolaleijonan koko mitokondriogenomin 31 yksilön noin 60 000–30 000 vuotta vanhoista luista ja selvittäneet muun muassa lajin sisäistä diversiteettiä (haplotyyppejä) ja eriytymistä nykyleijonasta.⁵⁰⁶ Tutkimuksessa käytettiin nykyleijonan **sekvensoitua** mitokondriogenomia mallina, jonka avulla koottiin luolaleijonan hajonnut DNA-sekvenssi oikeaan järjestykseen. Menetelmää kutsutaan genomien järjestelyksi (engl. *genome assembly*).

Vastaavalla tavalla tutkittavasta aineistosta voidaan malligenomin avulla tehdä kohdistettuja hakuja jopa sukupuuttoon kuolleista lajeista.⁵⁰⁷ Arkeologian tavoin myös muinais-DNA-tutkimuksissa hyönteisten tutkimus on vasta alussa. Hiljattain kuitenkin julkaistiin ensimmäinen hyönteisiin kohdistettu tutkimus, jossa pystyttiin tunnistamaan lajilleen tuhansia vuosia vanhoja kovakuoriaisfossiileja, joista yksi oli jopa 34 000 vuotta vanha. Tutkimuksessa käytetty DNA oli hyvin pitkälle hajonnutta, mutta lähilajien malligenomit mahdollistivat DNA:n koonnin palapelin tapan.⁵⁰⁸ Vastaavalla tavalla muinais-DNA-aineistosta voidaan etsiä kohdistetusti jälkiä esimerkiksi ihmisiä vaivanneista muinaisista bakteereista, viruksista ja loisista. Menetelmä onnistuu, jos lajeista on saatavilla genomitason DNA-sekvenssitietoa geenipankeista.⁵⁰⁹

Muinais-DNA-tutkimuksilla saadaan tietoa myös muinaisista eliöyhteisöistä laajemmalla tasolla. Hyviä esimerkkejä ovat ihmisen hygieniasta tietoa tuovat **latriini**- eli käymälätutkimukset. Israelista ja Latviasta löytyneistä 1400- ja 1300-luvuilta peräisin olevista latrineista selvitettiin DNA-massaviivakoodauksella ihmisten sisäloisia ja vatsan **mikrobiomia** (ks. myös luku 7). Tutkimus paljasti useita ihmis- ja eläinperäisiä sisäloiseläimiä, bakteereja ja viruksia ja valotti näin ihmisten ravinnonkäyttöä, hygieniää ja tautitaakkaa keskiajalla.⁵¹⁰ Tutkimus Lähi-Idän ja Pohjois-Euroopan latrineista ajalta 500 eaa.–1700 jaa. paljasti useita ihmisen sisäloisia, kuten piiskamotoja, suolinkaisia ja lapamotoja (kuva 8.4), jotka osoittivat ihmisten käyttäneen ravintonaan raakaa kalaa ja porsaanlihaa (ks. myös luku 7). Lisäksi tutkimuksessa havaittiin lampaan, hevosen, koiran, sian ja jyräjien loisia. Tämä

506 Stanton et al. 2020

507 Zavala et al. 2021

508 Smith et al. 2021

509 Marciniak & Poinar 2018

510 Sabin et al. 2020



Kuva 8.4. Kuivattuja lapamatoja, Jyväskylän lyseon oppimateriaalia 1800-luvulta. Lapamato on ollut menneisyydessä hyvin yleinen kalaa ravinnoksi käyttävissä väestöissä. Sitä on joskus kuvattu suomalais-ugrialaisten kansojen ”ikiaikaiseksi vitsaukseksi” (Naakka-Korhonen 1997: 286) ja jopa Suomen ”kansallisloiseksi” (esim. Konttinen et al. 1997), sillä se oli erittäin yleinen Suomen järviolueella vielä 1900-luvun puolivälissä. Tutkimukset osoittavat, että lapamadon jäljille on mahdollista päästä myös maaperästä tehtävien DNA-tutkimusten avulla. Kuva: Keski-Suomen museo. CC BY 4.0.

osoitti yhteisön pitäneen kotieläimiä ja toisaalta myös tuholaisjyrsijöiden läsnäolon. Tutkimuksessa pystyttiin DNA-sekvensoimaan myös muutaman piiska- ja sukkulamatojen koko mitokondriogenomi ja tutkimaan siten matojen haplotyyppisiä. Tuloksia voidaan hyödyntää selvitetessä näiden matolajien leviämistä menneisyydessä ja nykyisin.⁵¹¹

Menneiden eliöyhteisöjen lajikoostumusta voidaan selvittää myös vesiympäristöistä. Esimerkiksi Norjassa tutkijat DNA-massaviivakoodasivat järvisedimenttikerrostumien 8 000 vuotta vanhaa kasviyhteisöä sedaDNA:n avulla. Tutkimus paljasti lähes kaikki kasvitaksonit, joiden läsnäolo oli selvitetty aiemmin kasvien makrofossiileista ja siitepölyistä. Lisäksi DNA-tutkimuksessa paljastui 20 kasvilajia, joista ei ollut jäänyt muita jälkiä.⁵¹² Vastaavasti Grönlannissa tehty sedaDNA-analyysi 100 000 vuotta vanhoista valtameren pohjasedimenteistä paljasti useita merijäähän liittyviä lajeja, joiden selvitys auttaa mallintamaan merijään liikkeitä vuosituhansien takaa.⁵¹³

Maaperäkairauksia ja sedaDNA-analyysyjä yhdistämällä saadaan vertailtavaa tietoa esimerkiksi menneisyyden lajikirjosta sekä lajien esiintymisalueista ja niiden muutoksista. SedaDNA-menetelmä myös tarkentaa ja täydentää perinteistä arkeologista kasvijääne-, siitepöly- ja sieni-itiötutkimusta. Esimerkiksi Alpeilla on tutkittu viimeisen jääkauden jälkeistä ilmastoa 10 000 vuoden takaa nykypäivään asti. Tutkimus paljasti alueen metsittymisen alkaneen 10 700 vuotta sitten lehtikuusi-, koivu- ja mänty-lajeilla. Ihmistoiminta ympäristössä alkoi noin 5 100 vuotta sitten, minkä osoittaa lajiston muutos: kuusi ja leppä runsastuivat ja pihtalaji romahti. Muutos heijastaa maankäytön ja laidunnuksen vaikutuksia, jonka seurauksena maisema muuttui. Samalla analyysit kertovat myös karjanpidosta ja tulenkäytöstä kasvilajiston muuttuessa niitylle ja laidunmaalle tyyppilliseksi.⁵¹⁴

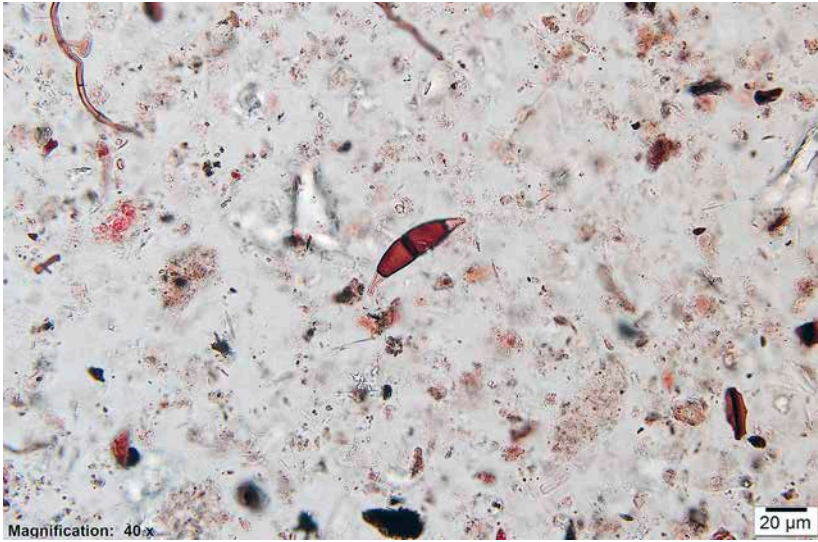
Toisessa Alpeille sijoittuvassa tutkimuksessa selvitettiin DNA-massaviivakoodauksella ihmisen toimintaa, karjanpitoa ja maanmuokkausta järvisedimenttien sedaDNA-tutkimuksilla. Tutkimuksen kasvidata käsitti yli kolme miljoonaa ja eläindata yli miljoona DNA-sekvenssin palasta, jotka olivat peräisin eri osista eliöiden genomeja. Suuri datamäärä onnistuttiin

⁵¹¹ Søre et al. 2018

⁵¹² Alsos et al. 2016

⁵¹³ De Schepper et al. 2019

⁵¹⁴ Van Vugt et al. 2022



Kuva 8.5. Suipon muotoinen sieni-itiö Pälkäneen rauniokirkon 1500-luvulle ajoittuvasta haudasta 1/2022. Itiöiden silmämääräinen tunnistaminen on usein vaikeaa, mutta DNA-menetelmät voivat tarjota siihen keinoja. Kuva: Sanna Pätsi.

kuitenkin käsittelemään ja tutkimus toi uutta tietoa kasvi- ja eläinlajeista sekä ihmistoiminnasta 6 500 vuoden ajalta, muun muassa karjan ylilaidunnuksen aiheuttamasta eroosiosta ja metsäkadosta rautakaudella.⁵¹⁵

Tässä esitetyt esimerkit osoittavat muinais-DNA:n ja sedaDNA:n mahdollisuudet tutkittaessa menneisyyden ihmisten elämää sekä ympäristön lajikirjoa. Tulevaisuudessa DNA-tutkimuksesta tulee yksi **bioarkeologisen** tutkimuksen perustyökaluista, joka tuo merkittävää lisätietoa menneisyyden kasveista, sienistä (kuva 8.5), eläimistä, bakteereista ja viruksista. Kaikki tutkittava DNA-materiaali kasvattaa geenipankkeja ja mahdollistaa todennäköisesti sellaisia poikkitieteellisiä tutkimuskysymyksiä, joita ei vielä osata edes ajatella. Lisäksi kaikki muinais-DNA:n avulla saatava tieto menneisyyden eliöyhteisöistä raottaa luonnon monimuotoisuutta aikojen takaa ja kertoo eliöiden kehityksestä laji-, populaatio- ja yhteisötasolla. Näistä tutkimuksista saamme lisätietoa esimerkiksi käynnissä olevan ilmastonmuutoksen ja luontokadon mahdollisista vaikutuksista ja ehkäpä voimme löytää näihin ongelmiin myös ratkaisuja.

515 Giguët-Covex et al. 2014

Tutkimuskirjallisuus

- Alsos, I. G., Sjögren, P., Edwards, M. E., Landvik, J. Y., Gielly, L. et al. 2016. Sedimentary ancient DNA from Lake Skartjørna, Svalbard: Assessing the resilience of arctic flora to Holocene climate change. *The Holocene* 26, 627–642. <https://doi.org/10.1177/0959683615612563>
- Arribas, P., Andújar, C., Hopkins, K., Shepherd, M. & Vogler, A. P. 2016. Metabarcoding and mitochondrial metagenomics of endogean arthropods to unveil the mesofauna of the soil. *Methods in Ecology and Evolution* 7: 1071–1081. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12557>
- CBOL Plant Working Group, Hollingsworth, P.M., Forrest, L.L., Spouge, J.L., Hajibabaei, M. et al. 2009. A DNA barcode for land plants. *PNAS* 106(31): 12794–12797. <https://doi.org/10.1073/pnas.0905845106>
- Clare, E. L., Economou, C. K., Faulkes, C. G., Gilbert, J. D., Bennett, F. et al. 2021. eDNAir: proof of concept that animal DNA can be collected from air sampling. *PeerJ* 9: e11030. <https://doi.org/10.7717/peerj.11030>
- De Schepper, S., Ray, J. L., Skaar, K. S., Sadatzki, H., Ijaz, U. Z. et al. 2019. The potential of sedimentary ancient DNA for reconstructing past sea ice evolution. *The ISME Journal* 13: 2566–2577. <https://doi.org/10.1038/s41396-019-0457-1>
- Deiner, K., Bik, H. M., Mächler, E., Seymour, M., Lacoursière-Roussel, A. et al. 2017. Environmental DNA metabarcoding: Transforming how we survey animal and plant communities. *Molecular Ecology* 26: 5872–5895. <https://doi.org/10.1111/mec.14350>
- Douzery, E. J. P., Snell, E. A., Baptiste, E., Delsuc, F. & Philippe, H. 2004. The timing of eukaryotic evolution: Does a relaxed molecular clock reconcile proteins and fossils? *PNAS* 101: 15386–15391. <https://doi.org/10.1073/pnas.0403984101>
- Elbrecht, V., Braukmann, T. W. A., Ivanova, N. V., Prosser, S. W. J., Hajibabaei, M. et al. 2019. Validation of COI metabarcoding primers for terrestrial arthropods. *PeerJ* 7: e7745. <https://doi.org/10.7717/peerj.7745>
- Elo, R. 2019. *Hidden diversity of moss mites (Acari: Oribatida) unveiled with ecological and genetic approach*. Annales Universitatis Turkuensis, Biologica – Geographica – Geologica A2 350. Turku: University of Turku. <https://www.utupub.fi/handle/10024/146702>
- Fišer Pečnikar, Ž. & Buzan, E. V. 2014. 20 years since the introduction of DNA barcoding: from theory to application. *Journal of Applied Genetics* 55: 43–52. <https://doi.org/10.1007/s13353-013-0180-y>
- Giguet-Covex, C., Pansu, J., Arnaud, F., Rey, P.-J., Griggo, C. et al. 2014. Long livestock farming history and human landscape shaping revealed by lake sediment DNA. *Nature Communications* 5: 3211. <https://doi.org/10.1038/ncomms4211>
- Hammal, F., de Langen, P., Bergon, A., Lopez, F. & Ballester, B. 2022. ReMap 2022: a database of human, mouse, Drosophila and Arabidopsis regulatory regions from an integrative analysis of DNA-binding sequencing experiments. *Nucleic Acids Research* 50: D316–D325. <https://doi.org/10.1093/nar/gkab996>
- Harrison, J. P., Chronopoulou, P.-M., Salonen, I. S., Jilbert, T. & Koho, K. A. 2021. 16S and 18S rRNA gene metabarcoding provide congruent information on the responses of sediment communities to eutrophication. *Frontiers in Marine Science* 8: 708716. <https://doi.org/10.3389/fmars.2021.708716>
- Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L. & deWaard, J. R. 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences* 270: 313–321. <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>
- Helariutta, Y. Y., Kangasjärvi, J. & Teeri, T. 2001. Mitä lituruohon geenien kartoitus antaa lääketieteelle? *Lääketieteellinen Aikakauskirja Duodecim* 117(7): 673–674. <https://www.duodecimlehti.fi/duo92162>
- Hyvärinen, E., Juslén, A., Kempainen, E., Uddström, A. & Liukko, U.-M. (toim.) 2019. *Suomen lajien ubanalaisuus – Punainen kirja 2019*. Helsinki: Ympäristöministeriö & Suomen ympäristökeskus.
- Kaunisto, K. M., Roslin, T., Sääksjärvi, I. E. & Vesterinen, E. J. 2017. Pellets of proof: First glimpse of the dietary composition of adult odonates as revealed by metabarcoding of feces. *Ecology and Evolution* 7: 8588–8598. <https://doi.org/10.1002/ece3.3404>
- Klemola, T., Sormunen, J. J., Moizer, J., Mäkelä, S. & Vesterinen, E. J. 2019. High tick abundance and diversity of tick-borne pathogens in a Finnish city. *Urban Ecosystems* 22: 817–826. <https://doi.org/10.1007/s11252-019-00854-w>
- Konttinen, Y., Hasenson, S., Valovirta, I., Malmström, M., Ikonen, E. et al. 1997. Onohdettu kansallislisloin - tapausselostus ja lyhyt kirjallisuuskatsaus. *Lääketieteellinen Aikakauskirja Duodecim* 1997;113(16):1549. <https://www.duodecimlehti.fi/duo70360>
- Kuntke, F., De Jonge, N., Hesseløe, M. & Lund Nielsen, J. 2020. Stream water quality assessment by metabarcoding of invertebrates. *Ecological Indicators* 111: 105982. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2019.105982>

- Lempiäinen-Avci, M., Elo, R., Alenius, T., Bläuer, A., Huttunen, S. et al. 2021. A medieval latrine and a yard in Turku, Southwest Finland – A multidisciplinary study of ecofacts. *Fennoscandia archaeologica* XXXVIII: 153–180.
- Marciniak, S. & Poinar, H.N. 2018. Ancient pathogens through human history: A paleogenomic perspective. Teoksessa: Lindqvist, C. & Rajora, O. P. (toim.) *Paleogenomics, Population Genomics*: 115–138. Cham: Springer.
- Moilanen, U. 2023. *Pälkäne Rauniokirkko. Tutkimuskaivaus 27.9.–18.10.2022*. Kenttäyöraportti, Museokeskus Vapriikki, Tampere.
- Mora, C., Tittensor, D. P., Adl, S., Simpson, A. G. B. & Worm, B. 2011. How many species are there on Earth and in the ocean? *PLoS Biology* 9: e1001127. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001127>
- Naakka-Korhonen, M. 1997. *Vaiivasta taudiksi. Lapamatoon liittyvä kansanparannus erityisesti pohjoiskarjalaisen aineiston valossa*. Suomalaisen Kirjallisuuden Seuran Toimituksia 666. Helsinki: Suomalaisen Kirjallisuuden Seura.
- Ratnasingham, S. & Hebert, P.D.N. 2013. A DNA-based registry for all animal species: The barcode index number (BIN) system. *PLoS One* 8: e66213. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0066213>
- Roslin, T., Somervuo, P., Pentinsaari, M., Hebert, P., Agda, J. et al. 2021. A molecular-based identification resource for the arthropods of Finland. *Molecular Ecology Resources* 22(2): 803–822. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13510>
- Rytkönen, S., Vesterinen, E.J., Westerduin, C., Leviäkangas, T., Vatka, E. et al. 2019. From feces to data: A metabarcoding method for analyzing consumed and available prey in a bird-insect food web. *Ecology and Evolution* 9: 631–639. <https://doi.org/10.1002/ece3.4787>
- Sabin, S., Yeh, H.-Y., Pluskowski, A., Clamer, C., Mitchell, P.D. et al. 2020. Estimating molecular preservation of the intestinal microbiome via metagenomic analyses of latrine sediments from two medieval cities. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 375: 20190576. <https://doi.org/10.1098/rstb.2019.0576>
- Seifert, K.A. 2009. Progress towards DNA barcoding of fungi. *Molecular Ecology Resources* 9: 83–89. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02635.x>
- Sims, G.E., Jun, S.-R., Wu, G.A. & Kim, S.-H. 2009. Whole-genome phylogeny of mammals: Evolutionary information in genic and nongenic regions. *PNAS* 106: 17077–17082. <https://doi.org/10.1073/pnas.0909377106>
- Smith, A. D., Kamiński, M. J., Kanda, K., Sweet, A. D., Betancourt, J. L. et al. 2021. Recovery and analysis of ancient beetle DNA from subfossil packrat middens using high-throughput sequencing. *Scientific Reports* 11: 12635. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-91896-8>
- Søe, M.J., Nejsum, P., Seersholm, F.V., Fredensborg, B.L., Habraken, R. et al. 2018. Ancient DNA from latrines in Northern Europe and the Middle East (500 BC–1700 AD) reveals past parasites and diet. *PLoS One* 13: e0195481. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0195481>
- Sormunen, J.J., Mäkelä, S., Klemola, T., Alale, T.Y. & Vesterinen, E.J. 2023. Voles, shrews and red squirrels as sources of tick blood meals and tick-borne pathogens on an island in southwestern Finland. *Ticks and Tick-borne Diseases* 14: 102134. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2023.102134>
- Srivathsan, A., Lee, L., Katoh, K., Hartop, E., Kutty, S.N. et al. 2021. ONTbarcoder and MinION barcodes aid biodiversity discovery and identification by everyone, for everyone. *BMC Biology* 19: 217. <https://doi.org/10.1186/s12915-021-01141-x>
- Stanton, D.W.G., Alberti, F., Plotnikov, V., Androsov, S., Grigoriev, S. et al. 2020. Early Pleistocene origin and extensive intra-species diversity of the extinct cave lion. *Scientific Reports* 10: 12621. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-69474-1>
- Thomsen, P.F. & Sigsgaard, E.E. 2019. Environmental DNA metabarcoding of wild flowers reveals diverse communities of terrestrial arthropods. *Ecology and Evolution* 9: 1665–1679. <https://doi.org/10.1002/ece3.4809>
- Van Vugt, L., Garcés-Pastor, S., Gobet, E., Brechbühl, S., Knetge, A. et al. 2022. Pollen, macrofossils and *sedDNA* reveal climate and land use impacts on Holocene mountain vegetation of the Lepontine Alps, Italy. *Quaternary Science Reviews* 296: 107749. <https://doi.org/10.1016/j.quascirev.2022.107749>
- Vesterinen, E.J., Puisto, A.I.E., Blomberg, A.S. & Lilley, T.M. 2018. Table for five, please: Dietary partitioning in boreal bats. *Ecology and Evolution* 8: 10914–10937. <https://doi.org/10.1002/ece3.4559>
- Young, M.R., Behan-Pelletier, V.M. & Hebert, P.D.N. 2012. Revealing the hyperdiverse mite fauna of subarctic Canada through DNA barcoding. *PLoS One* 7: e48755. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0048755>
- Young, M.R. & Hebert, P.D.N. 2015. Patterns of protein evolution in cytochrome c oxidase I (COI) from the class Arachnida. *PLoS One* 10: e0135053. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0135053>
- Zavala, E.I., Jacobs, Z., Vernot, B., Shunkov, M.V., Kozlikin, M.B. et al. 2021. Pleistocene sediment DNA reveals hominin and faunal turnovers at Denisova Cave. *Nature* 595: 399–403. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03675-0>

9

Kasvien muinais-DNA-tutkimus tarkentaa tietoa viljelyn historiasta

Mia Lempiäinen-Avci

 <https://orcid.org/0000-0002-0221-151X>

Arkeologisista kasvinäytteistä tai museoihin talletetuista historiallisista kasvinäytteistä eristetty DNA on osoittautunut hyödylliseksi maapallon lajien ja elämän tutkimisessa. Maailmasta tunnetaan arviolta lähes 400 000 kasvilajia. Tämän lisäksi vuosittain löydetään ja kuvataan pari tuhatta tietelle uutta lajia. Useat maailman kasveista ovat heikosti tunnettuja, mitä tulee niiden lajiominaisuuksiin, ekologiaan, levinneisyyteen, niitä uhkaaviin vaaroihin tai niistä saataviin hyötyihin. Maailman kasvilajeista noin kymmenen prosenttia on myös uhanalaisia, sillä muun muassa ihmisen toiminta ja ilmastonmuutos aiheuttavat lajikatoa. Nykypäivänä kasveja kuolee viisisataa kertaa nopeammin sukupuuttoon kuin esiteollisella ajalla eli ennen 1850-lukua. Moni laji saattaakin kadota ennen kuin edes tiedämme sen olemassaolosta.⁵¹⁶

Suomen nykyinen kasvillisuus tunnetaan melko hyvin, mutta muinaiset kasvilajit ja niiden ominaisuudet ovat huomattavasti heikommin tunnettuja. Yksi syy tähän on se, että suurin osa Suomen varhaisista kasvikoelmista tuhoutui Turun palossa vuonna 1827. Tämän vuoksi vertailevaa tutkimusta esimerkiksi siitä, millaisia nykykasvit ovat suhteessa muinoin kasvaneisiin tai jopa sukupuuttoon kuolleisiin lajeihin, voidaan tehdä tavallisesti vain

Turun palon jälkeen kasvaneilla yksilöillä. Näin ollen tietoa siitä, millaisia kasvit olivat ja mitä kasveja Suomessa kasvoi esimerkiksi viisisataa tai tuhat vuotta sitten, ei ole kovin laajasti saatavilla.⁵¹⁷

Vaikka varhaiset kasvikoelmat tuhoutuivat Turun palossa, voi tietoa varhaisemmista kasveista saada museoiden kokoelmissa olevista arkeologisista ja historiallisista kasvinäytteistä. Arkeologiset näytteet ovat arkeologisilta kaivauksilta kerätyistä maanäytteistä talteen otettuja kasvien osia, kuten siemeniä, joita säilytetään näyteputkissa kuivattuina tai etanoliin säilöttyinä. Arkeologisten kasvinäytteiden ikä voi vaihdella jääkauden jälkeisestä ajasta aina 1800-luvulle. Historialliset näytteet puolestaan ovat pääasiassa alle kaksisataa vuotta vanhoja.⁵¹⁸ Museoiden ja tutkimuslaitosten kokoelmiin historialliset kasvinäytteet on talletettu yleensä paperille asetettuina, präsänttyinä ja kuivattuina kokonaisina kasveina (kuva 9.1).

Suomen maatalouden kehityksessä tapahtui murros 1800-luvun lopulla ja 1900-luvun alussa, kun viljeltyjä kasveja, kuten ravinto-, rehu- ja koristekasveja, ryhdyttiin jalostamaan. Kasvinjalostuksessa pyrittiin valinnan, risteytyksen ja muin kasvinjalostuksen keinoin kehittämään sekä luonnonvaraisista kasveista että jo viljelyksessä olleista **maatiaiskannoista** tai **-lajikkeista** paremmin (pelto)viljelykseen sopivia ja enemmän satoa tuottavia. Maatalous tehostui jalostuksen lisäksi myös parempien koneiden ja lannoitteiden myötä. Viimeistään 1950-luvun kuluessa **maatiaiskasvien** aika alkoi olla ohi, sillä niitä viljeltiin yhä vähemmän jalostettujen lajikkeiden yleistyessä.⁵¹⁹

Maatiaiskasvien käsite juontaa juurensa 1800-luvun lopulta, mutta maatiaiskantoja on ollut olemassa jo varhain – aina niistä ajoista lähtien, kun ihminen alkoi ottaa luonnonvaraisia kasveja hyötykäyttöön. Maatiaiskasvit ovat viljelykasveja, joita ei ole tieteellisesti jalostettu, ja jotka ovat sopeutuneet paikallisiin olosuhteisiin pitkäaikaisen viljelyn ja viljelijöiden tekemän valinnan kautta.

Maatiaiskanta eli paikalliskanta on viljelykasvin luonnonvaraisen **kantamuodon** kaltainen maatiaiskasvi, joka on sopeutunut paikallisiin kasvuolosuhteisiin. Maatiaislajike eli paikallislajike puolestaan on pidempiaikaisen

517 Suominen & Hämet-Ahti 1993; Lempiäinen-Avcı 2022

518 esim. Raxworthy & Tilston Smith 2021

519 Heinonen 2009: 30



Kuva 9.1. Kasvinäytteet talletetaan prässättyinä ja kuivattuina paperille asetettuna yhdessä löytöpaikkaa ja- aikaa koskevien tietojen kanssa. Kuvassa on kuusitahoinen ohra, joka on kerätty elokuussa vuonna 1917 Kangasalta. Näyte on Turun yliopiston kasvimuseon kokoelmassa. Kuva: Nelly Llerena.

viljelyn ja sukupolvien mittaisen valinnan tulos. Se on peräisin maataiskannasta, mutta muuntunut paikallisesti tunnistettavaksi maataiskasviksi. Maataiskasvit ovat tieteellisesti jalostamattomia viljelykasveja, jotka voivat olla maataiskantaa tai -lajiketta.⁵²⁰ **Maataislajit** taas ovat viljeltyjä kasveja, jotka lisääntyvät, kun viljelijä säästää osan sadon siemenistä tai jyvästä toistuvasti myöhempään kylvöön.

Arkeologisista ja historiallisista kasvinäytteistä, jotka siis edustavat maataiskantoja eli aikaa ennen 1950-lukua, voidaan tutkia kasvien geneettisiä ominaisuuksia muinais-DNA-tutkimuksen avulla. Satoja tai tuhansia vuosia sitten eläneistä kasveista tehtävät geneettiset tutkimukset ovat vastaavia, joita tehdään myös nykykasvillisuudesta.⁵²¹

DNA:n emäskoostumus ja -järjestys ovat geneettisen tutkimuksen perusta. Geenit määrittelevät kasvin ominaisuudet, kuten kukan värin. Saman lajin eri yksilöiden välillä voi olla vaihtelua, eli yksilöiden geenien emäsjärjestyksissä on eroja. Näin ollen saman lajin yksilöiden DNA on toisistaan poikkeava. Geneettisen tutkimuksen perustana on, että tietyn kasvilajin geneejiä voidaan tunnistaa vertaamalla niiden DNA:ta johonkin jo tunnetun toisen kasvilajin DNA:han. Mitä enemmän tutkitulla kasvilajilla on perimässään yhtäläisyyksiä jonkin toisen kasvilajin kanssa, sitä läheisempää sukua ne ovat. Vastaavasti, mitä enemmän eroja niiden välillä on, sitä kaukaisempia sukulaisia ne ovat keskenään. Vertaamalla eroja ja yhtäläisyyksiä voidaan tehdä päätelmiä siitä, miten kasvin evoluutio on tapahtunut.

Kasveista voidaan siis tutkia, mikä laji on kyseessä, ja lisäksi millaisia piirteitä sillä on, miten se on kehittynyt ja miten se eroaa jostakin toisesta lajista. Kasvien evoluution tutkiminen on myös ihmisen historian tutkimusta. Kasveista tehdyt muinais-DNA-tutkimukset ovat jo nyt antaneet vastauksia kysymyksiin siitä, miten ihminen on eri aikoina vaikuttanut luonnonympäristöön (ks. luku 8) sekä missä, milloin ja miten tapahtui siirtyminen metsästyksestä ja keräilystä paimentolaisuuteen ja maanviljelyyn.⁵²²

520 Heinonen et al. 2014

521 Orlando et al. 2021

522 Brown et al. 2015

Miten muinaisia kasveja tutkitaan?

Perinteisesti muinaisten kasvien tutkimuksessa yhdistyvät arkeologia ja kasvitiede, jolloin tutkimusala kutsutaan arkeobotaniikaksi tai paleoetnobotaniikaksi.⁵²³ Toisaalta tutkimuksessa voivat yhdistyä myös geologia ja kasvitiede, jolloin alaa kutsutaan paleobotaniikaksi, ilman *etnos*-liitettä. Arkeobotaniikassa tutkitaan aina ihmiseen liittyviä ilmiöitä. Vain harvoin on kokonaista arkeologista kasvia säilynyt tutkittavaksi, joten arkeobotaniikka keskittyy tutkimaan muun muassa sellaisia siemeniä, jyviä, lehtiä, hedelmiä, juurimukuloita ja puuta, jotka ovat säilyneet suotuisissa oloissa satoja tai jopa tuhansia vuosia. Tutkittavat kasvijäänteet ovat peräisin erilaisista ihmisen muokkaamista ympäristöistä, esimerkiksi asuinpaikoilta tai haudoista. Paleobotaniikassa puolestaan tutkitaan luonnon omin ehdoin tapahtuvia ilmiöitä, joihin ihminen ei ole ollut vaikuttamassa tai vaikutus on ollut hyvin vähäistä. Paleobotaniikan tutkimuskohteena ovat useimmiten siitepölyt (kuva 9.2), toisinaan myös fytoliitit. Fytoliitit ovat kasvien sisälle syntyviä, kasvin rakenteita jäljitteleviä mikroskooppisia ”kiviä”, jotka ovat usein ominaisia tietyille kasvilajille.⁵²⁴

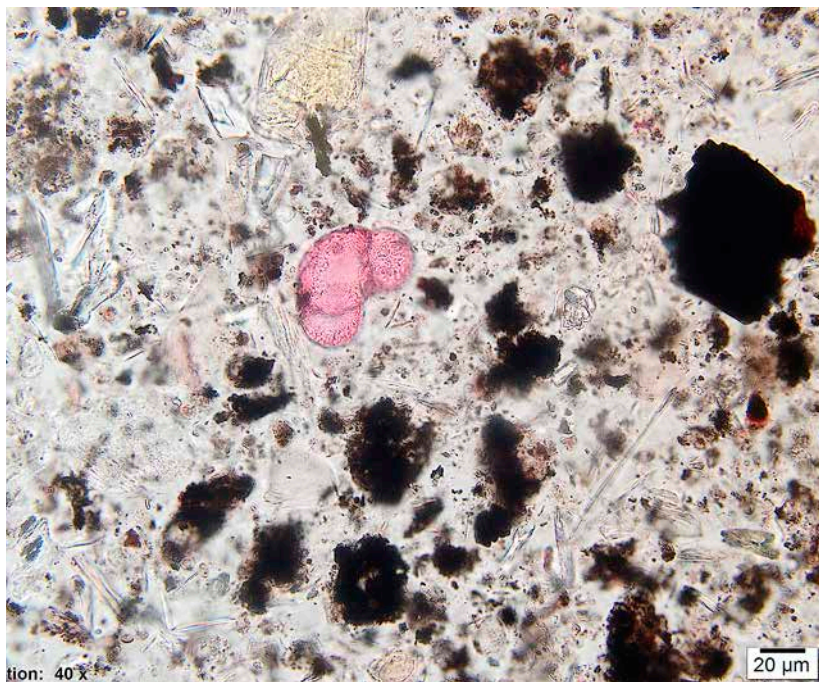
Tässä luvussa kasvijäänteillä tarkoitetaan siemeniä ja jyviä, sillä siitepölyt ja fytoliitit muodostavat erilaisen aineiston. Usein näitä maassa säilyneitä kasvien osia kutsutaan **makrofossiileiksi**. Niiden tutkimus on perinteisesti pohjautunut **morfologisiin** eli muotoon ja ulkoasuun liittyviin piirteisiin. Jokaisella kasvilajilla on omannäköisensä siemenet, eli siemenen koko, muoto, väri, pinta- ja solurakenne ovat jokaiselle kasvilajille yksilölliset.⁵²⁵ Näiden lajityypillisten ominaisuuksien perusteella voi erottaa esimerkiksi vadelman siemenen sen lähisukulaisesta karhunvatukasta (kuva 9.3). Aina kasvilajin määritys ei kuitenkaan ole luotettava tai edes mahdollinen, etenkin jos siemen on hajonnut ja siitä on jäljellä vain pieni murunen. Silloin muinais-DNA-tutkimuksesta voi olla apua.

Muinais-DNA:ta on mahdollista eristää mistä tahansa säilyneistä kasvien osista, kuten siemenistä, jyvistä, lehdistä, neulasista, nupuista, silmuista tai puusta. DNA:lla on kuitenkin harmillinen piirre: se hajoaa herkästi erilaisten

523 Renfrew 1973

524 Piperno 2006

525 Renfrew 1973



Kuva 9.2. Siitepölyt kuuluvat paleobotaniikan tutkimuskoh-teisiin. Punaiseksi värjättyä männyn siitepölyä Pälkäneen Rauniokirkon 1800-luvulle ajoittuvasta haudasta 13/2022. Kuva: Sanna Pätsi.

Kuva 9.3. Siemenet voidaan määrittää lajilleen niiden koon, muodon ja pintarakenteen perusteella. Ylhäällä vadelman ja alhaalla karhunvatukan siemen. Molemmat siemenet ovat löytyneet Kotkan Ruotsinsalmen merilinnoituksesta ja ajoittuvat arkeologisen kontekstin perusteella 1800-luvulle. Kuva: Mia Lempiäinen-Avci.

ympäristökijöiden seurauksena (ks. luku 1). Makrofossiilit ovat säilyneet nykypäiviin joko hiiltyneinä tai hiiltymättöminä, mutta tulen kanssa tekemisiin joutunut, hiiltynyt makrofossiili ei yleensä sisällä tarpeeksi DNA:ta analysoitavaksi, sillä palaminen hävittää eloperäistä ainesta. Parhaiten muinais-DNA:ta on jäljellä hiiltymättömissä makrofossiileissa, jotka ovat säilyneet joko kylmissä ja kuivissa olosuhteissa, kuten ikiroudassa, jäätiköillä, aavikoilla, luolissa tai vähähappisissa ja kosteissa ympäristöissä, kuten vesistöissä tai kaivoissa.⁵²⁶ Myös mineralisoituneet tai esimerkiksi muinaiseen pihkaan tallentuneet kasvijäänteet voivat olla sellaisia tutkimuskohteita, joissa DNA:ta saattaa olla säilynyt. Maailmalla on saatu erinomaisia tuloksia tuhansia vuosia sitten pihkaan tallentuneista hyönteisistä, joista on saatu eristettyä DNA:ta.⁵²⁷

Myös ulosteet ovat hyviä lähteitä kasvien muinais-DNA:n tutkimiseen, sillä kasvit ovat kautta aikojen kuuluneet ihmisten ruokavalioon. Kotkan Ruotsinsalmen merilinnon **latriinissa** oli säilynyt 1850-luvun pökäleitä, joissa erityisesti siemenet ovat säilyneet niin hyvin, että sotilaiden ruokavalio on saatu niiden avulla selvitettyä. Tutkimusten mukaan sotilaat söivät muun muassa kauraa ja hirssiä sekä erilaisia marjoja (kuva 9.3).⁵²⁸ Ruotsinsalmen linnon ulosteista voisi todennäköisesti eristää myös DNA:ta, jolloin käsitystä sotilaiden ruokavaliosta saataisiin tarkennettua entisestään.

Ympäristöstä peräisin olevan, esimerkiksi nykyaikaisen siitepölyn mukana kulkeutuvan DNA:n päätyminen samaan näytteeseen muinaisen DNA:n kanssa on näytteenotossa estettävä niin hyvin kuin mahdollista. Tämän vuoksi arkeologisilla kaivauksilla otettavat kasvien DNA-näytteet olisi parasta ottaa joko kairaamalla tai vaihtoehtoisesti suoraan näyteputkeen tutkimusalueen seinämän profilista. DNA:n heikon säilyvyyden vuoksi arkeologisten kaivausten yhteydessä talteen otetut kasvien jäänteet on heti maasta nostamisen jälkeen varastoitava kylmässä ja mieluiten pakastettava, jotta kasvin arvokas DNA ei katoa.⁵²⁹

Haastavuutensa vuoksi muinaisten kasvien DNA-tutkimus on toistaiseksi saanut varsin vähän huomiota verrattuna muinaisten ihmisen tai eläinten DNA-tutkimuksiin. Kasvien muinais-DNA-tutkimuksilla on kuitenkin

⁵²⁶ Wales & Kistler 2019

⁵²⁷ Büsse et al. 2017, ks. myös Peris et al. 2020

⁵²⁸ Lempiäinen-Avcı & Kyryri 2017

⁵²⁹ Thibault et al. 2022



Kuva 9.4. Hiiltyneitä ohran jyvää 1700-luvulta Porvoosta. Kuva: Mia Lempiäinen-Avci.

selvitetty esimerkiksi kasvien alkuperää, kasvien **domestikaatiota** luonnonkasveista hyötykasveiksi, domestikaation vaikutuksia monimuotoisuuteen sekä kasvien levittäytymistä eri alueille. Suurin osa maailmalla tehdyistä kasvien muinais-DNA-tutkimuksista on keskittynyt hyötykasvien, kuten viinirypäleen, vehnän, riisin ja maissin geneettisen perimän selvittämiseen.⁵³⁰

Suomessa muinais-DNA-tutkimusta arkeologisesta kasviaineistosta on tehty toistaiseksi vain kerran: tutkimuskohteena oli suomalaisille kautta historian tärkeässä roolissa ollut ohra (kuva 9.4). Sen geneettistä perimää tutkittiin noin tuhat vuotta vanhoista hiiltyneistä jyvistä, jotka olivat löytyneet Raision Mullista, Espoon Mankbystä, Pirkkalan Tursiannotkosta ja Hattulan Retulansaaresta sekä 1870-luvulla museoon talletetuista kuivana säilytetyistä kasvinäytteistä.⁵³¹ Tutkimuksella haluttiin saada tietoa Suomen varhaisesta viljelyhistoriasta ja sen muutoksista kautta aikojen. Ennen kuin tarkastellaan ohraa saatuja tutkimusten tuloksia, luodaan katsaus siihen, miten ihminen on muuttanut kasvien geneettistä perimää jo tuhansien vuosien ajan.

530 esim. Schlumbaum et al. 1998; Jones & Brown 2000; Doebley 2004; Bouby et al. 2021

531 Lempiäinen-Avci 2019; Lempiäinen-Avci et al. 2020

Ihmisen vaikutus kasveihin ja niiden geneettiseen perimään

Ihmiset ovat muuttaneet luonnonympäristöä, vaikuttaneet luonnon monimuotoisuuteen ja hyödyntäneet kasvillisuutta kautta aikojen. Varhaisin kasvien hyödyntämisen muoto oli keräily, jossa ravintoa saatiin luonnonympäristön kasvillisuudesta. Ihmiset keräsivät yksivuotisia, luonnonvaraisia kasveja ravinnoksi, lääkkeeksi, polttoaineeksi, rakennustarpeiksi ja kuiduiksi. Joitain luonnonvaraisia kasveja ryhdyttiin kylvämään valituille kasvupaikoille – valintakriteerinä olivat ulkonäkö, viljelyominaisuudet ja kenties myös maku. Näitä luonnonvaraisia, tietynlaisen perimän omaavia kasveja kylvettiin maille, joita oli mahdollisesti muokattu ja joilta muu kasvillisuus oli poistettu näiden halutumpien kasvien tieltä. Kasvupaikat olivat pieniä laikkuja, mutta voidaan jo puhua varhaisesta viljelystä.

Tämän vaatimattoman ja pienimuotoisen varhaisen viljelyn jälkeen alkoi näiden kasvien tarkoituksellinen viljelykasviksi jalostaminen eli domestikaatio. Tässä vaiheessa kasvien hyviä ja toivottuja ominaisuuksia suositettiin, ja villeistä luonnonkasveista saatiin kehitettyä isompia siemeniä ja runsaampia satoja tuottavia kasveja. Viljely ja kasvien domestikaatio olivat alkuvaiheissaan luultavasti oppimista erehdyksen ja yrittämisen kautta. Joidenkin kasvien domestikaatio onnistui, kun taas toiset hylättiin, ja ne jäivät edelleen kasvamaan villoin. Jossakin toisaalla taas saman kasvin domestikaatio onnistui, ja kasvista tuli osa ravintotaloutta.⁵³²

Domestikaation myötä kasvin perimässä alkoi tapahtua muutoksia. Esimerkiksi viljeltyjen heinäkasvien, kuten vehnän ja ohran, evoluutiota domestikaatio muutti merkittävästi. Myös peltojen muokkaaminen kasville suotuisaksi edesauttoi viljellyn kasvin jyvien itämistä ja kasvua. Ajan kuluessa jyvien koko kasvoi, ja ne kehittyivät niin, että ne eivät irronneet tähkästä herkästi. Tämä domestikaation myötä kehittynyt geneettinen ominaisuus estää siementen luonnollisen leviämisen ja antaa ihmisille mahdollisuuden korjata ja kerätä siemenet optimaaliseen aikaan, eli koko sato voidaan kerätä yhdellä kertaa talteen. Luonnonvaraisilla muodoilla siemenet levisivät eriaikaisesti ja monin eri tavoin, ja niiden itämis- ja kasvuolosuhteet saattoivat olla muokkaamattomilla mailla heikot. Lisäksi

⁵³² Weiss et al. 2006; Zohary et al. 2012

luonnonvaraisten kasvien siementen kerääminen oli haastavaa, kun siemenet irtosivat tähkästä herkästi eikä niiden kerääminen tiettyyn aikaan ollut mahdollista.⁵³³

Kasvien viljelykasveiksi jalostaminen merkitsi merkittävää käännettä ihmiskunnan kehityksessä, sillä se mahdollisti siirtymisen metsästäjä-keräilijä- ja paimentolaisyhteisöistä **sedentaarisiin** maatalousyhteiskuntiin. Varhaisimmat kasvit, joita ryhdyttiin jalostamaan luonnonvaraisista muodoista viljelykasveiksi, olivat jo aiemmin mainittujen vehnän ja ohran lisäksi linssi, herne, kikherne ja pellava. Näiden kasvien domestikaatio tapahtui Lähi-idässä noin 11 500 vuotta sitten. Esimerkiksi Kreikkaan viljan viljely levisi noin 8 000 vuotta sitten ja Saksaan noin 7 000 vuotta sitten.⁵³⁴ Varhaisimmat merkit viljelystä Suomessa ajoittuvat tämänhetkisen tiedon mukaan kivikaudelle, noin vuoteen 2 300 eaa.⁵³⁵ Nämä varhaisimmat merkit viljelystä ovat Turusta Niuskalan ja Riihivainion kivikautisilta asuinpaikoilta, joista on löydetty ohran jyviä arkeologisten tutkimusten yhteydessä. Ohran kasvupaikat ovat sijainneet aurinkoisilla, hiekkaisilla etelärinteillä, joilla on ollut suotuisat kasvuolosuhteet.⁵³⁶ Suomessa ohralla on kautta aikojen ollut suuri merkitys oluenpanossa ja ruokataloudessa, joten siksi sen geneettinen tutkiminen on kiinnostavaa. Millaisia sitten olivat nämä varhaiset ohrat ja mitä niistä voidaan saada selville esimerkiksi DNA-tutkimuksilla?

Maataisohran geneettiset tutkimukset

Ohraa on viljelty Suomessa ja muuallakin Pohjois-Euroopassa tuhansia vuosia. Ilmasto-olosuhteet, valon määrä ja valoisan ajan pituus sekä maaperän ominaisuudet vaihtelevat maantieteellisesti, joten nämä tekijät ovat johtaneet aikojen kuluessa ohran sopeutumiseen eri alueilla vallinneisiin oloihin. Geneettisillä tutkimuksilla voidaan selvittää ohran monimuotoisuutta ja levinneisyyttä sekä lisäksi saada tietoa eri alueilla esiintyvien ohrapopulaatioiden sukulaissuhteesta toisiinsa. Muinais-DNA-tutkimukset voivat

⁵³³ Weiss et al. 2006

⁵³⁴ Weiss et al. 2006

⁵³⁵ Lempiäinen-Avci et al. 2024

⁵³⁶ Lempiäinen-Avci et al. 2024

myös selventää ohran varhaista levinneisyyttä ja valottaa ohran varhaisten muotojen eli maatiaislajikkeiden alkuperää.

Ennen ohran viljelyä ihmiset keräsivät luonnosta villiohnan jyviä ravinoksi. Kuten jo aiemmin on todettu, luonnonvaraisena kasvavan heinäkasvin, kuten villiohnan, tähkä katkeaa jyvien kypsyttyä, mikä tekee jyvien keräilystä varsin hankalaa ja työlästä. Viljellyssä ohrassa tätä ongelmaa ei ole. Viljellyssä ohrassa tapahtui tähkän vahvistumisen myötä muitakin geneettisiä muutoksia, nimittäin kaksitahoisesta villiohrasta kehittyi monitahoisia ohria, joiden tähkässä on jyviä neljässä tai kuudessa rivissä. Lisäksi ohra voi olla joko paljasjyväistä eli kuoretonta tai kuorellista, jolloin jyvää ympäröivät helpeet. Varhaisimmat viljeltyt ohrat Suomessa ovat olleet sekä kuoretonta että kuorellista tyyppiä. Molempia on löytynyt arkeologisissa tutkimuksissa kivikauden lopulle noin 4300 vuotta sitten ajoituvilta edellä mainituilta asuinpaikoilta Turun seudulta.⁵³⁷

Vuonna 2018 tehdyssä suomalaisessa muinais-DNA tutkimuksessa aineisto koostui noin tuhat vuotta vanhoista hiiltyneistä ohranjyvistä. Niiden lisäksi tutkittiin historiallisia ohranäytteitä Turun ja Helsingin yliopistojen kasvimuseoissa sijaitsevista kasvikokoelmista eli herbaarioista sekä Ruotsin kulttuurihistoriallisen museon siemenkokoelmasta. Tutkimuksissa kävi ilmi, että hiiltyneistä arkeologisista jyvistä saadut DNA-pitoisuudet olivat liian alhaisia, eli geneettistä tietoa ei ole säilynyt jyvissä riittävästi.⁵³⁸ Tulos vahvisti jo aiemmin raportoidut vaikeudet muinais-DNA:n säilyvyydessä hiiltyneen aineiston kohdalla.

Herbaarioista ja siemenkokoelmista saadut historialliset näytteet sen sijaan antoivat tuloksia, sillä kuivana säilytetyissä ohranäytteissä geneettistä tietoa oli säilynyt. Tutkimukset vahvistivat aiemmin osoitetun vahvan geneettisen eron kaksirivisen ja kuusirivisen ohran välillä. Tulokset lisäksi osoittivat, että suomalainen kuusitahoinen ohra, tähtiohra, on voimakkaasti keskittynyt tietyille maantieteellisille alueille, kun taas nuorempaa ja harvemmin viljeltyä kaksitahoista ohraa on viljelty tasaisesti maan eri osissa. Geneettisten analyysien perusteella näyttää lisäksi siltä, että molemmat ohratyytit ovat myöhään kukkivia lajikkeita, joiden sato kypsyy melko myöhään syyskesällä. Tutkimukset paljastivat myös, että kuusitahoinen

⁵³⁷ Lempiäinen-Avci et al. 2024

⁵³⁸ Lempiäinen-Avci et al. 2020

ohra on aikojen kuluessa sopeutunut pohjoiseen maaperään, ilmastoon ja valoon, ja se on siten todennäköisesti Suomessa jo kauan viljelyssä ollutta tyyppiä. Sen sijaan kaksitahoinen ohra ei osoittanut selkeää sopeutumista Suomen oloihin, ja se on todennäköisesti ollut vähemmän aikaa viljelyssä.

Viljelykasvien muinais-DNA:n tutkimisen merkitys

Ohran ohella myös ruis (*Secale cereale*) on ollut jo muinoin merkittävä vilja Suomessa. Suomessa kasvavasta rukiista tiedetään geneettisten tutkimusten perusteella, että se on sopeutunut pohjoisiin sääoloihin ja sen perimä poikkeaa muualla Euroopassa kasvavista rukiista. Tiedetään myös, että pohjoisessa kasvavan rukiin perimä on säilynyt melko muuttumattomana vuosisatojen ajan.⁵³⁹ Rukiin historia Suomessa on mielenkiintoinen, sillä varhaisimmat rukiin jyvät on löydetty Paimion Spurilan arkeologiselta kohteelta ja ne ajoittuvat noin 100 eaa.–100 jaa. väliselle ajalle.⁵⁴⁰ Tuolloin ruis on todennäköisesti kasvanut ohrapellossa rikkakasvina. Vasta noin 1000-luvulta jaa. alkaen ruista on viljelty tarkoituksella, sillä tuolloin sen määrä arkeologisissa löydöissä kasvaa. Ruista on löydetty noin tuhat vuotta vanhoista haudoista Mikkelin Tuukkalasta ja Turun (ent. Kaarinan) Kirkkomäestä,⁵⁴¹ joten sillä on saattanut olla statusarvoa silloin kun sen varsinainen merkitys ruokapöydässä oli vielä vähäinen. Espoon Mankbyn keskiaikaisen kylän tutkimuksissa selvisi, että Mankbyssä ruis on ollut eniten viljelty vilja. Todennäköisesti ruista onkin viimeistään 1200-luvulta alkaen viljelty pelloissa pääviljana. Syynä rukiin suosioon on sen luotettavuus. Se on sopeutunut pohjoisiin sääolosuhteisiin ja menestyy huonommillakin mailla (kuva 9.5), kun taas ohra vaatii muokattua ja mielellään lannoitettua maata, minkä lisäksi ohra on myös herkempi sääolojen vaihteluille.⁵⁴²

Vehnälajeilla (*Triticum* spp.) on esihistoriallisena aikana ollut Suomessa samanlainen rooli ohran viljelyn rikkakasveina kuin rukiilla, sillä niiden määrä arkeologisissa löydöissä on hyvin niukka. Varhaisia vehnälajeja

539 Larsson et al. 2019

540 Seppä-Heikka 1986

541 ks. esim. Lempiäinen-Avci 2019 ja lähteet siinä

542 Lempiäinen-Avci et al. 2017



Kuva 9.5. Kaskipelloissa on viljelty eri viljoja. Rukiin kasvattaminen on onnistunut lajikkeesta riippuen myös huonommilla mailla. Kuva: Ulla Nordfors.

Suomessa ovat pölkyvehnä (*T. compactum*), emmervehnä (*T. dicoccum*) ja leipävehnä (*T. aestivum*), joita kaikkia on löytynyt edellä mainitun rukiin tapaan Paimion Spurilasta varhaiselta rautakaudelta.⁵⁴³ Suomessa eri vehnälajeilla ei esihistoriallisena aikana ollut kovin suurta suosiota todennäköisesti siksi, että vehnät ovat herkkiä kylmälle ja kasvitaudeille. Muualla maailmassa eri vehnälajit, kuten emmervehnä ja durumvehnä, ovat kuitenkin olleet merkittävä osa ruokavaliota jo tuhansia vuosia. Vehniä geneettisten tutkimusten perusteella arvellaan, että vehnälajeilla oli useita vaiheita domestikaatiossa. Eri vehnälajit ovat viihtyneet rinnakkain

⁵⁴³ Seppä-Heikka 1986

samoilla seuduilla vuosituhansia ja risteytyneet keskenään, jolloin on muodostunut uusia vehnälajeja. Osa lajeista menestyy paremmin lämpimissä ilmastoissa, kun toiset taas viihtyvät myös viileämmässä.⁵⁴⁴

Myös varhaisimmat kauran (*Avena sativa*) jyvät Suomesta ovat löytyneet Paimion Spurilasta. Alkuaikoina kaura on ollut rikkakasvi kuten ruis ja vehnä. Kauraa on todennäköisesti alettu viljellä vasta keskiajalla, silloinkin lähinnä hevosten rehuksi, eli ihmisravintona sitä ei käytetty. Ruotsissa on tehty 1400–1700-luvuille ajoittuvista kaurista geneettisiä tutkimuksia, jotka ovat osoittaneet, että muinaisilla maatiaislajikkeilla on geneettistä samankaltaisuutta sekä historiallisten että nykyisten lajikkeiden kanssa.⁵⁴⁵ Tämä tarkoittaa siis sitä, että kauran lajiominaisuuksia ei ole muutettu, sillä vanhat lajikkeet ovat sopeutuneet paikalliseen kasvuympäristöönsä, eikä tästä ominaisuudesta ole haluttu luopua. Kauran maatiaislajikkeet ovat muutenkin olleet varsin monimuotoisia, mutta jalostuksen myötä tämä kirjo on kadonnut.⁵⁴⁶

Edellä on esitetty Suomessa kasvavien ja ruokavaliossamme tärkeiden viljakasvien arkeologisia ja geneettisiä tietoja. Muinaisten kasvien ominaisuuksien ja viljelyyn sopeutumisen tunteminen on tärkeää, sillä näitä tietoja voidaan hyödyntää kasvinjalostuksessa esimerkiksi uusia lajikkeita jalostettaessa. Uudet kasvilajikkeet voivat menestyä muuttuvassa ilmastossa, ja ne voivat vastata mahdollisiin tulevaisuuden ruuantuotannon haasteisiin. Uusien lajikkeiden avulla voidaan vauhdittaa viljelyyn sopeutumista vuosikymmenillä tai jopa vuosisadoilla. Mutta keitä olivat ihmiset, jotka jo varhain koettivat saada elantonsa myös maata viljelemällä?

Muinaisten kasvien tutkimus on myös ihmisen menneisyyden tutkimusta

Ennen maanviljelyn alkua ihmiset saivat elantonsa metsästyksestä, kalastuksesta ja luonnon antimien keräilystä. Arkeologisista ihmisten luista tehtyjen muinais-DNA-tutkimusten perusteella tiedetään, että Euroopan ihmispopulaatiossa tapahtui suuria muutoksia samoihin aikoihin, kun ensimmäiset

⁵⁴⁴ Iob et al. 2024

⁵⁴⁵ Iob et al. 2024

⁵⁴⁶ Raud Westberg 2021

merkit maanviljelystä ilmestyvät arkeologiseen aineistoon. Vaikuttaa siltä, että maanviljely levittäytyi Eurooppaan kivikaudella ainakin osittain uusien tulokkaiden mukana (ks. luku 3).

Suomessa toistaiseksi varhaisimmat merkit viljelystä ovat Turusta noin 4300 vuoden takaa.⁵⁴⁷ Ruotsin läntisissä osissa ensimmäiset merkit maanviljelystä ovat puolestaan noin viiden tuhannen vuoden takaa eli ajalta 4000–3300 eaa.⁵⁴⁸ Ahvenanmaalla maanviljely on puolestaan alkanut noin neljäntuhatta vuotta sitten eli vuosien 2600–2300 eaa. välillä. Turusta löytyneet varhaisimmat merkit maanviljelystä ovat noin ajalta 2340–1120 eaa., eli varsin pian sen jälkeen, kun viljely on aloitettu Ahvenanmaalla, on myös Manner-Suomen puolella ryhdytty viljelemään maata. Täyttä varmuutta maanviljelyn etenemistavoista ei kuitenkaan ole. Varsinais-Suomen arkeologisissa löydöissä on havaittavissa skandinaavista esineistöä samaan aikaan kun viljely on aloitettu, mutta ei tiedetä, tulivatko ensimmäiset maata viljelevät ihmiset Skandinaviasta vai saatiinko skandinaavisten kauppiaiden tai ystävien välityksellä ainoastaan siemenviljaa ja tietoa maanviljelystä.

Suomessa tarvitaan vielä lisää arkeobotanisia tutkimuksia, jotta maanviljelyn alkuvaiheista ja varhaisista viljelyistä lajeista saadaan lisätietoa. Arkeologista kasvitutkimusta tehdään usein arkeologisten kaivausten yhteydessä, minkä vuoksi tutkimustulokset painottuvat sellaisiin paikkakuntiin ja alueisiin, joissa kaivauksia on tehty runsaasti. Tulevaisuudessa tutkimuksia olisi tarpeen tehdä Suomen eri osissa alueellisten erojen selvittämiseksi. Lisäksi tarvitaan vielä tarkempia tutkimuksia eri hyötykasveista ja niiden historiasta.

Kasvien muinais-DNA-tutkimuksen avulla on mahdollista saada tietoa menneisyyden ihmisen jokapäiväisestä elämästä, taloudesta, ruokavaliosta, ympäristöstä, sopeutumisesta sekä ihmisen tekemästä varhaisesta jalostusvalinnasta, luonnonvalinnasta ja maankäytöstä. Tämän lisäksi kasvien **geneettisen monimuotoisuuden** tunteminen voi tuottaa ratkaisuja ilmastonmuutokseen ja luontokatoon liittyviin kriiseihin. Tuntemalla menneisyyttä on mahdollista paremmin ymmärtää ja suojella yhteistä tulevaisuuttamme.

⁵⁴⁷ Lempiäinen-Avci et al. 2024

⁵⁴⁸ Vanhanen et al. 2019

Tutkimuskirjallisuus

- Bouby, L., Wales, N., Jalabadze, M., Rusishvili, N., Bonhomme, V. *et al.* 2021. Tracking the history of grapevine cultivation in Georgia by combining geometric morphometrics and ancient DNA. *Vegetation History and Archaeobotany* 30: 63–76. <https://doi.org/10.1007/s00334-020-00803-0>
- Brown, T. A., Cappellini, E., Kistler, L., Lister, D. L., Oliveira, H. L. *et al.* 2015. Recent advances in ancient DNA research and their implications for archaeobotany. *Vegetation History and Archaeobotany* 24: 207–214. <https://doi.org/10.1007/s00334-014-0489-4>
- Doebley, J. 2004. The genetics of maize evolution. *Annual Review of Genetics* 38: 37–59. <https://doi.org/10.1146/annurev.genet.38.072902.092425>
- Büsse, S., von Grumbkow, P., Mazanec, J., Tröster, G., Hummel, S. *et al.* 2017. Note on using nuclear 28S rDNA for sequencing ancient and strongly degraded insect DNA. *Entomological Science* 20: 137–141. <https://doi.org/10.1111/ens.12242>
- Heinonen, M. 2009. *Maataiskasvit Suomessa 1900-luvun alussa*. Teoksessa: Heinonen, M. (toim.) *Maataiskasvien ylläpitoviljely Suomessa*: 25–58. Jokioinen: Maa- ja elintarviketalouden tutkimuskeskus.
- Heinonen, M., Fitzgerald, H., Veteläinen, M. & Korpelainen, H. 2014. Suomalaisten maataiskasvien ja viljelykasvien luonnonvaraisten sukulaislajien in situ -suojelustrategioiden valmisteleminen. Teoksessa: Kiviharju, E. (toim.) *Viljelykasvien geenivarat talteen ja käyttöön: Suomen kansallisen kasvigeenivaraohjelman 10-vuotisjubilaseminaarin (29.8.2013) satoa*: 68–70. MTT Raportti 139.
- IPBES 2019. Global assessment report on biodiversity and ecosystem services of the intergovernmental science-policy platform on biodiversity and ecosystem services (versio 1). Zenodo. <https://doi.org/10.5281/zenodo.6417333>
- Iob, A., Scott, M. F. & Botigué, L. 2024. Ancient wheat genomes illuminate domestication, dispersal, and diversity. Teoksessa: Appels, R., Eversole, K., Feuillet, C. & Gallagher, D. (toim.) *The wheat genome. Compendium of plant genomes*: 113–134. Cham: Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-031-38294-9_7
- Jones, M. & Brown, T. A. 2000. Agricultural origins: the evidence of modern and ancient DNA. *The Holocene* 10(6): 769–776. <https://doi.org/10.1191/09596830095024>
- Larsson, P., Oliveira, H. R., Lundström, M., Hagenblad, J., Lagerås, P. *et al.* 2019. Population genetic structure in Fennoscandian landrace rye (*Secale cereale* L.) spanning 350 years. *Genetic Resources and Crop Evolution* 66: 1059–1071. <https://doi.org/10.1007/s10072-019-00770-0>
- Lempiäinen-Avci, M. 2019. *Plant remains in archaeology. A multidisciplinary approach to cultivation, consumption, trade and migration of economic plants in Southern Finland AD 1000–1900*. Annales Universitatis Turkuensis, Biologica – Geographica – Geologica A2 351. Turku: University of Turku.
- Lempiäinen-Avci, M. 2022. Archaeobotany – a tool to explore the past. Teoksessa: Halinen, P., Heyd, V. & Mannermaa, K. (toim.) *Oodeja Mikalle – Odes to Mika – Оды Мике: Festschrift for Professor Mika Lavento on the occasion of his 60th birthday*. Monographs of the Archaeological Society of Finland 10: 262–267. Helsinki: Suomen arkeologinen seura.
- Lempiäinen-Avci, M., Haggren, G., Rosendahl, U., Knuutinen, T. & Holappa, M. 2017. Archaeobotanical analysis of radiocarbon-dated plant remains with special reference to *Secale cereale* (rye) cultivation at the medieval village of Mankby in Espoo (Finland). *Vegetation History and Archaeobotany* 26: 435–446. <https://doi.org/10.1007/s00334-017-0604-4>
- Lempiäinen-Avci, M. & Kyryri, M. 2017. 18th century sea fortress of Ruotsinsalmi, Kotkansaari in Finland. Archaeological finds and archaeobotanical data of log latrine. *Estonian Journal of Archaeology* 21(1): 30–51. <https://doi.org/10.3176/arch.2017.1.02>
- Lempiäinen-Avci, M., Lundström, M., Huttunen, S., Leino, M. W. & Hagenblad, J. 2020. Historic and archaeological materials as a means to explore Finnish crop history. *Environmental Archaeology* 25(1): 37–52. <https://doi.org/10.1080/14614103.2018.1482598>
- Lempiäinen-Avci, M., Pukkila, J., Bläuer, A., Pääkkönen, M. & Asplund, H. 2024. New evidence of late Neolithic and early Metal Period agriculture in Turku, southwest Finland. *Vegetation History and Archaeobotany* 34: 121–138. <https://doi.org/10.1007/s00334-024-01008-5>
- Orlando, L., Allaby, R., Skoglund, P., Der Sarkissian, C., Stockhammer, P. W. *et al.* 2021. Ancient DNA analysis. *Nature Reviews Methods Primers* 1: 14. <https://doi.org/10.1038/s43586-020-00011-0>
- Peris, D., Janssen, K., Barthel, H. J., Bierbaum, G., Delclòs, X. *et al.* 2020. DNA from resin-embedded organisms: Past, present and future. *PLoS One* 15(9): e0239521. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0239521>

- Piperno, D. R. 2006. *Phytoliths: a comprehensive guide for archaeologists and paleoecologists*. Lanham: AltaMira Press.
- Raud Westberg, A. 2021. *Exploring Swedish oat (Avena sativa). Genetic history from AD 1440 to today*. Master's thesis. Uppsala University and Stockholm University.
- Raxworthy, C. J. & Tilston Smith N. 2021. Mining museums for historical DNA; advances and challenges in museumics. *Trends in Ecology & Evolution* 36: 1049–1060. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2021.07.009>
- Renfrew, J. M. 1973. *Palaeoethnobotany. The prehistoric food plants of the Near East and Europe*. London: Methuen & Co Ltd.
- Schlumbaum, A., Tensen, M. & Jaenicke-Després V. 2008. Ancient plant DNA in archaeobotany. *Vegetation History and Archaeobotany* 17: 233–244. <https://doi.org/10.1007/s00334-007-0125-7>
- Seppä-Heikka, M. 1986. Grains and seeds from younger Roman Iron Age excavations in Spurila. *Iskos* 5: 460–461.
- Suominen, J. & Hämet-Ahti, L. 1993. *Kasvistomme muinaistulokkaat: tulkintaa ja perusteluja*. Kasvimuseo, Luonnontieteellinen keskusmuseo: Vammala.
- Thibauld, M., Martin, M. D. & Kidner, C. 2022. Palaeobotany. Teoksessa: de Boer, H. Rydmark, M. O., Verstraete, B & Gravendeel, B. (toim.) *Molecular identification of plants: from sequence to species*. Sofia: Pensoft Publishers. <https://doi.org/10.3897/ab.e98875>
- Vanhanen, S., Gustafsson, S., Ranheden, H. Björck, N. Kemell, M. et al. 2019. Maritime hunter-gatherers adopt cultivation at the farming extreme of Northern Europe 5000 years ago. *Scientific Reports* 9: 4756. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-41293-z>
- Wales, N. & Kistler, L. 2019. Extraction of ancient DNA from plant remains. Teoksessa: Shapiro, B., Barlow, A., Heintzman, P., Hofreiter, M., Pajmans, J., Soares, A. (toim.) *Ancient DNA. Methods in Molecular Biology, vol 1963*. New York: Humana Press. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9176-1_6
- Weiss, E., Kiselev, M. E. & Hartmann, A. 2006. Autonomous cultivation before domestication. *Science* 312: 1608–1610. <https://doi.org/10.1126/science.1127235>
- Zohary, D., Hopf, M. & Weiss, E. 2012. *Domestication of plant in the old world. The origin and spread of cultivated plants in West Asia, Europe and Nile Valley. 4th Edition*. Oxford University Press: Oxford. <https://doi.org/10.1093/acprof:osobl/9780199549061.001.0001>

10

Arkeogenetiikka eläinten evolutiivisen historian tutkimuksessa

Jouni Aspi

 <https://orcid.org/0000-0002-2451-3201>

Populaatioiden historiaa voidaan tutkia niiden nykyisen geneettisen koostumuksen pohjalta. Tutkimusta tehdään populaatiogeneettisillä simulaatiomenetelmillä, joiden kehitys on mahdollistanut menneisyydessä tapahtuneiden geneettisten muutosten ja populaatiokoon jäljittämisen niin ihmisillä kuin koti- ja luonnoneläimilläkin.⁵⁴⁹ Lähestymistavalla on kuitenkin rajansa: nykypäivänä otetut DNA-näytteet eivät välttämättä kerro lajin koko historiaa, koska mahdollisesti kadonneet sukulinjat eivät aina ole edustettuina nykyisissä populaatioissa. Simulaatioiden perusteella tehdyt päätelmät lajien evolutiivisesta historiasta voivat myös olla tulkinnanvaraisia, koska erilaiset **demografiset** historiat voivat jättää populaatioihin samanlaisia geneettisiä jälkiä tai ne voivat peittää toistensa vaikutuksia. Tämä pätee erityisesti **domestikoituihin** tai voimakkaasti hyödynnettyihin eläimiin, joiden populaatiokoot ovat pieniä. Tästä syystä ihmistoiminta sekä ilmaston ja ympäristön muutokset voivat vaikuttaa niihin voimakkaasti. Mahdollisten ajallisten geneettisten muutosten havaitsemiseksi tutkimuksissa tarvitaankin näytteitä eri aikakausilta.

Museonäytteistä, arkeologisista löydöistä ja fossiilisista jäännöksistä saatuun DNA:han perustuva tutkimus on mullistanut luonnonvaraisten

549 esim. Aspi et al. 2006: 1566–1570

eläinten ja kotieläinten evolutiivisen historian tutkimuksen. Vertailemalla historiallisia ja nykyaikaisia DNA-**sekvenssejä** tai muita geneettisiä **markkereita** tutkimuksissa on pystytty arvioimaan entistä paremmin, miten populaatioiden **geneettinen monimuotoisuus** ja populaatiokoko on muuttunut ajan mittaan. Eläimistä tehdyt muinais-DNA tutkimukset ovat myös lisänneet tietämystä kotieläinten sekä ihmisten elinkeinojen ja kulttuurihistorian muutoksista.

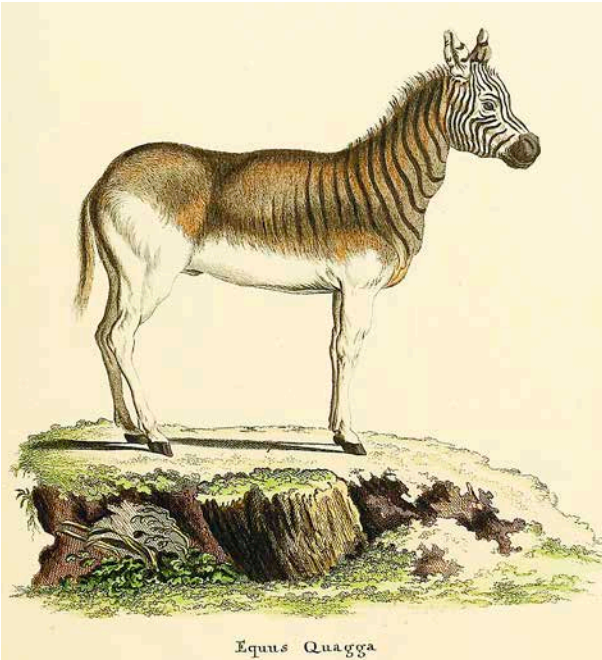
Muinais-DNA-tutkimuksen historia on varsin lyhyt. Alan Wilsonin tutkimusryhmä Kalifornian yliopistosta hankki vuonna 1984 saksalaisesta luonnontieteellisestä museosta näyttelyn hevoseläimiin (*Equidae*) kuuluvan kvaggan (kuva 10.1) nahasta. Vuonna 1883 sukupuuttoon kuollut kvagga (*Equus quagga quagga*) oli kotoisin Etelä-Afrikasta, ja sitä pidettiin aikanaan omana lajinaan, koska se poikkesi raidoitukseltaan muista seeproista. Nahanpalaseen kiinnittyneestä kuivuneesta lihaksesta ryhmä eristi DNA:ta ja määräitti lyhyen, 229 **nukleotidin** mittaisen **mitokondrio-DNA**-fragmentin emäsjärjestyksen. Sen avulla kvagga saatiin sijoitettua muiden hevoseläinten sukupuuhun,⁵⁵⁰ ja nykyisin kvaggaa pidetäänkin aroseepran alalajina. Kvaggan tutkimus synnytti kokonaan uuden tieteenalan: evolutiivisen arkeogenetiikan.⁵⁵¹ Nykyisin muinais-DNA:han perustuvien tutkimusten aikana on pidentynyt ensimmäisen tutkimuksen 101 vuodesta yli puoleen miljoonaan vuoteen, ja monien sukupuuttoon kuolleiden lajien – kuten mammuttien ja luolakarhujen – koko **genomi** on nykyisin sekvensoitu. Tämä on ollut seurausta teknologian kehityksestä, etenkin kehittyneempien DNA:n eristysmenetelmien ja uuden sukupolven sekventointimenetelmien (NGS) käyttöönotosta (ks. myös luku 1).⁵⁵²

Vaikka ensimmäisenä muinais-DNA-tutkimuksena pidetty analyysi tehtiin museonäytteestä, muinais-DNA (aDNA) määritellään nykyisin usein rajoitetummin: se on DNA:ta, joka on eristetty luontaisesti säilyneestä orgaanisesta materiaalista. Kvaggan alkuperän selvittämisessä käytettyä DNA:ta pidettäisiin nykyisin historiallisena DNA:na (*bDNA*). Sillä tarkoitetaan DNA:ta, joka on eristetty luonnonhistoriallisten kokoelmien näytteiksi

550 Higuchi et al. 1984: 282–284

551 McHugo et al. 2019: 2; Orlando et al. 2021:1

552 Jensen et al. 2022: 420–421; Orlando et al. 2021: 1–2



Kuva 10.1. Etelä-afrikkalainen kvagga kuoli sukupuuttoon vuonna 1883. DNA-tutkimusten perusteella tiedetään, että eläin oli aroseepran alalaji. Kuva: Biodiversity Heritage Library. CC BY 2.0.

kerätyistä yksilöistä.⁵⁵³ Historiallisia museonäytteitä hyödyntävä tutkimus on eriytynyt muinais-DNA tutkimuksesta erilliseksi alaksi, joka tunnetaan myös museomiikkana (*museomics*),⁵⁵⁴ kun taas sukupuuttoon kuolleiden eliöiden – kuten kvaggan – tutkimus tunnetaan paleogenomiikkana.

Luonnonvaraisten eläinten arkeogeneettinen tutkimus

Yksittäisten luonnonvaraisten lajien DNA-tutkimuksissa on selvitetty erityisesti populaatioiden jalostuspohjan laajuutta heijastavan **tehollisen populaatiokoon** ja geneettisen monimuotoisuuden alkuperäistä tasoa ja ajallista vaihtelua, **geneettistä eroosiota** sekä populaatioiden geneettistä jatkuvuutta. Tutkimuksista saatu tieto voi tarjota vastauksia etenkin uhanalaisten lajien keskeisiin suojelukysymyksiin.

⁵⁵³ Jensen et al. 2022: 422; Raxworthy & Tilston Smith 2021: 1049

⁵⁵⁴ esim. Raxworthy & Tilston Smith 2021: 1049. Termiä ei kuitenkaan yleensä käytetä historiallisen ajan arkeologisista kokoelmista tehtävästä tutkimuksesta, vaikka nämäkin näytteet voivat olla alle 200 vuotta vanhoja.

Suden evolutiivinen historia Suomessa

”Ihmisen ja suden välisessä suhteessa on kyse monisatavuotisesta yhteiselosta, ja susi on ollut 1970-luvulle saakka täysin lainsuojaton. Tämän asennoitumisen motiiveina ovat olleet suden taholta koettu uhka ihmisen hengelle ja terveydelle, sekä suden aiheuttamat vahingot riistamailla ja eritoten karjalaitumilla.”

Näin luonnehtii Mari Pohja-Mykrä väitöskirjassaan suden ja ihmisen keskinäistä suhdetta.⁵⁵⁵ Sutta esiintyi vielä 1800-luvun alkupuolella lähes koko Suomessa. Tuohon aikaan eläneiden yksilöiden määrää on arvioitu sekä geneettisillä että **demografisilla** menetelmillä. Ensin mainitussa tutkimuksessa määrää arvioitiin nykyisen susipopulaation geneettisestä koostumuksesta lähteillä takautuvilla simulaatioilla⁵⁵⁶ ja toisessa takaisinlaskumenetelmällä, joka perustuu tapporahatilastoihin ja tietoihin lajin demografisista tekijöistä.⁵⁵⁷ Molemmissa tutkimuksissa päädyttiin samaan noin 1400 susiyksilön määrään. Nämä arviot näyttäisivät olevan hyvin verrannollisia vuonna 2022 julkaistun Suomen susikannan suotuisan suojelutason viitearvojen määrittämisen loppuraportin kanssa, jossa poronhoitoalueen eteläisen puolen kantokyyvyksi arvioidaan 1078–1264 sutta.⁵⁵⁸

Suomessa on lainsäädännöllä ohjattu vahinkoeläinten pyyntiä 1300-luvun Ruotsi-Suomen ajalta lähtien, mutta 1800-luvun alkupuolen jälkeen susien lukumäärä Suomessa romahti. Pohja-Mykrän mukaan ”Sudella oli petojen joukossa vielä erityisasema; sen vainoaminen oli määrätty kansalaisten velvollisuudeksi”.⁵⁵⁹ Suunnitelmallisia susijahteja järjestivät jahtimestarit yhdessä maaherrojen ja kihlakuntien käskyläisten kanssa. Jokaisen miehen tuli omistaa neljä syltä pitkä susiverkko (kuva 10.2) ja osallistua jahteihin aina kutsuttaessa.⁵⁶⁰ Näistä jahdeista on jäänyt jälki kansalliskirjallisuuteenkin. Aleksis Kivi kuvaa *Nummisuutarit*-näytelmässään kraatari Antreksen klaneetinsoittoa sanoilla: ”Ja nummi pauhaa kuin sudenajossa”, joten susia on jahdattu ilmeisesti melkoisella väenpaljoudeella ja metelillä.⁵⁶¹

555 Pohja-Mykrä 2014: 33

556 Aspi et al. 2006: 1566–1570

557 Mykrä & Pohja-Mykrä 2015: 12

558 Mäntyniemi et al. 2022: 100

559 Pohja-Mykrä 2014: 33–34

560 Pohja-Mykrä 2014: 33

561 Kivi 1864



Kuva 10.2. Susiverkkoa esitellään Iitin Mukkulassa 1930-luvulla. Kuva: Aino Oksanen, Museovirasto, Kansatieteen kuvakokoelma. CC BY 4.0.

Tilastollisten vuosikirjojen mukaan susien pyynti tehostui selkeästi 1800-luvun jälkipuoliskolla. Susivainon taustalla on ilmeisesti vaikuttanut karjanhoidon lisääntyminen 1800-luvulla. Karjan metsälaidunnuksen vuoksi susien aiheuttamat menetykset karjanpidolle olivat tilastollisten vuosikirjojen tietojen mukaan erittäin suuria.⁵⁶² Toinen susivihaa lisännyt syy olivat Varsinais-Suomessa vuosina 1880–1881 tapahtuneet lastensurmat, joissa sudet tappoivat mahdollisesti jopa 22 lasta. Näitä surmia ja niiden taustoja on tarkasteltu aikakaus- ja iltapäivälehtien kauhistelevien artikkelien lisäksi

⁵⁶² Pohja-Mykrä 2014: 33; Pulliainen 1974: 59

tarkemmin useissa teoksissa, esimerkiksi Erkki Pulliaisen teoksessa *Suomen suurpedot* ja Jouni Tikkanen teoksessa *Lauma*.⁵⁶³ Oulun yliopiston tutkijat ovat selvittäneet nykyaikaisin tutkimusmenetelmin näiden susien ravinnon koostumusta. Tutkimuksen tulokset eivät tukeneet lapsensyönnin mahdollisuutta, mutta sitä ei kuitenkaan voitu sulkea kokonaan pois.⁵⁶⁴

Tehostuneet susijahdit – joissa käytettiin apuna jopa Venäjältä tuotettuja, lukasheiksi kutsuttuja, sudenmetsästäjiä – johtivat susien nopeaan väheneemiseen. Vuonna 2003 arvioitiin, että edeltävän 150 vuoden aikana Suomessa olisi tapettu 23 000 sutta.⁵⁶⁵ Tilastollisten vuosikirjojen perusteella Suomessa tapettiin yksinomaan vuosien 1866–1890 välillä 5 598 sutta, kun taas vuosina 1891–1898 saaliiksi saatiin enää ainoastaan 105 yksilöä.⁵⁶⁶ Susikannan koko oli lähes koko 1900-luvun erittäin alhainen, ja 1920- ja 1970-luvuilla vuosittainen susisaalis oli enää alle viisi yksilöä.⁵⁶⁷ Susi rauhoitettiin Suomessa poronhoitoalueella vuonna 1973, mutta varsinaisesti susikantamme alkoi kasvaa uudelleen vasta 1990-luvulla Suomen liittyttyä Euroopan yhteisöön. Viimeisimmän Luonnonvarakeskuksen kanta-arvion mukaan Suomessa oli maaliskuussa 2023 noin 291–331 sutta.

Susikannan viime vuosisadalla läpikäymä **populaatiopullonkaula** herättää useita kysymyksiä. Mikä on ollut susikannan alkuperäinen geneettisen monimuotoisuuden taso? Onko lähes koko viime vuosisadan kestänyt pullonkaula alentanut geneettistä monimuotoisuutta? Onko populaatio edelleen geneettisesti samankaltainen kuin 1800-luvun populaatio, vai onko suomalainen susipopulaatio kuollut sukupuuttoon ja korvautunut geneettisesti muualta tulleilla yksilöillä? Näinhän on käynyt esimerkiksi Skandinavian alkuperäiselle susipopulaatiolle, joka hävisi 1960-luvulla, mutta uusi populaatio sai siellä alkunsa vuonna 1983 yhdestä Suomesta tulleesta susiparista.⁵⁶⁸

Suomen suden evolutiivista historiaa on tutkittu Oulun yliopistossa.⁵⁶⁹ Tutkimuksessa eristettiin DNA:ta suomalaisista museoista kerätyistä susi-

563 Pulliainen 1974: 77; Tikkanen 2019

564 Junno et al. 2024

565 Ermala 2003: 17

566 Pohja-Mykrä 2014: 32

567 Ermala 2003: 17; Jansson et al. 2014; Pohja-Mykrä 2014: 32

568 Flagstadt et al. 2003: 878; Stenøien et al. 2021: 4

569 Jansson 2013; Jansson et al. 2014

näytteistä, joista vanhimmat ovat 1800-luvun puolivälistä ja tuoreimmat vuodelta 1993. Näytteitä oli yhteensä 114, joista 89:stä saatiin tyyppitettyä äidin kautta periytyvän mitokondrio-DNA:n (mtDNA:n) **haplotyyppi** ja 66:sta **autosomaalinen genotyyppi** 15 **mikrosatelliittimarkkerin** perusteella.

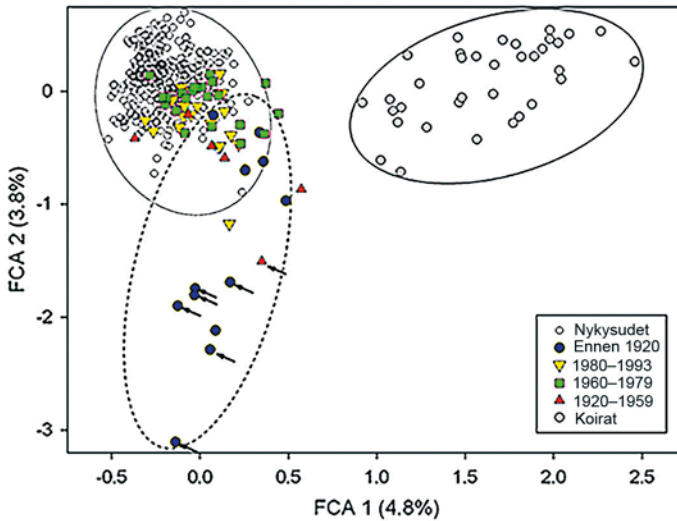
Tutkimusaineiston sudet ryhmiteltiin neljään ajalliseen ryhmään. Tulosten perusteella suden mitokondriaalisen DNA:n geneettistä monimuotoisuutta mittaavan **nukleotididiversiteetin** taso ja myös haplotyyppien määrä olivat selvästi vähentyneet populaatiopullonkaulan aikana. Erilaisia haplotyyppisiä löydettiin nuorimmasta ikäryhmästä (1980–1993) vain kolme erilaista. Niistä kaksi erosi toisistaan ainoastaan yhden DNA:n emäsparin suhteen. Näitä susien haplotyyppisiä löytyy nykyisin Suomen lisäksi lähinnä naapurimaista Venäjältä ja Virossa. Tätä vanhemmista (1845–1992) näytteistä löydettiin seitsemää erilaista haplotyyppiä, joista yhtä ei ole löydetty muista susipopulaatioista. Kuutta muuta vanhemmista aikakerruksista (1845–1992) tyyppitettyä haplotyyppiä löytyy eri puolilta Eurooppaa. Haplotyyppien yleisyys on myös muuttunut: esimerkiksi susien nykyisin yleisin haplotyyppi (OW63) oli vielä kohtuullisen harvinainen 1800-luvun lopussa ja 1900-luvun alussa.⁵⁷⁰

Päinvastoin kuin mtDNA:ssa, autosomaalisissa **markkereissa** ei tutkimuksessa havaittu selvää muutosta yleisesti käytetyissä geneettisen monimuotoisuuden tunnusluvuissa: populaation keskimääräinen **heterotsygotia-aste** ja **alleelien** määrä olivat hyvin samankaltaisia vanhimmissa ja nuorimmassa ajanjaksossa. Sen sijaan populaation geneettisessä koostumuksessa havaittiin selkeitä muutoksia. Yhteensä 15 **mikrosatelliittilokuksesta** tunnistettiin 107 alleelia, joista 21 löydettiin ainoastaan historiallisista susista eikä niitä löytynyt myöskään verrokkina käytetyistä nykysusista.⁵⁷¹

Suurimmat geneettiset erot susiyksilöiden välillä (kuva 10.3) löytyivät ensimmäisen ajanjakson (ennen vuotta 1920) ja verrokkeina käytettyjen nykysusien välillä. Geneettisen koostumuksen perusteella historialliset sudet jakautuivat kolmeen alaryhmään, joihin kuuluvien yksilöiden määrässä on ollut ajallista vaihtelua. Vanhimman ajanjakson susista puolet näyttivät kuuluvan alueellisesti pohjoisimpaan Suomeen painottuneeseen ryhmään (kuva 10.3, mustilla nuolilla merkityt yksilöt), jota ei enää nykysusista löydy.

570 Jansson et al. 2014

571 Jansson et al. 2014



Kuva 10.3. Museonäytteiden ja nykyisten susien sekä koirien keskinäinen sukulaisuus. Koirat (yhtenäinen viiva), ennen vuotta 1920 kuolleet sudet (katkoviiva) ja nykyiset sudet (pisteviiva). Kuvaan on nuolella merkitty Ylä-Lapista kahdesta varhaisimmasta ajanjaksoista tyypitetyt pohjoista susityyppejä edustavat susiysilöt. Kuva: Jouni Aspi.

Kaksi tähän ryhmään kuuluvista susista esiintyy myöhemmissä ajallisissa ryhmissä vuosilta 1954 (Utsjoki) ja 1990 (Salla), mutta sen jälkeen niitä ei Suomen susipopulaatiosta ole löydetty.⁵⁷²

Tutkimuksen perusteella Suomen susipopulaation mtDNA:n monimuotoisuus on siis selvästi alentunut 1900-luvun pullonkaulan aikana. Samaa alenemista on havaittu myöhemmissä tutkimuksissa myös koko Euroopan laajuudella.⁵⁷³ Yleisesti käytetyillä geneettisen muuntelun mittareilla Suomen susipopulaation **autosomaalisessa** monimuotoisuudessa ei kuitenkaan ole havaittu eroa muuntelun tasossa historiallisten ja nykysusien välillä. Yleisestikin mtDNA:n avulla havaitaan – sen pelkästään maternaalisen (äitilinjaisen) periytymisen ja pienemmän tehollisen populaatiokoon vuoksi – geneettisiä muutoksia herkemmin kuin autosomaalisilla markkereilla. Se, että geneettisen muuntelun määrä autosomaalisilla markkereilla mitattuna on nykyisin samalla tasolla kuin se on ollut 1800-luvulla, johtuu todennäköisesti meille naapurimaista tulleiden susien tuomasta uudesta geeniaineksestä.⁵⁷⁴

572 Jansson et al. 2014

573 Dufresnes et al. 2018

574 Jansson et al. 2014

Tutkimusjakson (1954–1993) aikana Suomen susipopulaation geneettinen koostumus on selkeästi muuttunut. Tämä on tietysti pienessä populaatiossa sattumankin vuoksi odotettavissa. Suomen susipopulaatiosta on kuitenkin kadonnut aikaisemmin siinä esiintyneitä mtDNA-haplotyyppisiä, ja olemme selkeästi menettäneet pohjoiselle alueelle geneettisesti tyypillisen susityypin. Varhaisemmalla, pelkästään nykysusien tämänhetkiseen geneettiseen koostumukseen perustuvalla tutkimuksella pohjoisen susityypin katoamista ei ole pystytty havaitsemaan.⁵⁷⁵ Tämä on hyvä esimerkki hDNA:n tarjoamista eduista eläinten **evoluutiohistorian** tutkimuksessa.

Vaikka meiltä on selvästi kadonnut geenimuuntelua susipopulaatiosta, oli vanhimmassa ajallisessa kerrostumassa myös mtDNA-haplotyypiltään ja autosomaaliselta perimältään hyvin samanlaisia yksilöitä kuin nykyisessäkin susipopulaatiossa (kuva 10.3). Siten alkuperäisen suomalaisen suden ei voi sanoa kuolleen kokonaan sukupuuttoon viime vuosisadan populaatiopullonkaulan aikana. Tällä hetkellä Oulun yliopistossa ollaan etsimässä historiallisten susien kokogenomiaineistoista merkkejä geneettisestä eroosiosta, kuten mahdollisesta lisääntyneestä **sukusiitoksesta** tai **geneettisen taakan** kasvusta.

Saimaannorpan evolutiivinen historia ja alkuperä

Toinen esimerkki luonnonvaraisten lajien evolutiivisen historian selvittämisestä on saimaannorpan menneisyyden tutkimus, jota on tehty historiallisen mtDNA:n avulla Oulun, Itä-Suomen ja Helsingin yliopiston yhteistyönä.⁵⁷⁶ Saimaannorppa on **endeminen** norpan (*Pusa hispida*) alalaji tai mahdollisesti jopa oma lajinsa. Norpan muita alalajeja esiintyy myös Laatokassa, Itämeressä ja arktisella alueella. Itämeren alueen geologiseen historiaan perustuen saimaannorpan ja myös laatokannorpan uskotaan saaneen alkunsa noin 9 000 vuotta sitten, kun osa Itämeren norppakannasta jäi loukkuun jääkauden jälkeisen kallioperän palautumisen seurauksena syntyneisiin järviin. Saimaannorpan arvioidaan eläneen eristyksissä noin 860 sukupolvea, jona aikana se on kehittynyt omaksi alalajikseen.⁵⁷⁷

575 Aspi et al. 2006

576 Heino 2021; Heino et al. 2023

577 Kunnasranta et al. 2021

Tapporahatilastojen perusteella Saimaassa on arvioitu olleen noin tuhat norppaa, mutta suurempiakin arvioita on esitetty. Jotkut tutkijat ovat arvioineet Saimaan voineen elättää jopa 4 000 norppaa.⁵⁷⁸ Samoin kuin sutta, ihminen on vainonnut myös saimaannorppaa. Norpistakin on maksettu tapporahaa vuodesta 1892 alkaen aina vuoteen 1944. Saimaannorppa rauhoitettiin vuonna 1955, mutta rauhoitus ei lopettanut salametsästystä eikä taittanut populaation alamäkeä. Alimmillaan saimaannorpan populaatiokoon on arvioitu olleen vuosina 1960–1980 jopa vain 60 yksilöä. Ensimmäiset järjestelmälliset laskennat 1980-luvun alussa osoittivat populaatiokooksi 100–160 norppaa. Saimaannorppa vältti kuitenkin täpärästi sukupuuton 1980-luvulla, ja erilaisten suojelutoimenpiteiden ansiosta norppapopulaatio on vähitellen alkanut kasvaa. Tällä hetkellä saimaannorpan kanta on noin 420–430 yksilöä, joiden geneettinen monimuotoisuus on kuitenkin erittäin alhainen. Laji onkin edelleen erittäin uhanalainen.⁵⁷⁹

Saimaannorpan nykypopulaation luonnonsuojelugenetiikkaa on selvitetty etenkin Jukka Palon ja Mia Valtosen väitöskirjoissa.⁵⁸⁰ Tutkimusten perusteella tiedetään, että saimaannorpan geneettinen monimuotoisuus on muihin hyljelajeihin – tai melkein mihin tahansa muuhunkin nisäkkäseen – verrattuna erittäin alhainen, ja että se on menettänyt noin 55 prosenttia autosomaalisesta ja jopa 90 prosenttia mitokondriaalisesta monimuotoisuudestaan. Monimuotoisuus on alhainen verrattuna myös Laatokkaan eristäytyneeseen laatokannorppaan.

Aikaisemmissa tutkimuksissa ei ole pystytty selvittämään, missä vaiheessa saimaannorpan geneettinen muuntelu on vähentynyt. Geneettisten simulaatioiden perusteella muuntelun vähenemisen on arveltu olleen vähittäinen ja hyvin pitkäaikainen prosessi. Viimeisimmän populaatiopullonkaulan merkitys norppien geneettiseen monimuotoisuuteen on jäänyt epäselväksi. Museonäyttemateriaaliin perustuvassa tutkimuksessa on arvioitu tarkemmin sitä, miten geneettinen muuntelu on muuttunut ajan myötä, ja etenkin 1900-luvun pullonkaulan vaikutusta norpan geneettisen monimuotoisuuden vähenemiseen. Tutkimuksessa eristettiin DNA:ta 63:sta museonäytteestä, joiden ikä oli 60–125 vuotta, ja sekvensoitiin 704 emäksen

578 Kunnasranta et al. 2021

579 Kunnasranta et al. 2021

580 Palo 2003; Valtonen 2014

pituinen osa mitokondrio-DNA:ta. Kokonaan tämä alue saatiin sekvensoitua 56 museoyksilöstä. Vertailumateriaalina käytettiin julkisesti saatavilla olevia sekvenssiaineistoja, joiden avulla arvioitiin saimaannorpan **fylogeneettisiä** yhteyksiä Itämeren, Laatokan, Pohjois-Amerikan, Huippuvuorten ja Vienanmeren norppapopulaatioihin.⁵⁸¹

Tutkimuksessa löydettiin 14 eri mtDNA-haplotyyppiä (H1–H14), joista neljä oli aikaisemmin tuntematonta ja vain saimaannorpalle ominaisia. Eri haplotyyppien esiintymistiheydessä oli selkeää ajallista vaihtelua. Nykyisin yleisin haplotyyppi H3 on ollut yleisin myös vuosina 1894–1939 ja 1960–1979. Sen sijaan toiseksi yleisin haplotyyppi H1 näyttää tulleen yleiseksi vasta ajanjakson 1894–1939 jälkeen, ja se oli jopa yleisempi kuin H3-tyyppi vuosien 1980–1999 välisenä aikana. Vanhimmassa ajallisessa ryhmässä (1894–1939) löydettiin yhteensä kahdeksan eri haplotyyppiä, ja kolmea niistä (H10, H11 ja H12) ei ole enää myöhemmin havaittu. Ajanjaksoilta 1960–1979 löydettiin vain kuusi haplotyyppiä, mikä osoittaa selkeää haplotyyppidiversiteetin määrän laskua vuosien 1894 ja 1960 välillä.⁵⁸² Tutkimuksen tulosten perusteella saimaannorpan **tehollinen maternaalinen populaatiokoko** on laskenut hitaasti ainakin 1100-luvulta lähtien, mutta 1800-luvun puolivälistä alkaen populaatiokoko on alkanut laskea äkillisesti ja nopeasti. Populaation geneettisen monimuotoisuuden aleneminen osuu selkeästi populaation voimakkaan taantumisen ajankohtaan. Tehollisen populaatiokoon alamäki on kuitenkin tasaantunut 1900-luvulla.⁵⁸³

Yllättävimmät tulokset museonäytteisiin perustuvassa tutkimuksessa saatiin vertailtaessa saimaannorpan historiallisia mtDNA-haplotyyppiejä muiden norppapopulaatioiden haplotyyppeihin. Norppien **fylogeneettisessä puussa** saimaannorpan haplotyyppit eivät ryhmittyneet yhteen itämerennorpan kanssa, vaan jäivät arktisen alueen ja vielä tarkemmin pohjoisamerikkalaisten norppien ryhmän sisään. Vienanmeren nykynorpat, jotka ovat saimaannorpalle maantieteellisesti läheisimpiä arktisia norppia, eivät näyttäneet olevan saimaannorpille läheistä sukua. Laatokannorpat eivät myöskään sijoittuneet lähelle saimaannorppia, vaan olivat varsin hajallaan

581 Heino et al. 2023

582 Heino et al. 2023

583 Heino et al. 2023

norppien fylogeneettisessä puussa.⁵⁸⁴ Tutkimuksen tulokset eivät siis tue perinteistä käsitystä saimaannorpan kolonisaatiosta Itämerestä ja eristäytymisestä Saimaan järvioltaaseen jääkauden jälkeen.

Norppien fylogeneettisen puun perusteella saimaannorpat eivät ole lähisukulaisia ainakaan nykyisten itämerennorppien kanssa. Tätä voisi selittää sillä, että norppa olisi asuttanut Itämeren useaan kertaan, ja laji olisi välillä hävinnyt sieltä sukupuuttoon ennen uutta kolonisaatiota. Saimaannorpat voisivat siis edustaa nykyistä itämerennorppapopulaatiota aikaisemman muuttoaalton Saimaaseen kulkeutuneita jälkeläisiä. Harmaahylkeen tiedetään muinais-DNA tutkimusten perusteella asuttaneen Itämeren kahteen kertaan, ja eri muuttoaaltojen välillä laji on hävinnyt sieltä.⁵⁸⁵ Useammasta kolonisaatioista ei kuitenkaan ole näyttöä norpan kohdalla. Toinen ongelma perinteisen selitysmallin kannalta on myös useiden läheisesti sukua olevien, mutta silti monimuotoisten haplotyyppien esiintyminen Saimaalla. Niiden valikoituminen satunnaisesti itämerennorpan haplotyyppien joukosta kolonisaation aikana ei ole todennäköistä. Tunnetulla mtDNA:n mutaatiotahdilla ei Saimaassa olisi jääkauden jälkeen ehtinyt syntyä niin monta haplotyyppiä kuin niitä nykyisin on.⁵⁸⁶

Vaihtoehtoinen hypoteesi saimaannorpan alkuperälle olisi sen polveutuminen Fennoskandian mannerjäätikön reunan **proglasiaalijärveä** asuttaneesta muinaisesta populaatiosta. Tätä teoriaa tukee se, että myös muilla akvaattisilla lajeilla, kuten lohella, harjuksella ja ahvenella tunnetaan samanlaisia jäännöspopulaatioita.⁵⁸⁷ Saimaannorpan historiallisen esiintymisen selvittämistä varten tarvittaisiin kuitenkin vielä jatkotutkimuksia. Esiintymistä voitaisiin selvittää esimerkiksi saimaannorpan mahdollisten aikaisempien asuinalueiden vesistöjen pohjasedimenteistä niiden sisältämän muinais-DNA:n eli sedimentti-DNA:n avulla.

584 Heino et al. 2023

585 Ahlgren et al. 2022

586 Palo 2003; Valtonen 2014

587 Heino et al. 2023

Kotieläinten arkeogeneettinen tutkimus

Muinais-DNA:n käyttö kotieläinten tutkimuksessa on usein monitieteistä, ja tutkimuksessa voidaan hyödyntää genetiikan lisäksi historiaa, antropologiaa ja arkeologiaa. Geneettisessä tutkimuksessa on useimmiten oltu kiinnostuneita etenkin **domestikaation** ajankohdasta ja sen paikasta sekä domestikaatioon liittyvistä geneettisistä prosesseista.

Menneisyyden nauta- ja lammaskarjojen geneettinen ennallistaminen

Suomessa on muinais-DNA:han perustuvaa kotieläinten tutkimusta tehty vasta vähän, mutta Marianna Niemen väitöskirja edustaa alan varhaista pioneeritutkimusta.⁵⁸⁸ Niemen työ on laaja, ja sen monitieteinen lähestymistapa on hyödyttänyt paitsi kotieläintutkimusta myös arkeologian ja historian tutkimusta. Työssä on selvitetty kahden Suomessa taloudellisesti merkittävimmän kotieläinlajin, nautojen ja lampaiden, varhaista leviämishistoriaa ja suomalaisten **maataisrotujen** kehitystä. Samalla siinä selvitettiin maatalouden alkua ja kehitystä Suomessa sekä kulttuurisia verkostoja pohjoisessa Euroopassa esihistoriallisilla ja historiallisilla ajanjaksoilla.⁵⁸⁹

Niemen tutkimuksessa on selvitetty nautojen ja lampaiden geneettistä ja demografista historiaa Suomessa ja lähialueilla nyky- ja muinais-DNA-tutkimusten sekä virallisten tilastotietojen avulla. Tutkimuksessa on hyödynnetty sekä äidiltä periytyviä maternaalisia (mtDNA) että isältä periytyviä paternaalisia (Y-kromosomi) markkereita. Väitöskirjassa osoitetaan muinaisten nautojen ja lampaiden poikkeavan geneettisesti nykyisistä. Sekä maternaaliset että paternaaliset markerit osoittivat muinaisissa naudoissa ja lampaissa olleen haplotyyppejä, joita ei enää löydetä nykykarjoista.⁵⁹⁰ DNA-analyysien perusteella näiden kotieläinten populaatiokokojen kasvu alkoi noin 10 000 vuotta sitten lähellä Lähi-idän domestikaatiokeskusta, ja eläimet levisivät koillisen Itämeren alueelle noin 2 500–3 000 vuotta

⁵⁸⁸ Niemi 2018

⁵⁸⁹ Suomalaisutkijat ovat osallistuneet kotieläinten muinais-DNA-tutkimuksiin myös muualla. Tutkimusta on tehty esimerkiksi Venäjältä löytyneistä, 300–1700-luvuille ajoittuvista kesyhanhista. Ks. Heino 2021: 35–36.

⁵⁹⁰ Niemi 2018



Kuva 10.4. Eero Järnefeltin *Lehmisavussa* (1891) esitettyjen eläinten väritys vastaa hyvin DNA-analyyseissä saatua tietoa suomalaisen maatiaiskarjan turkin väristä aikakaudella. Kuva: Yksityiskokoelma.

sitten. Molemmat lajit olivat levinneet tutkimusalueelle kahta eri reittiä: sekä Euroopan manneralueen että keskisen Volgan alueen arojen kautta. Takautuvien simulaatioiden tulokset osoittivat karjanhoidon yleistyneen väestön pääelinkeinoksi tutkimusalueella rautakaudella (400–1000 jaa.). Suuria muutoksia karjojen geneettisessä koostumuksessa tapahtui viikinki- ja ristiretkijällä (800–1200 jaa.) sekä uudelleen nykyaikana suomalaisten perinteisten maatiaisrotujen korvautuessa jalostetuilla kotieläinkannoilla.

Niemen väitöskirjassa on tutkittu myös nautojen turkin väriin vaikuttavan yksittäisen *MC1R*-geenin **alleelifrekvenssien** vaihtelua. Rautakaudella tämän geenin mustaa väriä aiheuttava alleeli oli Suomessa yleisin, mutta keskiajalla myös punaisen ja villityypin alleelit yleistyivät. Nykyaikaan tullessa punainen väri yleistyi edelleen ja musta väheni. Nykyiset maatiaisrotut ovat pääasiassa punaisia, puna-valkoisia ja valkoisia. Akateemiselle opinnäytteelle poikkeuksellisen ilahduttavasti Niemen väitöskirjassa arvioidaan ennakkoluulottomasti jopa Eero Järnefeltin vuonna 1891 maalaa-

maan *Lehmisavu*-maalauksen (kuva 10.4) lehmien *MC1R*-geenin alleelifrekvenssejä. Niiden osoitetaan vastanneen hyvin suomalaisen maatiaiskarjan maalaushetkellä vallinneita alleelifrekvenssejä ja turkin värejä.⁵⁹¹

Jalostuksen aiheuttamat muutokset suomenhevosen geneettisessä monimuotoisuudessa ja rakenteessa

Suomenhevonen on ainoa alkuperäinen Suomessa jalostettu hevosrotu. Karuihin, paikallisiin olosuhteisiin sopeutuneet suomalaiset hevoset ovat olleet sitkeitä ja pienikokoisia, ja ne ovat pystyneet selviytymään niukalla ravinnolla. Suomalaisia hevosia risteytettiin 1800-luvulla ja 1900-luvun alussa jossain määrin ulkomaisten rotujen kanssa, jotta niihin saataisiin enemmän voimaa, kokoa ja nopeutta. Suomenhevosten kantakirja perustettiin vuonna 1907, minkä jälkeen rotu nimettiin virallisesti suomenhevoseksi, eikä ulkomaisia rotuja saanut enää käyttää jalostukseen.⁵⁹² Alun perin suomenhevosen jalostuksessa oli ”tavoitteena kehittää Suomen oloihin soveltuva, säkäkorkeudeltaan vähintään 154 cm monikäyttöinen rotu, jolla oli viisas ja lempeä katse silmissään ja joka oli mieluiten rautias väriltään”.⁵⁹³ Kantakirjan alkuvaiheessa jalostusvalinta perustui hevosen ulkomuodon arviointiin, mutta 1920-luvulla siirryttiin suorituskokeiden perusteella tapahtuvaan valintaan. Vuonna 1924 suomenhevoset jaettiin kahteen tyyppiin: raskastekoiseen työhevoseen ja kevytmuotoisempaan yleishevoseen. Yleishevoscantakirja lakkautettiin vuonna 1965 ja tilalle perustettiin juoksijahevosten kantakirja. Vuodesta 1971 lähtien suomenhevosta on jalostettu neljällä eri jalostussuunnalla: juoksijaksi, ratsuhevoseksi, pienhevoseksi ja työhevoseksi. Viimeisin muutos tapahtui vuonna 2021, kun suomenhevosen työhevossuunta muutettiin työ- ja käyttöhevossuunnaksi.⁵⁹⁴

Karin Hemmannin ja Tuija Kirkisen johtamassa suomenhevosen varhaisvaiheita tutkivassa projektissa tavoitteena on ollut selvittää suomenhevosrodun alkuperää ja jalostamista vuonna 1907 tapahtuneen kantakirjauksen jälkeisinä vuosikymmeninä. Hankkeessa on kerätty suomenhevosten

⁵⁹¹ Niemi 2018

⁵⁹² Kirkinen & Hemmann 2020; Solala 2021; Kvist et al. 2022: 822

⁵⁹³ Kirkinen ja Hemmann 2020

⁵⁹⁴ Suomen Hippos 2022: 5

jouhi-, nahka-, kavio-, luu- ja hammasnäytteitä kansalaiskeräyksellä yksityishenkilöiltä sekä museokokoelmista, kouluista ja arkeologisilta kaivauksilta.⁵⁹⁵ Näistä näytteistä ja nykyhevosista eristetystä DNA:sta on Oulun yliopistossa tutkittu mtDNA:n avulla suomenhevosen geneettisen monimuotoisuuden muutoksia rodun perustamisesta lähtien sekä selvitetty hevosten **emälinjojen** historiaa ja evoluutiota rodun alkuaikoihin saakka Laura Kvistin johdolla.⁵⁹⁶ Lisäksi tutkimuksessa on arvioitu suomenhevosen tehollisia populaatiokokoja ajalla ennen rodun perustamisajankohtaa, perustamisen aikana ja sen jälkeen.⁵⁹⁷

Analyysijä varten kaikki historialliset mtDNA-sekvenssit jaettiin ensin ryhmiin niiden edustaman ajanjakson mukaan.⁵⁹⁸ Näin ryhmitetty näyteaineisto nimettiin ”historiallisiksi hevosiksi”. Ryhmittelyn toisessa vaiheessa jätettiin pois ne historialliset näytteet, jotka näytetietojen perusteella eivät todennäköisesti olleet peräisin suomenhevosista. Jäljelle jääneet näytteet ryhmiteltiin modernien suomenhevosten sekvenssien kanssa myös ajallisiin ryhmiin.⁵⁹⁹ Tämä näyteaineisto nimettiin ”suomenhevosiksi” (kuva 10.5).⁶⁰⁰

Tutkimuksen mukaan ”suomenhevosten” haplotyyppien monimuotoisuus on ollut keskimäärin hieman pienempi kuin ”historiallisilla hevosilla”, kun taas nukleotididiversiteetti on ollut suurempi. ”Historiallisilla hevosilla” nukleotididiversiteetissä ja haplotyyppien monimuotoisuudessa ei ollut merkitseviä eroja eri aikakausina. ”Suomenhevosilla” nukleotididiversiteetti oli tilastollisesti merkittävästi erilainen ajanjaksojen 1931–1950 ja 1971–2000 sekä 1951–1970 ja 1971–2000 välillä (kuva 10.5). Haplotyyppien monimuotoisuudessa ei havaittu merkittäviä eroja ajanjaksojen välillä.⁶⁰¹

Eri emälinjojen ajallisessa esiintymisessä oli selkeää ajallista vaihtelua. Sekä ”historiallisissa hevosissa” että ”suomenhevosissa” vain kaksi haplotyyppiä oli läsnä kaikissa 1900-luvun ajanjaksoissa. ”Historiallisissa hevosissa” 41 haplotyyppiä esiintyi vain yhdellä yksilöllä 71:stä, kun taas ”suomenhevosissa”

595 Kirkinen & Hemmann 2020; Kvist et al. 2022: 822

596 ks. Kvist et al. 2019

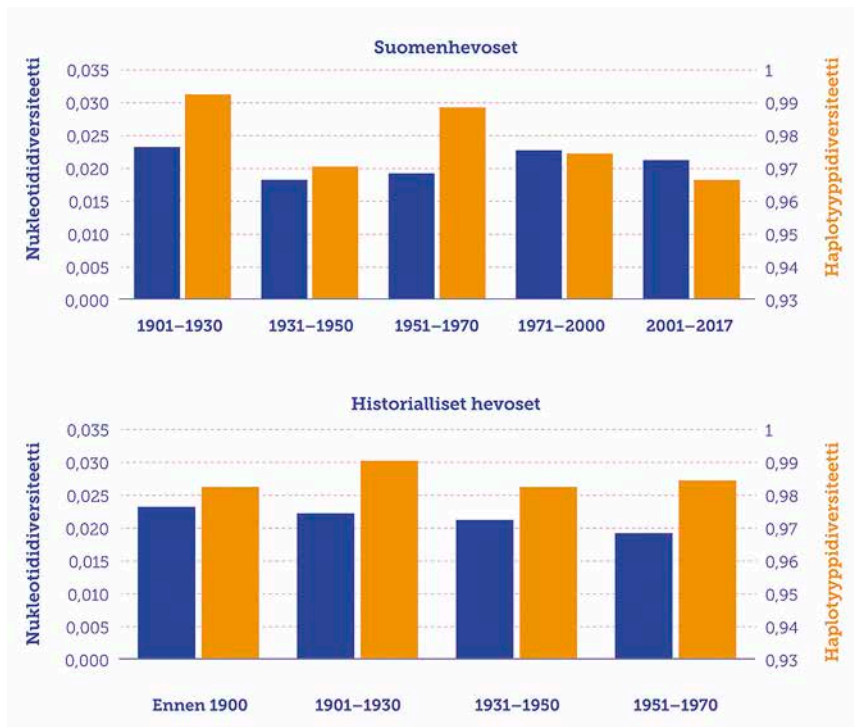
597 Kvist et al. 2022: 822

598 ennen vuotta 1900, 1901–1930, 1931–1950, 1951–1970 ja 1971–1990

599 ennen vuotta 1900, 1901–1930, 1931–1950, 1951–1970, 1971–2000 ja 2001–2017

600 Kvist et al. 2022: 822–823

601 Kvist et al. 2022: 824



Kuva 10.5. Nukleotidi- (sininen) ja haplotyyppidiversiteetit (oranssi) eri ajanjaksoina (a) suomenhevosten ja (b) historiallisten hevosten aineistoissa (Kvist et al. 2022 mukaan). Haplotyyppidiversiteetissä ei ollut merkitseviä eroja eri ajanjaksojen välillä. Kuva: KMG Turku.

54 haplotyyppiä havaittiin vain yhdellä yksilöllä 115:sta. ”Suomenhevosilla” kaikkiaan kymmentä haplotyyppiä 26:sta, joita esiintyi vuosina 1931–1970, ei enää löytynyt kahdella viimeisimmällä ajanjaksolla.⁶⁰² Geneettisen rakenteen vertailussa ”suomenhevosissa” havaittiin tilastollisesti merkitsevää erilaistumista ajanjaksojen 1901–1930 ja 1971–2000 sekä 2001–2017 välillä. Lisäksi erilaistumista havaittiin jaksojen 1951–1970 ja 2001–2017 välillä. ”Historiallisten hevosten” aineistossa merkitsevää erilaistumista eri ajanjaksojen välillä ei havaittu.⁶⁰³

Populaatiogeneettiset simulaatiot osoittivat hevosten maternaalisen tehollisen populaatiokoon kasvaneen 1800-luvun loppuun saakka ja olleen 1880-luvulla noin 16 000 tammaa. Tämän jälkeen koko alkoi hitaasti laskea 1970-luvulle saakka, jolloin tehollinen populaatiokoko oli pienimmillään

⁶⁰² Kvist et al. 2022: 827

⁶⁰³ Kvist et al. 2022: 824

(noin 13 000 yksilöä). Nykyisen tehollisen populaatiokoon arvioitiin olevan noin 14 000 yksilöä.⁶⁰⁴

Tutkimuksen perusteella suomenhevosen nukleotidi- ja haplotyyppi-diversiteetit ovat olleet korkeimmillaan rodun perustamisen aikana ja selkeästi laskeneet vuosina 1931–1970. Lisäksi jotkut rodun varhaisvaiheissa esiintyvät emälinjat näyttivät hävinneen, koska niitä ei havaittu enää nykyisissä suomenhevosissa. Geneettisen monimuotoisuuden vähentymiseen ovat todennäköisesti vaikuttaneet useat tekijät. Kantakirja, jossa oli tiukat säännöt hyväksytyjen hevosten ominaisuuksille, rajoitti voimakkaasti lisääntymiseen käytettyjen yksilöiden määrää. Myös ensimmäinen ja toinen maailmansota sekä 1950-luvulla alkaneet muutokset maa- ja metsätaloudessa vähensivät hevospäämääriä. Lisäksi jalostuksen jakautuminen eri jalostussuuntiin saattoi edelleen rajoittaa geneettistä monimuotoisuutta, koska vain tietyt hevoset täyttivät kunkin suunnan kriteerit, jolloin vain niitä käytettiin jalostuksessa. Geneettisen monimuotoisuuden väheneminen liittyi tehollisen populaatiokoon pienenemiseen. Tehollisen populaatiokoon muutokset osuivat hyvin yhteen suomenhevosen tunnetun historian sekä kantakirjojen ja jalostussuuntien perustamisen ajankohtien kanssa.⁶⁰⁵

Suomenhevosten varhaisen historian tutkimus on selkeästi osoittanut, että museoista, kansalaiseräyksillä ja arkeologisista kaivauksista saatava historiallinen DNA on arvokasta kotieläinrotujen historian tutkimisessa. Suomenhevosen evolutiivista historiaa on tutkittu myös pelkästään nykyisistä hevosista kerättyjen näytteiden perusteella.⁶⁰⁶ Kuitenkin koko jalostushistorian ajalta kerätyillä historiallisen DNA:n aikasarjoilla pystytään pelkkää nykyaikaista DNA:ta tehokkaammin seuraamaan esimerkiksi haplotyyppien (emälinjojen) yleisyyksien muutoksia ja ajoittamaan niiden häviämisen ajankohtia. Niiden avulla pystytään myös täsmällisemmin jäljittämään muutoksia populaation tehollisessa koossa ja geneettisessä monimuotoisuudessa. Tämä tutkimus on tietävästi ollut ensimmäinen, jossa tätä lähestymistapaa on käytetty kotieläinten historian tutkimuksessa.⁶⁰⁷

⁶⁰⁴ Kvist et al. 2022: 825

⁶⁰⁵ Kvist et al. 2022: 825–827

⁶⁰⁶ Kvist et al. 2019

⁶⁰⁷ Kvist et al. 2022: 827

Poronhoidon alun ajoittuminen ja poron alkuperä Suomessa

Arkeologisten luulöytöjen perusteella villipeura saapui Fennoskandiaan jääkauden loppuvaiheessa noin 12 000 vuotta sitten. Peuran (*Rangifer*) suvussa Fennoskandiassa on kaksi alalajia: tunturipeura (*Rangifer tarandus tarandus*) ja metsäpeura (*Rangifer tarandus fennicus*). Tunturipeura on todennäköisesti levinnyt Suomeen Skandinavian kautta etelästä ja metsäpeura idästä. Varhemmin tunturipeuraa on esiintynyt Fennoskandiassa kaikkialla puuttomilla tunturialueilla ja metsäpeuraa Suomessa koko havumetsävyöhykkeellä. Nykyisin metsäpeuraa tavataan Suomessa pienenä populaationa ainoastaan Itä-Suomen, Kainuun, Pohjois-Karjalan ja Savon maakunnissa sekä siirtoistutettuna Suomenselällä. Venäjän Karjalassa on huomattavasti Suomen populaatiota suurempi metsäpeurapopulaatio. Villiä tunturipeuraa esiintyy nykyisin enää eteläisen Norjan tunturialueella ja Kuolan niemimaalla, mutta sen puolikesy muoto, poro, on levittäytynyt laajalti myös havumetsäalueelle Fennoskandian poronhoitoalueilla.⁶⁰⁸

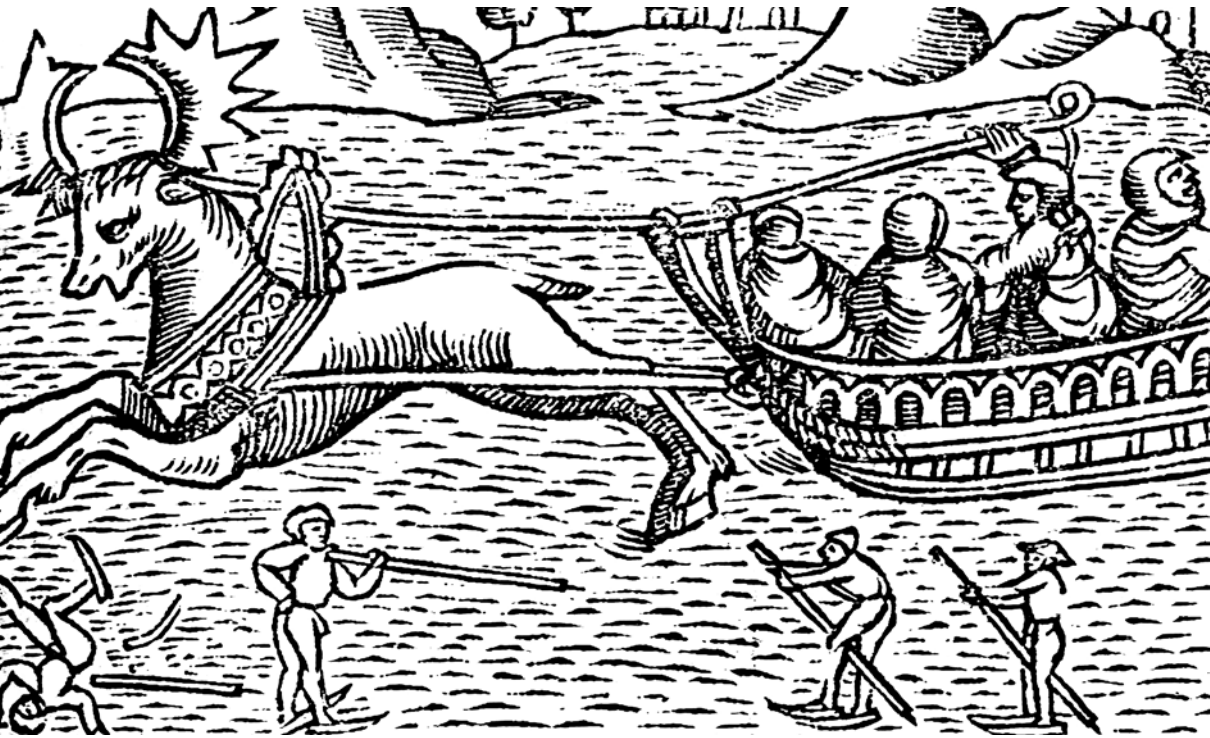
Ihminen hyödynsi villipeuraa Fennoskandiassa aluksi metsästämällä, ja ensimmäiset merkit poronhoidon (kuva 10.6) harjoittamisesta ajoittuvat arkeologisten löytöjen perusteella noin ajanjaksolle 800–1300 jaa. Alkuun poronhoito on ilmeisesti ollut hyvin pienimuotoista, esimerkiksi houkutusporojen ja ajokkaiden hyödyntämistä. Metsästys ja pienimuotoinen poronhoito jatkuivat ainakin 1600-luvulle ja etenkin havumetsäalueella joissain paikoin jopa 1900-luvulle asti.⁶⁰⁹ Domestikaatio on kuitenkin pitkä prosessi, ja poron domestikaatio on vielä alkuvaiheessa. Poro määritelläänkin puolikesyksi kotieläimeksi.

Paimennukseen perustuvan poronhoidon alkuperää on tutkittu geneettisin menetelmin, ja tutkimukset ovat keskittyneet etenkin mtDNA:n emälinjoihin. Oulun yliopistossa arkeologit ja geneetikot ovat tehneet yhteistyötä arkeogenetiikan alalla 2000-luvun alusta lähtien. Yksi keskeinen tutkimuskohde on ollut poroeläintalouteen siirtymisen ajankohta.⁶¹⁰ Sitä on tarkasteltu analysoimalla seitapaikoilta kerättyjä poronäytteitä, jotka

608 Heino & Pelletier 2022: 37–39

609 Salmi 2022

610 Lisäksi tutkimuksessa selvitettiin villien ja kesyjen eläinten roolia uhrirituaaleissa eri aikoina, etenkin sitä, liittyikö seitapaikkojen uhritarjonta ensisijaisesti poronhoitoon, villiporojen metsästyksen vai molempiin.



Kuva 10.6. Olaus Magnuksen teoksessa *Pohjoisten kansojen historia* (*Historia de Gentibus Septentrionalibus*, 1555) on vanhimpia kuvallisia esityksiä ajoporojen käytöstä. Kuva: Ghent University.

ajoittuvat ajanjaksolle 1200–1650 jaa.⁶¹¹ Seidat olivat pyhiä paikkoja, joilla saamelaiset antoivat vastalahjoja maalle ja sen voimavaroille. Uhrauskäytäntö syntyi noin vuosien 500–1200 välillä ja levisi käytännössä koko saamelaisalueelle melko yhdenmukaisena. Seidoilla tarjotut uhrin liittyivät läheisesti harjoitettuihin elinkeinoin. Peura- tai porouhrit ilmaantuvat lähdeaineistoon noin vuonna 1200 ja olivat koko saamelaisalueella huijussaan 1400–1600-luvuilla.⁶¹²

Uhrauspaikkatutkimuksessa kerättiin näytteitä neljältä eri seitapaikalta: Enontekiön Näkkälältä, Inarin Koskikaltiojoen suulta, Utsjoen Sieidda-keädgilta ja Kittilän Taatsilta. Lisäksi tutkimuksessa käytettiin verrokkeina peuranäytteitä kahdelta arkeologiselta kaivauspaikalta Mikkelin Valkolasta ja Kuolan niemimaalta. Yhteensä tutkittiin 54 poronäytettä, joista 47:stä

611 Heino et al. 2021

612 Salmi et al. 2018

saatiin käyttökelpoinen mtDNA-sekvenssi. Vertailumateriaalina käytettiin myös aikaisempien historiallisten tutkimusten tuloksia haplotyypeistä samalta ajanjaksolta kuin seitapaikkojen näytteet sekä näytteitä kesyporoista 1900-luvun alusta ja nykyajalta Suomesta. Lisäksi verrokkeina oli haplotyyppityksiä muista poro-, tunturipeura- ja metsäpeurapopulaatioista.⁶¹³ Tutkimuksen tulokset osoittivat, että seitapaikkojen vanhimmat uhraukset (1200–1400 jaa.) eivät sisältäneet nykypäivän poroissa tavattavia emälinjoja II ja Ib ja että useimmat uhrauksissa käytetyistä eläimistä ryhmittivät yhteen nykyisten metsäpeurojen kanssa, joten ne todennäköisesti olivat villejä metsäpeuroja.⁶¹⁴ Tätä tukevat myös **morfologiset** tutkimukset, joiden mukaan uhratut eläimet olivat suurempia kuin nykyiset porot, mutta samankokoisia kuin nykyiset metsäpeurat.

Varhaisimman tutkitun ajanjakson (1200–1650 jaa.) seitapaikkojen peurojen geneettinen koostumus ei poikennut asuinpaikkojen peurojen koostumuksesta. Tämä osoittaa, että seitapaikoille viedyt peurat olivat samoja kuin mitä silloisissa saamelaisyhteisöissä käytettiin ravintona – ainakin emälinjojen osalta. Tulos korostaa villipeurojen metsästyksen merkitystä saamelaisten taloudessa ja uskonnossa ennen paimentolaisuuteen siirtymistä. Peurauhrien aloittamisen syynä ei siis ole ollut poron domestikaatio ja siirtyminen paimentolaisporonhoitoon, vaan villipeurojen metsästyksen tarkeys. Seitauhrauksia on kuitenkin vielä jatkettu paimentolaisporonhoidon aloittamisen jälkeen, joten uhrit on koettu elinkeinon kannalta tärkeiksi.⁶¹⁵

Emälinjojen ja myös **autosomaalisten markkerierojen** perusteella on ehdotettu, että poronhoito olisi alkanut alkuperäiskansojen keskuudessa Venäjällä ja että myös saamelaiset olisivat domestikoineet poron Fennoskandiassa.⁶¹⁶ Seitapaikkojen tutkimukset eivät kuitenkaan välttämättä tue tätä teoriaa.

Maternaaliset **haploryhmät** II ja Ib ovat erityisen yleisiä nykypäivän Fennoskandian porokarjoissa, ja niitä on löydetty myös muinaisnäytteistä Luoteis-Siperiasta.⁶¹⁷ Niitä ei kuitenkaan löydy domestikoiduista siperialaisista poroista, eikä niitä ole myöskään seitapaikkojen vanhimmassa näyte-

613 Heino et al. 2021

614 Heino et al. 2021

615 Heino et al. 2021

616 Røed et al. 2008

617 Røed et al. 2020

materiaalissa. Seitapaikkojen tutkimuksissa itäinen haploryhmä havaittiin ensimmäisen kerran kahdella peuralla (RT68 ja RT42) Koskikaltiojoen suun seidalta Inarista. Peurat on radiohiiliajoitettu ajanjaksoille 1455–1635 ja 1460–1635. Molemmilla on sama nykyisten porojen haplotyypeistä poikkeava uniikki haplotyyppi, joka on lähellä haploryhmä II:n keskeistä haplotyyppiä, joten niiden esiintyminen voisi olla yhteydessä paimentolaisporonhoidon syntyyn Suomessa.⁶¹⁸

Seitapaikkojen tutkimukset siis osoittavat, että myös pohjoisessa Suomessa peurojen/porojen emälinjat ovat vaihtuneet lähes kokonaan muuttaman viimeisen vuosisadan aikana, eikä peurapopulaatio, joka asutti aluetta 1400–1500-luvuilla, ole jättänyt maternaalista perimää nykyporoihin. Vanhoissa korvautuneissa linjoissa on ollut enemmän monimuotoisuutta kuin nykyisessä porokarjassa, mikä on tyypillinen kehityskaari domestikaation aikana.⁶¹⁹

Hiljattain on esitetty hypoteesi, jonka mukaan paimentolaisporonhoito ja sen mukana haploryhmää II ja Ib edustavia domestikoituja poroja olisi tullut saamelaisille vaihtokaupassa itäisten yhteyksien kautta.⁶²⁰ Oulun yliopiston tutkijat ovat yhdessä tatarstanilaisten yhteistyökumppaneidensa kanssa tutkineet noin 4000 vuotta vanhoja peuraa **mitokondriogenomeja** Volga-Kaman alueelta ja löytäneet myös sieltä ryhmää II.⁶²¹ Nämä havainnot tukevat teoriaa, jonka mukaan haploryhmät II ja Ib eivät ole alkuperäisiä Fennoskandialle, vaan ne ovat saapuneet alueelle idästä. Hypoteesiin on silti ehkä hyvä suhtautua varauksella. Tutkimusten perusteella vaikuttaa kuitenkin siltä, että pohjoisessa Suomessa kehitys kohti nykyistä porokarjan geneettistä koostumusta on alkanut vuosien 1455–1635 välillä. Tutkimuksessa käytetyn materiaalin perusteella ei kuitenkaan voida sanoa,

⁶¹⁸ Heino et al. 2021

⁶¹⁹ Haplotyyppien lukumäärä oli selvästi suurin varhaisimmassa (120–1700 jaa.) vaiheessa, jolloin niitä oli 18. Määrä oli selvästi pienempi 1900-luvun alun poroilla, joilla niitä havaittiin vain kuusi, ja hieman sitäkin pienempi (viisi) nykyporoilla. Näytemäärät tosin olivat erikokoisia eri ajanjaksoina, mikä vaikuttaa haplotyyppien lukumäärään. Toisaalta haplotyyppien monimuotoisuutta kuvaavat haplotyyppidiversiteetit (Hd), jotka eivät ole riippuvaisia näytekooosta, olivat samassa suuruusjärjestyksessä: Hd = 0,90 (vuosina 1200–1700), Hd = 0,73 (vuonna 1911), Hd = 0,73 (nykyporoissa). Haplotyyppien monimuotoisuus on siis selvästi laskenut tutkimusjakson aikana ja selvästi eniten heti varhaisimman ajanjakson jälkeen.

⁶²⁰ Røed et al. 2018

⁶²¹ Heino et al. 2019: 17

kuinka kauan tämä prosessi on kestänyt. Noin vuodesta 1500 lähtien poropaimentolaisuudesta joka tapauksessa muodostui monien saamelaisryhmien taloudellinen ja yhteisöllinen perusta.⁶²²

Eläinten arkeogenetiikan käytännön merkitys

Eläinten muinais-DNA- ja hDNA-tutkimukset tarjoavat vastauksia monenlaisiin kysymyksiin. Tutkimusten avulla voidaan tarkastella ihmisen ja eläinten välistä vuorovaikutusta pitkällä aikavälillä sekä tuottaa tietoa lajien alkuperästä, leviämisestä ja sopeutumisesta. Geneettinen tieto ei kuitenkaan valota ainoastaan eläinkantojen biologiaa, vaan sen avulla voidaan esimerkiksi seurata eläinlajien hyötykäytön ja kulttuurisen merkityksen muutoksia. Esimerkiksi kotieläinten muinais-DNA-tutkimus on erinomainen lisä historian ja arkeologian tutkimukseen, sillä se tuottaa tietoa muun muassa kotieläinrotujen alkuperästä, domestikaation historiasta ja kehityksestä sekä auttaa pohtimaan eläinlajien merkitystä ihmisyhteisöille eri aikoina.

Luonnonvaraisista eläimistä tehdyt tutkimukset puolestaan kertovat lajien evoluutiosta ja populaatioiden välisistä suhteista, ja tutkimustuloksia voidaan helposti hyödyntää käytännössä. Yhdistyneiden kansakuntien Biodiversiteettisopimus (engl. *Convention on Biological Diversity*) on vuonna 1992 Rio de Janeirossa solmittu maailmanlaajuinen sopimus, jonka avulla pyritään suojelemaan kattavasti koko luonnon kirjoa, mukaan lukien lajien sisäinen perinnöllinen muuntelu. Uhanalaisten lajien DNA-tutkimuksista saatavalla geneettisellä tiedolla voi tulevaisuudessa olla keskeinen rooli biologisen monimuotoisuuden säilyttämisessä, sillä tutkimustuloksia voidaan soveltaa esimerkiksi suojelukäytäntöjä laadittaessa.⁶²³

⁶²² Heino et al. 2021

⁶²³ Jensen et al. 2022: 423

Tutkimuskirjallisuus

- Ahlgren, H., Bro-Jørgensen, M. H., Glykou, A., Schmölcke, U., Angerbjörn, A. et al. 2022. The Baltic grey seal: A 9000-year history of presence and absence. *Holocene* 32(6): <https://doi.org/10.1177/09596836221080764>
- Aspi, J., Roininen, E., Ruokonen, M., Kojola, I. & Vila, C. 2006. Genetic diversity population structure effective population size and demographic history of the Finnish wolf population. *Molecular Ecology* 15: 1561–1576. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2006.02877.x>
- Dufresnes, C., Miquel, C., Remollino, N., Biollaz, F., Salamin, N. et al. 2018. Howling from the past: historical phylogeography and diversity losses in European grey wolves. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 285 (1884). <https://doi.org/10.1098/RSPB.2018.1148>
- Ermala, A. 2003. A survey of large predators in Finland during the 19th and 20th centuries. *Acta Zoologica Lituanica* 13: 15–20. <https://doi.org/10.1080/13921657.2003.10512538>
- Flagstad, Ø., Walker, C. W., Vilà, C., Sundqvist, A. K., Fernholm, B. et al. 2003. Two centuries of the Scandinavian wolf population: patterns of genetic variability and migration during an era of dramatic decline. *Molecular Ecology* 14: 869–880. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2003.01784.x>
- Heino, M. 2021. *Challenging DNA samples are valuable sources for genetic information of populations and individuals*. Acta Universitatis Ouluensis. A Sci 756. Oulu: University of Oulu. <http://jultika.oulu.fi/Record/isbn978-952-62-2881-5>
- Heino, M. T., Askeyev, I. V., Shaymuratova, D. N., Askeyev, O. V., van der Valk, T. et al. 2019. 4000-year-old reindeer mitogenomes from the Volga–Kama reveal continuity among the forest reindeer in northeastern part of European Russia. *Archaeology of Eurasian Steppes* 4: 179–190.
- Heino, M. T., Salmi, A.-K., Äikäs, T., Mannermaa, K., Kirkinen, T., et al. 2021. Reindeer from Sami offering sites document the replacement of wild reindeer genetic lineages by domestic ones in Northern Finland starting from 1400 to 1600 CE. *Journal of Archaeological Science: Reports* 35: 102691. <https://doi.org/10.1016/j.jasrep.2020.102691>
- Heino, M. & Pelletier, M. 2022. Impact of human selection on the genetics and morphology of the reindeer. Teoksessa: Salmi, A. (toim.) *Domestication in Action. Human-Reindeer Interaction in Past and Present Reindeer Herding*: 35–61. Cham: Palgrave Macmillan.
- Heino, M. T., Nyman, T., Palo, J. U., Harmoinen, J., Valtonen, M. et al. 2023. Museum specimens of a landlocked pinniped reveal loss of genetic diversity and unexpected population connections. *Ecology & Evolution* 13(1): e9720. <https://doi.org/10.1002/ece3.9720>
- Higuchi, R., Bowman, B., Freiburger, M., Ryder, O. & Wilson, A. C. 1984. DNA sequences from the quagga, an extinct member of the horse family. *Nature* 312: 282–284. <https://doi.org/10.1038/312282a0>
- Jansson, E. 2013. *Past and present genetic diversity and structure of the Finnish wolf population*. Acta Universitatis Ouluensis A Sci 608. Oulu: University of Oulu. <http://jultika.oulu.fi/Record/isbn978-952-62-0116-0>
- Jansson, E., Harmoinen, J., Ruokonen, M. & Aspi, J. 2014. Living on the edge: reconstructing the genetic history of the Finnish wolf population. *BMC Evolutionary Biology* 14: 64. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-14-64>
- Jensen, E. L., Diez Del Molino, D., Gilbert, M. T. P., Bertola, L. D., Borges, F. et al. 2022. Ancient and historical DNA in conservation policy 2022. *Trends in Ecology and Evolution* 37: 420–429. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2021.12.010>
- Junno, J. A., Väre, T., Tikkanen, J., Heino, M. T., Niskanen, M. et al. 2024. Stable isotope analyses of carbon and nitrogen in hair keratin of suspected man-eating wolves from 1880s. *Scientific Reports* 14, 4946. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-55521-8>
- Kivi A. 1864. *Nummisuutarit. Komedian 5:ssä näytöksessä*. Helsinki: Suomalaisen Kirjallisuuden Seura.
- Kirkinen, T. & Hemmann, K. 2020. Suomenhevosen geneettinen perimä paljastuu kansalaisnäytteiden, museokokoelmien ja arkeologisten kaivausten avulla. *Kalmistopiiri* 6. 9. 2020 <https://kalmistopiiri.fi/2020/09/06/suomenhevosen-geneettinen-perima-paljastuu-kansalaisnaytteiden-museokokoelmien-ja-arkeologisten-kaivausten-avulla/> [viitattu 18.11.2023]
- Kvist, L., Niskanen, M., Mannermaa, K., Wutke, S. & Aspi J. 2019. Genetic variability and history of a native Finnish horse breed. *Genetics Selection Evolution* 51: 35. <https://doi.org/10.1186/s12711-019-0480-8>

- Kvist, L., Honka, J., Salaza, D., Kirkinen, T. & Hemmann, K. 2022. Memories, museum artefacts and excavations in resolving the history of maternal lineages in the Finnhorse. *Animal Genetics* 53(6): 821–828; <https://doi.org/10.1111/age.13256>
- Kunnasranta, M., Niemi, M., Auttila, M., Valtonen, M., Kammonen, J. et al. 2021. Sealed in a lake. Biology and conservation of the endangered Saimaa ringed seal. A review. *Biological Conservation* 253: 108908. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2020.108908>
- McHugo, G. P., Dover, M. J. & MacHugh, D. E. 2019. Unlocking the origins and biology of domestic animals using ancient DNA and paleogenomics. *BMC Biology* 17: 98. <https://doi.org/10.1186/s12915-019-0724-7>
- Mykrä, S. & Pohja-Mykrä, M. 2015. Back-calculation of large carnivore populations in Finland in 1865–1915. *Annales Zoologici Fennici* 52: 285–300. <https://www.jstor.org/stable/43923466>
- Mäntyniemi, S., Valtonen, M., Helle, I., Johansson, H., Ponnikas, S. et al. 2022. Suomen susikannan suotuisan suojelutason viitearvojen määrittäminen: Loppuraportti 2022. Luonnonvara- ja biotalouden tutkimus 80/2022. Helsinki: Luonnonvarakeskus. <https://jukuri.luke.fi/handle/10024/552242>
- Niemi, M. 2018. *Genetic Reconstruction of Ancient Northern European cattle and sheep populations*. Helsinki: University of Helsinki. <http://urn.fi/URN:ISBN:978-951-51-4476-8>
- Orlando, L. & Cooper, A. 2014. Using ancient DNA to understand evolutionary and ecological processes. *Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics* 45: 573–598. <https://doi.org/10.1146/annurev-ecolsys-120213-091712>
- Orlando, L., Allaby, R., Skoglund, P., Der Sarkissian, C., Stockhammer, P.W. et al. 2021. Ancient DNA analysis. *Nature Reviews Methods Primers* 1: 14. <https://doi.org/10.1038/s43586-020-00011-0>
- Palo, J. 2003. *Genetic diversity and phylogeography of landlocked seals*. Helsinki: University of Helsinki.
- Pohja-Mykrä, M. 2014. *Vabinkoeläinsodasta psykologiseen omistajuuteen. Petokonfliktien historiallinen tausta ja nykypäivän ballinta*. Helsinki: Helsingin yliopisto. <https://helda.helsinki.fi/handle/10138/229455>
- Pulliainen, E. 1974. *Suomen suurpedot*. Helsinki: Tammi.
- Raxworthy, C. J. & Tilston Smith, N. 2021. Mining museums for historical DNA; advances and challenges in museumomics. *Trends in Ecology & Evolution* 36: 1049–1060. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2021.07.009>
- Røed, K. H., Flagstad, Ø., Nieminen, M., Holand, Ø., Dwyer, M. et al. 2008. Genetic analyses reveal independent domestication origins of eurasian reindeer. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 275: 1849–1855. <https://doi.org/10.1098/rspb.2008.0332>
- Røed, K. H., Bjørklund, I. & Olsen, B. J. 2018. From wild to domestic reindeer – genetic evidence of a non-native origin of reindeer pastoralism in Northern Fennoscandia. *Journal of Archaeological Science: Reports* 19: 279–286. <https://doi.org/10.1016/j.jasrep.2018.02.048>
- Røed, K. H., Kvie, K. S., Losey, R. J., Kosintsev, P. A., Hufthammer, A. K. et al. 2020. Temporal and structural genetic variation in reindeer (*Rangifer tarandus*) associated with the pastoral transition in Northwestern Siberia. *Ecology and Evolution* 10: 9060–9072. <https://doi.org/10.1002/ece3.6314>
- Salmi, A.-K. 2022. Poron domestikaatio ja muinainen poronhoito. *Kalmistopiiri* 7.6.2022. <https://kalmistopiiri.fi/2022/06/07/poron-domestikaatio-ja-muinainen-poronhoito/> [viitattu 7.9.2023]
- Salmi, A., Äikäs, T., Spangen, M., Fjellström, M. & Mulk, I. 2018. Tradition and transformation in Sámi animal-offering practices. *Antiquity* 92: 472–489. <https://doi.org/10.15184/aqy.2018.20>
- Solala, H. 2021. *Suomalaisen hevოსrodun synty. Maataishevonen ja kotieläinjalostuksen kansainvälinen murros 1893–1907*. Tampereen yliopiston väitöskirjat 442. Tampere: Tampereen yliopisto.
- Stenøien, H. K., Sun, X., Martin, M. D., Scharff-Olsen, C. H., Alonso, G. H. et al. 2021. Genetisk opphav til den norskevenske ulvestammen (*Canis lupus lupus*). NTNU Vitenskapsmuseet naturhistorisk rapport 2021–11: 1–53. <https://ntnuopen.ntnu.no/ntnu-xmlui/handle/11250/2987985>
- Suomen Hippos 2022. Suomenhevosen jalostusohjelma. 3.3.2022. <https://www.hippos.fi/tiedostot/jalostusohjelma-sh-swe/> [viitattu 6.10.2023]
- Tikkanen, J. 2019. *Lauma – 1880-luvun lastensurmat ja susiviha Suomessa*. Helsinki: Otava.
- Valtonen, M. 2014. *Conservation genetics of the Saimaa ringed seal: insights into the history of a critically endangered population*. Publications of the University of Eastern Finland. Diss. 159. University of Eastern Finland: Joensuu. <https://erepo.uef.fi/handle/123456789/14480>

11

Proteiinien tutkimus täydentää muinais-DNA:sta saatavaa tietoa

Ulla Nordfors

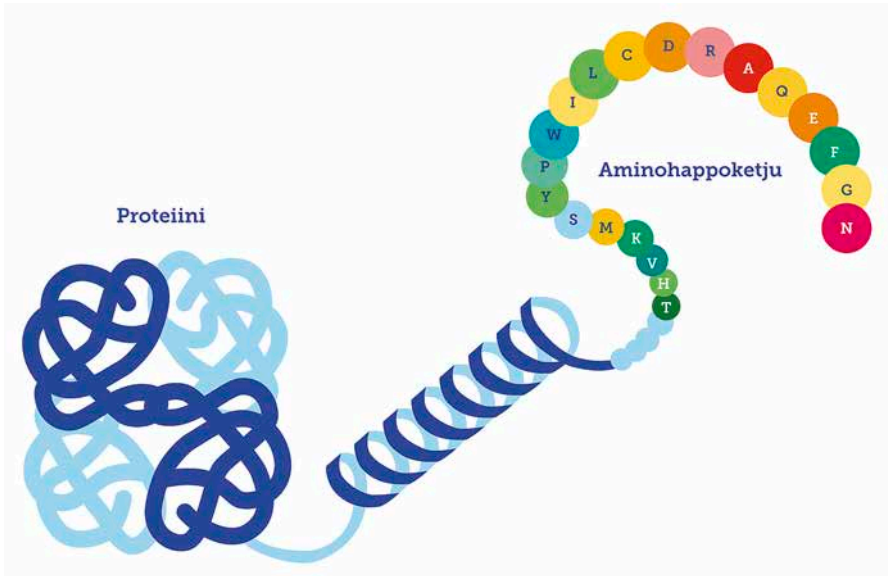
 <https://orcid.org/0000-0002-4213-4061>

Sofia Paasikivi

 <https://orcid.org/0000-0003-0841-1800>

Proteiinit ovat eliöiden rakenteelle ja elintoiminnoille välttämättömiä, sillä ne saavat aikaan kaikki solujen toiminnot. Eri proteiineilla on erilaisia tehtäviä. Ne muun muassa muodostavat eliön rakenteita, kuten ihoa, kynsiä, karvoja ja höyheniä (esimerkiksi kollageeni ja keratiini) ja osallistuvat elimistössä aineiden kuljettamiseen (esimerkiksi hemoglobiini) tai varastoimiseen (esimerkiksi ferritiini). Proteiinit ovat myös välttämättömiä immuunipuolustuksen ylläpitämisessä.

Proteiinit ovat rakenteeltaan kolmiulotteisia, mutta niiden perusrakenne koostuu aminohappojen muodostamista ketjuista (kuva 11.1). Vaikka aminohappoja on vain 20 erilaista, ne voivat asettua vaihtelevan mittaisiksi ketjuiksi erilaisina yhdistelminä, joissa kutakin aminohappoa merkitään tietyllä kirjainlyhenteellä. Esimerkiksi lihasproteiini titiiniin kuuluvassa aminohapposekvenssissä ITGYIVEK i-kirjain merkitsee aminohappo isoleusiinia, t-kirjain treoniinia, g-kirjain glysiiniä, y-kirjain tyrosiinia, ja niin edelleen. Pääpiirteissään arkeologinen proteiinitutkimus perustuu arkeologisista näytteistä eristettyjen aminohappojaksojen tunnistamiseen joko tiettyyn proteiiniin tai tietyn lajin proteiiniin kuuluvaksi.



Kuva 11.1. Yksinkertaistettu kuva proteiinin avatusta rakenteesta. Proteiinien perusosat ovat aminohappojen muodostamia ketjuja. Kuva: KMG Turku.

Proteiinien valmistamista ja toimintaa ohjaavat geenit. Koska DNA-tutkimuksella on **proteomiikkaa** pidemmät juuret, tunnetaan monet geenit paremmin kuin niiden tuottamat proteiinit. Esimerkiksi hypoteettiset proteiinit (engl. *hypothetical proteins*) ovat proteiineja, joita ei ole käytännössä havaittu, mutta joiden olemassaolo voidaan päätellä laskennallisen genetiikan pohjalta.⁶²⁴

Yksilön tai eliön elimistön toimintaan vaikuttavat proteiinit muodostavat **proteomin**, joka tarkoittaa elimistön tuottamien proteiinien kokonaisuutta. Eliön kuoleman jälkeen proteiinit hajoavat ja niissä tapahtuu muutoksia, aivan kuten DNA:ssakin. Tästä syystä arkeologisista aineistoista löydettävät proteiinit ovat katkonaisia, ja niiden joukossa on usein jonkin verran **kontaminaatiota**, joka on syntynyt esimerkiksi maaperässä. Kontaminaatio voi näkyä tuloksissa maaperäbakteerien ja maaperässä elävien sienten proteiineina.⁶²⁵

Rinnakkain tehtynä muinais-DNA-analyysi ja proteiinien tutkimus täydentävät toisiaan. Genetiikkaa voidaan hyödyntää esimerkiksi proteiini-

⁶²⁴ Chirgadze et al. 2023

⁶²⁵ ks. Hendy et al. 2018b

havaintojen varmentamisessa. Jos taas muinais-DNA antaa viitteitä jonkin taudinaiheuttajan läsnäolosta, on mielekästä tarkistaa tukevatko proteiini-analyysin tulokset tulkintaa. Joissain tapauksissa proteiineja on mahdollista löytää sellaisistakin arkeologisista näytteistä, joista muinais-DNA on pitkälle hajonnut.⁶²⁶ Kaikkia proteiinien säilymiseen vaikuttavia tekijöitä ei kuitenkaan vielä tunneta kattavasti ja toistaiseksi on epäselvää, onko Suomen aineistosta tehtävää muinais-DNA-tutkimusta haittaava hapan maaperä haaste myös proteiinien tutkimuksessa. Siksi Suomen arkeologisesta aineistosta olisikin hyödyllistä tehdä rinnakkaisia proteiini- ja DNA-tutkimuksia.

Proteiinitutkimus käytännössä

DNA-tutkimus ja proteomiikka kytkeytyvät monella tavalla läheisesti toisiinsa. Proteiinitutkimuksen näytteenotto tehdään tavallisesti samassa puhdistilaboratoriossa kuin muinais-DNA-tutkimuksen näytteenotto, sillä näytteet eivät saa kontaminoitua ulkopuolisella proteiiniaineksella. Näyte voidaan ottaa samasta kohdasta kuin muinais-DNA-näyte, ja näytemäärä pidetään pienenä.⁶²⁷ Koska myös proteiinianalyysi on tuhoava menetelmä, on erityisen tärkeää, että näytteeksi otetaan mahdollisimman pieni määrä tutkittavaa ainesta. Tämä on eettisesti kestävä tapa, jolla varmistetaan arvokkaiden ihmisjäännösten pysyminen mahdollisimman ehjinä.⁶²⁸ Myös uusia kajoamattomia (engl. *non-invasive*) näytteenottotapoja on kehitetty.⁶²⁹ Niiden avulla näytteistä saadut proteiinit saattavat kuitenkin rajoittua näytteen pinnalla oleviin proteiineihin. Kajoamattomia menetelmiä on sovellettu esimerkiksi muumiotutkimuksessa, jossa niillä on saatu talteen pääasiassa ihon pintaproteiineja, keratiineja. Ihmisjäännösten pintakerrokseen kohdistuvassa näytteenotossa on kuitenkin korostunut kontaminaatoriski verrattuna näytteeseen, joka porataan löydön, luun tai muumion sisältä.

⁶²⁶ esim. Brandt et al. 2022; Warinner et al. 2022

⁶²⁷ Noin 10–30 mikrogrammaa eli enimmillään noin nuppineulanpään kokoinen määrä lujajauhoa. Hammaskivestä riittävät yleensä tätäkin pienemmät näytteet, jotka voivat olla kooltaan vain pienen hiekanjyvän kokoisia.

⁶²⁸ Esim. Squires et al. 2019

⁶²⁹ Barberis et al. 2022; Multari et al. 2022

Näytteiden myöhempi käsittely tehdään proteiinilaboratoriossa, jossa työskentelyyn on osittain erilaisia sääntöjä kuin muinais-DNA-laboratoriossa työskentelyyn. Vaikka proteiinilaboratoriossakin pukeudutaan suoja-pukuun, suositellaan puvun alla käytettäväksi synteettisiä vaatemiaaleja kontaminaation minimoimiseksi. Näytteisiin ei haluta päätyvän esimerkiksi lampaalle kuuluvia proteiineja villavaatteista. Lisäksi työskennellessä on käytettävä lateksittomia käsineitä, sillä lateksi on kumipuun maitiaisnestettä ja sisältää siksi luonnostaan proteiineja.⁶³⁰

Arkeologista proteiinitutkimusta voidaan tehdä eri menetelmillä. Kaikissa keskeisenä on kuitenkin massaspektrometria, joka mahdollistaa proteiinien tunnistamisen tietyille lajille kuuluvaksi. Eläinlajien tunnistamisessa käytettävä proteomiikan menetelmä ZooMS hyödyntää niin sanottua peptidin massasormenjälki -metodia (engl. *Peptide mass fingerprinting*), jolla pyritään tunnistamaan eläinlaji tyyppin 1 kollageeni -proteiinille ominaisten peptidijaksojen perusteella.⁶³¹ Proteiinien sisältämien aminohappojen tunnistamista on tehty myös korkean suorituskyvyn nestekromatografian (HPLC) ja kaasukromatografia-massaspektrometrian (GC-MS) avulla.⁶³² Yleisesti käytetyssä ja tarkkana pidetyssä LC-MS/MS-menetelmässä⁶³³ proteiinit pilkkotaan **peptideiksi** laboratoriossa **entsyymien** avulla ja tuotetaan dataksi nestekromatografia-tandemmassaspektrometrillä (LC-MS/MS).⁶³⁴ Tällä menetelmällä on mahdollista saada esiin osia kaikista näytteen sisältämistä proteiineista.

Massaspektrometrin esiin saamat peptidit tunnistetaan alustavasti erilaisilla ohjelmistoilla. Sen jälkeen tunnistukset **autentikoidaan** eli varmennetaan vertaamalla tuloksia proteiinitietokantoihin, jotka sisältävät monien eri lajien tarkistettuja aminohapposekvenssejä. Autentikointiin ja tietokantoihin toisaalta liittyy proteiinitutkimuksen merkittävä ongelma. Ihmisen

630 ks. Hendy et al. 2018b

631 esim. Hendy 2021; 2023; Korzow Richter et al. 2022

632 Hendy 2021; 2023

633 Laboratoriomenetelmiä on erilaisia, ja eri menetelmillä saadut tulokset vaihtelevat. Laboratoriovaiheista ja -menetelmistä on julkaistu kuvauksia tutkimusartikkeleissa. Hendy et al. 2016 & Hendy et al. 2018b huomauttavat kuitenkin, että peptidien erottamiseen tarkoitettujen vanhempien laboratoriomenetelmien, kuten SDS-PAGE, eivät välttämättä sovellu arkeologisille näytteille, joissa hajoamisprosessit ovat ehtineet vaikuttaa proteiineihin.

634 esim. Hendy 2021; 2023; Korzow Richter et al. 2022, Kendall et al. 2016, Sawafuji et al. 2017, Cleland et al. 2016

ja tiettyjen laboratorioeläinten, kuten hiiren ja rotan, proteomit tunnetaan lähes täydellisesti. Monista muista lajeista tiedot voivat kuitenkin vielä olla epätäydellisiä ja puutteellisia, jolloin virheellisen lajinmäärityksen mahdollisuus kasvaa.⁶³⁵ Jessica Hendy kollegoineen kertoo analyysistä, jossa tutkittiin keskiaikaisen lampaan hampaasta eristettyjä proteiineja. Verrattaessa tuloksia Swiss-Prot-tietokantaan, pystyttiin vain noin 20 prosenttia proteiineista varmentamaan lampaalle kuuluviksi. Sen sijaan osa määrittyi tietokannan perusteella ihmiselle, hiirelle ja vuohelle kuuluviksi. Virhe pystyttiin lopulta yhdistämään siihen, että tutkijoiden löytämät lampaan proteiinit puuttuivat käytetystä tietokannasta.⁶³⁶

Monet molekyyliarkeologian tutkijat käyttävät BLAST-työkalua (*Basic Local Alignment Search Tool*), jolla voidaan vertailla esimerkiksi DNA:n nukleotidisekvenssiä tai proteiinien aminohapposekvenssejä. BLAST:n avulla tutkija voi verrata tutkittavaa proteiinia tietokannoissa oleviin sekvensseihin ja autentikoida esiin saatuja proteiineja. Mitä enemmän tutkittua ja julkaistua tietoa tietokantoihin on lisätty, sitä tarkempaa proteiinien tunnistusta on mahdollista tehdä (vrt. vastaavat haasteet DNA-massaviivakoodauksessa, luku 8). Proteiinitutkimusta kehitetään muun muassa DNA-analyysien avulla todentamalla tietyille lajeille uniikkeja peptidijaksoja.⁶³⁷

Esimerkkejä lajintunnistuksesta proteomiikan avulla

Arkeologinen proteiinitutkimus on erityisen hyödyllistä lajintunnistuksen apuna esimerkiksi silloin, kun **osteologinen analyysi** ei onnistu luunpalojen ollessa liian pieniä tai kun eläinperäistä materiaalia on muokattu käyttöesineeksi. Tällaisissa tapauksissa muinais-DNA-analyysi ei välttämättä ole mahdollinen, sillä näytteenotto saattaisi vaatia liian suurta palasta, eikä DNA:ta välttämättä ole säilynyt riittävästi. Kollageenin lajityypillisiin aminohapposekvensseihin perustuvalla ZooMS-menetelmällä on tehty lajintunnistusta muun muassa palamattomista eläinluista, hampaista sekä luu-, sarvi- tai nahkaesineistä.⁶³⁸

⁶³⁵ ks. ongelmista ja ratkaisuehdotuksista esim. Hendy et al. 2018b; Elnaggar et al. 2022

⁶³⁶ Hendy et al. 2018b

⁶³⁷ esim. Korzow Richter et al. 2020

⁶³⁸ Buckley et al. 2010; Korzow Richter et al. 2022; Korte 2024

Suo-olosuhteissa DNA ei säily hyvin, mutta proteiinien säilyminen on niissä osoittautunut mahdolliseksi. Tämä on helpottanut esimerkiksi noin 2 000 vuotta vanhojen tanskalaisten **suoruumiiden** vaatteiden tutkimusta. Eräässä tutkimuksessa tutkimusryhmä analysoi Haraldskærin suosta löytynyttä nahkaviittaa, jota oli jo kauan sitten ehdotettu hylkeennahasta valmistetuksi, sillä se muistutti Tanskan kansallismuseon etnografisessa kokoelmassa olevia grönlantilaisia vaatekappaleita.⁶³⁹ Proteiinianalyysi varmisti viitan materiaaliksi kuitenkin vuohennahan. Samassa tutkimuksessa myös Møgelmosen suosta löytynyt tunika osoittautui vuohennahkaiseksi. Møgelmosen tunikasta otetussa näytteessä havaittiin fetaalihemoglobiinia, joka on sikiökauden pääasiallinen hemoglobiinimuoto. Sitä erittyy vain noin kolmen kuukauden ikään saakka. Havainto kertoo siis, että tunika on valmistettu hyvin nuoren kilin nahasta. Koska nuoren eläimen nahka on täysikasvuisen eläimen nahkaa pehmeämpää, on sitä voitu käyttää vaateen materiaalina tarkoituksella.

Toisessa tanskalaistutkimuksessa turkislöytöjä pystyttiin määrittämään kuuluvaksi majavalle, jota ei esiinny Tanskassa.⁶⁴⁰ Vastaavasti Ruotsista Mälarenin ympäristöstä löytyneitä viikinkiaikaisia pelinappuloita on tunnistettu Pohjois-Atlantilla elävän pohjanmustavalaan (*Eubalaena glacialis*) luusta valmistetuksi ja Tanskan Hedebystä löytyneitä kampoja pohjoisemmassa Skandinaviassa elävän peuran (*Rangifer tarandus*) sarvista valmistetuiksi.⁶⁴¹ Nämä tutkimukset kertovat viikinkiajan esineiden valmistuspaikoista, raaka-aineiden hankintapaikoista ja kaupankäynnistä.

Suomessa ZooMS-menetelmää on hyödynnetty muun muassa vuohen historian tutkimuksessa. Vuohen ja lampaan historia Suomessa on pitkä, mutta näiden eläinten luiden erottaminen toisistaan osteologisin menetelmin on hyvin vaikeaa johtuen luuston samankaltaisuudesta (kuva 11.2). Lajeilla on kuitenkin voinut olla erilaisia kulttuurisia ja taloudellisia merkityksiä ja käyttötapoja. Suomen vanhin ajoitettu lampaan tai vuohen luu on löytynyt Pedersörestä Kiukaisten kulttuuriin (2500/2300–1900/1500 eaa.) kuulualta asuinpaikalta.⁶⁴² Kauhavan Perttulanmäen nuorakeraamisesta

639 Brandt et al. 2014

640 Brandt et al. 2022

641 Henniuss et al. 2018; Muñoz-Rodríguez et al. 2023

642 Bläuer & Kantanen 2013



Kuva 11.2. Turun kaupunkikaivauksilta löytynyt luuesine on tehty vuohen tai lampaan luusta. Vuohen ja lampaan luiden erottaminen toisistaan on hankalaa silmämääräisesti, mutta onnistuu proteomiikan avulla. Lajin tarkka tunnistaminen auttaa selvittämään eri eläinlajien merkityksiä eri aikoina. Kuva: Turun museokeskus, arkeologian kokoelma. CC BY 4.0.

(noin 2500–2300 eaa.) haudasta on tunnistettu vuohen fossiloitunut karva,⁶⁴³ mutta vanhin radiohiiliajoitus varmuudella vuohelle kuuluvasta luusta on toistaiseksi vasta rautakaudelta. Auli Bläuerin tutkimuksessa selvitettiin Sastamalan Ristimäen rautakautiselta muinaisjäännökseltä löytyneiden lampaan tai vuohen luiden kuulumista tietylle lajille.⁶⁴⁴ Luut tunnistettiin vuohen luiksi ZooMS-menetelmän avulla ja ne ajoitettiin radiohiilimenetelmällä 500–600-lukujen vaihteeseen. Bläuerin tutkimusten mukaan vuohi oli keskiajan Suomessa merkittävä karjaeläin, mutta niiden määrän väheneminen 1900-luvulle tultaessa kuvastaa eläimen muuttunutta asemaa karjataloudessa ja heijastelee siihen historiallisella ajalla liitettyä mielikuvaa ”köyhän miehen lehmänä”.⁶⁴⁵ Pohdinta vuohen merkityksestä kaukaisemmassa historiassa vaatisi kuitenkin tutkimuksia, joissa tarkkoja lajimäärityksiä ja ajoituksia olisi tehty enemmän.

Kristiina Mannermaan tutkimuksessa on puolestaan ZooMS-menetelmää hyödyntäen selvitetty, että osa Äänisellä sijaitsevan Olenij Ostrovin mesoliittisen (6400–6000 eaa.) kalmiston luuriipuksista on valmistettu

⁶⁴³ Ahola et al. 2018

⁶⁴⁴ Bläuer et al. 2022: 1953

⁶⁴⁵ Bläuer et al. 2022

ihmisluusta.⁶⁴⁶ Ihmisluusta valmistettuja esineitä tunnetaan myös muualta samanaikaisesta Euroopasta, joten niiden löytyminen myös Ääniseltä voi viitata siihen, että ihmisluun käyttäminen raaka-aineena oli mesoliittisella kivikaudella laajalle levinnyt tapa. Turun kaupunkikaivausten löytöihin kuuluvien keskiaikaisten luukampojen ZooMS-tutkimukset puolestaan ovat osoittaneet, että kampoja on valmistettu naudan ja hevosen luusta.⁶⁴⁷

Proteiinit kertovat ihmisen terveydestä, vastustuskyvystä ja sairastamisesta

Muinaisten ihmisten terveydentilan ja sairauksien tutkimus on parhaimmillaan eri menetelmien monialaista yhteistyötä, sillä arkeologian, osteologian, genetiikan ja proteomiikan menetelmät tukevat ja täydentävät toisiaan (ks. luku 7). Arkeologisessa proteomiikassa yksilön terveydentilan tutkimukseen soveltuu toistaiseksi parhaiten LC-MS/MS-menetelmä, jonka avulla näytteestä on mahdollista tunnistaa useita eri proteiineja.⁶⁴⁸ Esimerkiksi egyptiläisistä muumioista on menetelmän avulla löydetty kehon luontaiseen puolustusjärjestelmään liittyviä **immunoproteiineja**.⁶⁴⁹ Valitut laboratoriomenetelmät vaikuttavat kuitenkin lopputulokseen. Kun näytteessä olevia proteiineja tunnistetaan LC-MS/MS-menetelmällä, tuloksissa korostuvat ne proteiinit, joita näytteessä on eniten. Arkeologisissa luu- ja hammasnäytteissä jopa 90 prosenttia jäljellä olevasta aineksestä on yleensä kollageenia. Vaikka kollageeni on hyödyllinen lajitunnistuksessa, ihmisen terveyttä tutkiessa on oleellisempaa tutkia ei-kollageenisia proteiineja (*non-collagenous proteins*, NCP). Kollageenin suuri määrä näytteessä saattaa hukuttaa alleen muita tutkimuksen kannalta kiinnostavia proteiineja. Lisäämällä laboratorioprosessiin erityisesti kollageenia tuhoava entsyymi, on näytteestä mahdollista saada esiin enemmän ihmisen immuunijärjestelmän toimintaan liittyviä proteiineja.⁶⁵⁰

Immunoproteiinit suojaavat yksilöä taudinaiheuttajilta ja sairauksilta. Vuonna 2024 julkaistussa tutkimuksessa havaittiin, että Espanjassa keski-

⁶⁴⁶ Mannermaa et al. 2022

⁶⁴⁷ Korte 2024

⁶⁴⁸ Hendy et al. 2016

⁶⁴⁹ Jones et al. 2016

⁶⁵⁰ Wilkin et al. 2024

aikaisen leprahospitaalin hautausmaalle haudatuilta vainajilta, joilla oli lepran aiheuttamia luumuutoksia, oli löydettävissä leprapotilailla yleisiä immunoproteiineja.⁶⁵¹ Suurin osa immunoproteiineista ei kuitenkaan ole spesifejä tietyille taudille tai sairaudelle, vaan elimistö tuottaa niitä minkä tahansa tulehdustilan yhteydessä. Esimerkiksi immunoglobuliini A:n tuotanto voi kohota tietyissä autoimmuunisairauksissa tai pitkäaikaisissa infektioidissa, ja myös puolustusjärjestelmän viestinviejinä toimivien sytokiiniinien tuotanto lisääntyy infektioiden aikana. Toisaalta muutkin tekijät, kuten ylipaino, voivat vaikuttaa immunoproteiinien määrän kohoamiseen.⁶⁵² Siksi immunoproteiinien esiintyminen arkeologisessa näytteessä ei välttämättä kerro, onko vainajalla ollut jokin tietty tauti. Sen sijaan tuloksia tulee käsitellä osana kokonaisuutta, johon kuuluu muun muassa vainajan luustossa tai hampaissa näkyvien pitkäaikaisesta tulehduksesta kertovien merkkien tarkastelu ja taudinaiheuttajien perimän etsiminen näytteistä muinais-DNA-tutkimuksen avulla.

Koska kaikkien eliöiden DNA tuottaa proteiineja, on myös proteomiikan avulla mahdollista etsiä arkeologisesta aineistosta taudinaiheuttajia ja loisia. Vuonna 2011 julkaistiin tutkimus, jossa raportoitiin unkarilaisesta muinaisnäytteestä peptidin massasormenjälki -menetelmällä löydetty tuberkuloosia aiheuttava *Mycobacterium tuberculosis* -bakteeri.⁶⁵³ Tutkimusta on sittemmin kritisoitu, sillä siinä *M. tuberculosis* -bakteerin tunnistuksessa oli käytetty useille eri mykobakteereille yhteisiä aminohappoketjuja.⁶⁵⁴ Kaikilla mykobakteereilla on hyvin samankaltainen proteomi, eikä nimenomaan tuberkuloosia aiheuttavalle *M. tuberculosis* -bakteerille ominaisia aminohappoketjuja vielä tunneta. Näin ollen on toistaiseksi mahdotonta käyttää proteomiikkaa erottamaan arkeologisesta aineistosta tuberkuloosin aiheuttajaa harmittomista maaperäbakteereista, jotka kuuluvat samaan *Mycobacterium*-sukuun.⁶⁵⁵ Myöhemmin on myös havaittu, että peptidin massasormenjälki -menetelmä ei sovellu hyvin yksittäisten proteiinien havaitsemiseen näytteestä, toisin kuin aiemmin mainittu LC-MS/MS-menetelmä.

⁶⁵¹ Wilkin et al. 2024

⁶⁵² de Heredia et al. 2012

⁶⁵³ Boros-Major et al. 2011

⁶⁵⁴ Hendy et al. 2016

⁶⁵⁵ Hendy et al. 2016

Vuonna 2017 julkaistiin tutkimus proteiineista, joka olivat säilyneet Saksan Heuneburgin rautakautisesta kalmistosta (600–450 eaa.) löytyneessä keramiikka-astiassa.⁶⁵⁶ Astiasta tunnistettiin useita proteiineja, joista suurin osa oli peräisin ihmisen verestä ja sisäelimestä. Tutkimuksen mukaan kaksi löytyneistä peptideistä oli spesifejä Krimin-Kongon verenvuotokuumeetta aiheuttavalle nairovirukselle, jota levittävät *Hyalomma marginatum*-puutiaiset. Sisäelinten ja veren laittaminen astiaan osana hautausrituaalia selittäisi viruksen joutumisen astiaan. Vaikka tutkimus oli toteutettu luotettavana pidetyllä LC-MS/MS-menetelmällä, sitä on kritisoitu siitä, että näytteen laboratorioskäsitely on tehty samassa laboratoriossa, jossa käsitellään myös Krimin-Kongon verenvuotokuumeen aiheuttavaa virusta.⁶⁵⁷ Näin ollen kontaminaation riski on ollut erittäin suuri, eikä tutkimustulos ole luotettava. Teoriassa tulos olisi kuitenkin mahdollinen, sillä taudinaiheuttaja voi kulkeutua Eurooppaan muuttolintujen mukana.⁶⁵⁸ Euroopassa on myös voinut esiintyä erilaisia puutiaisia ja niiden levittämiä tauteja etenkin nykyistä lämpimämpinä ajanjaksoina, jolloin esimerkiksi *Hyalomma*-puutiaiselle oli alueella otolliset elinolosuhteet.⁶⁵⁹ Tapaus osoittaa kuitenkin hyvin, minkälaisia seikkoja proteiinien käsittelyssä ja tutkimuksessa on huomioitava.

Esimerkkinä helposti määritettävistä bakteereista ovat **parodontiittia**, hampaan kiinnityskudosten tulehdusta, aiheuttavat niin sanotut **punaisen kompleksin** (engl. *red complex*) bakteerilajit: *Porphyromonas gingivalis*, *Tannerella forsythia* ja *Treponema denticola*.⁶⁶⁰ Esimerkiksi *P. gingivalis*-bakteerista tunnetaan sille uniikkeja aminohappoketjuja, minkä lisäksi bakteerin proteiinien tutkiminen on mahdollista yhdistää muinais-DNA:han sekä vainajan hampaissa ja leukaluussa havaittaviin osteologisiin muutoksiin (kuva 11.3).⁶⁶¹ *P. gingivalis*-bakteeria on tunnistettu hammaskiven proteiinitutkimuksissa esimerkiksi Seilin kirkon kryptaan haudatulta vainajalta, joka on menehtynyt

656 Wiktorowicz et al. 2017

657 Warinner et al. 2022

658 Lindeborg et al. 2012; Myös Suomesta on tehty yksittäisiä havaintoja lajista, ks. Sormunen et al. 2021.

659 vrt. *Hyalomma*-puutiaisen leviäminen Euroopassa nykyisin ilmaston lämmitessä: Celina et al. 2023

660 esim. Mackie et al. 2017; Zhang et al. 2021

661 ks. esim. Mackie et al. 2017 ja Jersie-Christensen et al. 2018



Kuva 11.3. Kariuksen aiheuttamia vaurioita Pälkäneen rauniokirkolta löytyneen 1800-luvun alussa menehtyneen vainajan hampaassa ja leukaluussa. Suun bakteeriston tutkimus hyötyy proteiini- ja DNA-analysien yhdistämisestä. Kuva: Anniina Kuha.

1700-luvun lopulla.⁶⁶² Yleisesti ottaen punaisen kompleksin lajit ovat näyttemääriin suhteutettuna yleisempiä arkeologisessa aineistossa kuin modernissa aineistossa, mikä kertoo ientulehduksen olleen menneisyydessä yleisempää kuin nykyisin. Punaisen kompleksin lajien historiallisia ja moderneja kantoja on myös mahdollista tunnistaa muinais-DNA-tutkimuksen avulla.⁶⁶³

Ientulehdus linkittyy myös moniin **systemisiin sairauksiin**, kuten sydän- ja verisuonisairauksiin, Alzheimerin tautiin, tyypin 2 diabetekseen, rasvamaksaan ja reumasairauksiin.⁶⁶⁴ Christina Warinner löysi Saksassa sijaitsevan Dalheimin keskiaikaisen (n. 950–1200 jaa.) luostarin vainajien hammaskivestä DNA- ja proteiinitutkimusten avulla 40 bakteerilajia, joilla tiedetään olevan yhteys systemisiin sairauksiin.⁶⁶⁵ Systemisten sairauksien tutkiminen pelkäästään suun terveyden kautta ei kuitenkaan toistaiseksi ole

662 Seilin vainajan hammaskiven DNA-tutkimus on tätä kirjoittaessa vielä kesken, mutta bakteeri pystyttiin tunnistamaan luotettavasti jo proteiinianalysin avulla.

663 Warinner et al. 2014, Velsko et al. 2017, Jersie-Christensen et al. 2018

664 Hajishengallis & Chavakis 2021

665 Warinner et al. 2014

arkeologiassa mahdollista, mutta lääketieteen ja arkeologian menetelmien yhteen sovittaminen saattaa avata kiinnostavia mahdollisuuksia systeemisten sairauksien tutkimukseen tulevaisuudessa. Lääketieteessä on tutkittu proteomiikan hyödyntämistä esimerkiksi sydän- ja verisuonisairauksien tutkimisessa ja diagnosoinnissa.⁶⁶⁶ Monet systeemiset sairaudet, kuten tyyppin 2 diabetes tai sydänsairaudet, ovat **monitekijäisiä** eli niihin vaikuttavat useat eri geenit ja ympäristö. Monet näitä sairauksia indikoivista proteiineista edellyttävät kuitenkin proteiinimäärien havaitsemista.⁶⁶⁷ Hajoamisprosessien vuoksi arkeologisesta aineistosta ei ainakaan toistaiseksi voi luotettavasti havaita proteiinien määriä, ainoastaan niiden läsnäoloa.

Proteiinitutkimus ruoan ja elinkeinojen jäljillä

Proteiinien tutkimus arkeologisista astioista, ruokailuvälineistä (kuva 11.4) tai vainajien hammaskivestä tuottaa merkittävää lisätietoa menneisyyden ruokakulttuureista ja elinkeinoista. Tämä on vakiintunein proteomiikan muoto, ja sillä on ollut erityisen suuri merkitys maitotuotteiden käytön tutkimuksessa.⁶⁶⁸ Lehmän, lampaan ja monen muun nisäkkään maidossa esiintyy β -laktoglobuliini-heraproteiinia (BLG), joka on yleisin hammaskivinäytteistä löytyvä maitoproteiini.⁶⁶⁹ Ihmisen maidossa sitä ei kuitenkaan esiinny, sillä ihmisen geenit eivät koodaa tätä proteiinia. BLG-proteiinia pidetään konkreettisenä todisteena siitä, että henkilö on nauttinut eläessään eläimen maitoa.

BLG säilyy melko hyvin erilaisissa olosuhteissa, ja lisäksi eri eläinlajien maitoproteiinien aminohapposekvenssit ovat erilaisia, minkä vuoksi ne on helppo erottaa toisistaan.⁶⁷⁰ Proteiinitutkimuksella onkin pystytty tutkimaan eri eläinlajien maidon hyödyntämistä eri paikoissa ja eri aikoina, esimerkiksi jakin maidon käyttöä 1200-luvun Mongoliassa.⁶⁷¹ Maidonkulutuksen leviämisen tutkimus antaa mahdollisuuden ymmärtää paremmin esimerkiksi Euraasian aroilta Eurooppaan suuntautuneita kivi- ja pronssikautisia muutto-

⁶⁶⁶ Nurmohamed et al. 2022, Joshi et al. 2021

⁶⁶⁷ Esim. Steffen et al. 2016

⁶⁶⁸ esim. Ventresca Miller et al. 2023, Tang et al. 2023 ja Wilkin et al. 2023

⁶⁶⁹ Hendy et al. 2018a

⁶⁷⁰ ks. esim. Hendy et al. 2018a; Warinner et al. 2022; Wilkin et al. 2021

⁶⁷¹ Ventresca Miller et al. 2023



Kuva 11.4. Viikinkiaikainen (800–1050 jaa.) sarvilusikka Pirkkalan Tursiannotkosta. Lusikan valmistamiseen käytetty eläinlaji olisi mahdollista tunnistaa proteomiikan avulla. Ehkä lusikasta olisi mahdollista myös tutkia, mitä sillä on syöty. Kuva: Museovirasto, arkeologian kuvakokoelma. CC BY 4.0.

liikkeitä. Proteiinitutkimuksen tuottama lisätieto ravinnosta on mahdollista kytkeä muun muassa arkeologisiin merkkeihin karjanhoidosta sekä geneettiseen tietoon muuttoliikkeistä ja laktoosinsietokyvyn yleistymisestä (ks. myös luku 6). Proteiinitutkimusta on tehty myös Pälkäneen rauniokirkolta arkeologisissa kaivauksissa löydettyjen keskiaikaisten vainajien hammaskivestä, mutta maitoproteiineja ei yksilöillä havaittu. Ei tiedetä, johtuuko tämä siitä, että maitoproteiinit eivät jostain syystä ole säilyneet vai siitä, että nämä yksilöt eivät merkittävästi käyttäneet maitoa tai maitotuotteita.

Lihankäytön tutkimus proteomiikan avulla ei ole yhtä helppoa, sillä proteiineista voidaan tunnistaa lähinnä eläinten verestä peräisin olevaa hemoglobiinia. Monet lihasten ja luiden yleisimmistä proteiineista (esimerkiksi keratiini, aktiini ja myosiini) ovat **konservoituneiden geenien** tuottamia, eli niissä on vain vähän muuntelua lajien välillä. Siksi näistä proteiineista peräisin olevia peptidejä ei välttämättä ole mahdollista tunnistaa lajilleen.⁶⁷² Lisäksi laboratoriossa käytettävät **reagenssit** saattavat sisältää eläinperäisiä proteiineja. Tästä syystä ravintoaineiden tutkimuksessa ei yleensä kiinnitetä huomiota kollageeniin, keratiiniin tai munaproteiineihin, jotka voivat olla merkki sekundaarisesta kontaminaatiosta – siitäkin huolimatta, että tämä saattaa jättää aitoja jälkiä nautitusta ravinnosta huomiotta.⁶⁷³

⁶⁷² Hendy et al. 2018a

⁶⁷³ Hendy et al. 2018a

Veriruokiin viittaavia proteiineja on tutkittu kupariastioista. Huokoiset keraamiset astiat säilövät proteiineja huonosti, mutta kuparin antimikrobiset ominaisuudet mahdollistavat niiden paremman säilymisen. Vuonna 2023 julkaistussa tutkimuksessa pystyttiin osoittamaan, että pronssikaudella Mustanmeren rannalla sijainneen Maikopin kulttuurin (3500–2500 eaa.) alueella on valmistettu kupariastioissa lampaan, vuohen ja naudan verestä veripohjaisia ruokia mahdollisesti jopa samalla menetelmällä kuin nykyisinkin.⁶⁷⁴ Eläinproteiineihin liittyvien ongelmien vuoksi eläinperäisen ruokavalion tutkimusta on kuitenkin hedelmällisintä tehdä yhdistämällä muinais-DNA-tutkimuksen ja proteomiikan menetelmiä sekä stabiili-isotooppitutkimuksia.⁶⁷⁵ Muinais-DNA-tutkimuksissa hammaskivistä onkin löydetty eläinperäisiä DNA-sekvenssejä, jotka todennäköisesti ovat peräisin yksilön nauttimasta ravinnosta.⁶⁷⁶

Hammaskivessä voi myös olla säilynyt kasviproteiineja, vaikka toistaiseksi niiden havaitseminen on ollut melko vähäistä. Tämä voi johtua esimerkiksi siitä, että ruokien kypsentäminen on vaikuttanut proteiinien säilymiseen tai että proteiinien erottamiseen käytetyt menetelmät eivät vielä sovellu hyvin kasviproteiinien talteen saamiseen. Hammaskivitutkimuksissa on kuitenkin tunnistettu joitakin viljojen proteiineja ja pystytty erottamaan toisistaan kasvien eri osia, kuten siemeniä ja lehtiä.⁶⁷⁷ Ravinnon tutkimuksen lisäksi kasviproteiinit voivat myös tarjota uusia näkökulmia tuotteisiin, joita menneisyydessä on käytetty kaupanteon välineinä. Eteläisestä Irakista on raportoitu 1500-luvulle eaa. ajoittuvista keramiikka-astioista löytyneitä soijapapujen proteiineja, joiden on tulkittu olevan merkki kaupankäynnistä, jossa soijasta valmistetut öljytuotteet ovat kulkeneet pitkiä matkoja Itä-Aasiasta nykyisen Irakin alueelle.⁶⁷⁸ Erilaisten ruoka-aineiden ja syötävien tuotteiden kauppa kertoo ravinnon lisäksi kontakteista, ihmisten liikkumisesta sekä siitä, millaisia tuotteita on arvostettu niin paljon, että niiden kuljettaminen pitkien matkojen päähän on ollut mielekästä.

⁶⁷⁴ Wilkin et al. 2023

⁶⁷⁵ Hendy et al. 2018a

⁶⁷⁶ Warinner et al. 2014

⁶⁷⁷ Hendy et al. 2018a

⁶⁷⁸ Chowdhury et al. 2021

Proteiinit paljastavat kuoleman jälkeisiä olosuhteita

Tafonomialla tarkoitetaan arkeologiassa kaikkia niitä tekijöitä, jotka vaikuttavat löytöjen ja arkeologisten jäännösten säilymiseen ja jotka muokkaavat löytöyhteyksiä esimerkiksi liikuttamalla jäännöksiä. Erilaiset biologiset ja kemialliset prosessit sekä ympäristötekijät, kuten happamuus, kosteus tai lämpötila, vaikuttavat orgaanisen aineksen hajoamiseen. Biologiset ja kemialliset olosuhteet voivat vaihdella samankin arkeologisen kohteen sisällä eri tekijöistä johtuen. Tästä syystä vierekkäin tehdyissä haudoissa voi olla erilaiset olosuhteet. Lisäksi maaperässä elävien organismien toiminta tai esimerkiksi kasvien juuret voivat vaikuttaa jäännöksiin ja löytöihin esimerkiksi siirtämällä tai vaurioittamalla niitä.

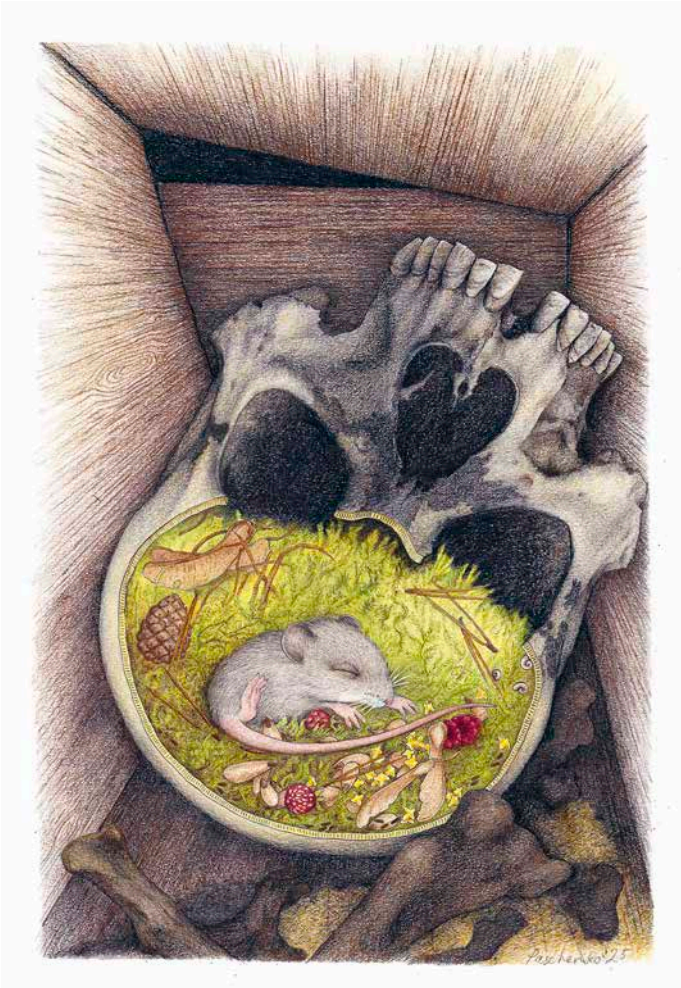
Proteiinitutkimuksessa voi tulla esiin erilaisten hautausympäristöstä kertovien hajottajabakteerien ja lahottajien proteiineja. Lisäksi tulokset voivat kertoa muunlaisesta hautausympäristössä tapahtuneesta toiminnasta. Seilin kirkossa tehdyssä arkeologisessa tutkimuksessa dokumentoitiin kryptaan 1700-luvulla tehtyjä hautauksia.⁶⁷⁹ Dokumentoinnin yhteydessä yhden kallon sisällä havaittiin jyräjän pesä, johon eläin oli kuljettanut kasviainesta (kuva 11.5). Aiemmissa tutkimuksissa hiirien ja myyrien on havaittu käyttävän kirkkojen lattioiden alla sijaitsevia hautoja pesinä ja ruoansäilytyspaikkoina.⁶⁸⁰ Seilin kallon hampaasta otetusta hammaskivinäytteestä löydettiin jyräjän kollageenille tyypillisiä proteiineja. Osa näistä proteiineista tunnistettiin tietokantojen avulla rotalle kuuluvaksi (*Rattus rattus/norvegicus*). Toisesta Seilin kryptan haudasta otetusta, arkun pohjamateriaalia sisältävästä näytteestä puolestaan tunnistettiin kotihiirelle (*Mus musculus*) ominaista proteiinia, joka tietokannan mukaan oli eläimen nenäontelon limakalvoilla sijaitseva tuoksuja sitova proteiini (OBP).

Vaikka rotan ja hiiren proteomit tunnetaan hyvin, on tietokannoissa silti vielä aukkoja. Kallon sisältä löytyneet papanat eivät nimittäin kuuluneet rotalle vaan hiirelle. Hiiren OBP-proteiini puolestaan sisältää identtisiä aminohapposekvenssejä hiiren virtsasta löytyvien proteiinien kanssa.⁶⁸¹ Proteiininalyysin tuloksia selittääkin se, että rotalle ja hiirelle yhteinen proteiini

⁶⁷⁹ Moilanen & Paasikivi 2023

⁶⁸⁰ Tranberg 2018: 53

⁶⁸¹ Pes & Pelosi 1995



Kuva 11.5. Tutkimukseen perustuva piirros Seilin kirkon kryptasta tehdystä löydöstä: pääkallon sisällä olleesta jyrsijän pesästä. Piirroksessa on huomioitu pesästä tunnistettu kasviaines, jonka on analysoinut Mia Lempiäinen-Avci. Piirros: Veronika Paschenko.

löytyy tietokannasta vain rotan kohdalta, ja eri proteiineille yhteiset sekvenssit löytyvät vain tietyn proteiinin kohdalta. Proteiinianayksien tuloksia tulkittaessa onkin aina huomioitava tietokantojen rajoitteet. Tietokannat kuitenkin täydentyvät koko ajan, ja tulevaisuudessa proteomiikan avulla on kenties mahdollista tutkia myös tafonomisia prosesseja, jotka vaikuttavat orgaanisen aineksen säilymiseen erilaisissa hautausolosuhteissa tai vaikkapa asuinpaikkojen maaperässä. Näitä tutkimuksia voisi tehdä paitsi hautaan lasketuista ihmisistä, eläimistä ja muista materiaaleista, mahdollisesti myös erilaisista maaperässä elävistä mikrobeista ja hajottajista.

Proteomiikan tulevaisuus arkeologisena tutkimusmenetelmänä

Arkeologista proteiinitutkimusta verrataan usein sen lähialaan, arkeogenetiikkaan.⁶⁸² Jo nyt proteiinitutkimus on osoittautunut hyödylliseksi menetelmäksi DNA-tutkimuksen rinnalla; esimerkiksi malarian tutkimus egyptiläisistä muumioista on onnistunut luotettavimmin muinais-DNA-analyyysien ja proteomiikan yhdistelmillä.⁶⁸³ Proteiinien avulla on jopa mahdollista täydentää muinais-DNA-tutkimukseen jääviä aukkoja, kuten soista löytyneiden rautakautisten nahkavaatteiden tutkimus osoittaa. Proteiinien tutkimus voi myös tuottaa lisätietoa ihmisen terveydentilasta, ruokavaliosta ja kulttuurisista käytänteistä, kuten eläinten hyödyntämisestä ja merkityksestä sekä yhteisöjen toiminnoista ja kontakteista. Proteiinitutkimus voi myös tuoda uuden menetelmän biologisen sukupuolen tunnistamiseen DNA-tutkimuksen rinnalle, sillä hampaan kehityksen aikana erittyvä hammaskiilteen proteiini amelogeniini on osoittautunut sukupuolispesifiksi. Amelogeniiniin perustuvaa sukupuolenmäärittystä onkin jo kokeiltu arkeologiseen aineistoon onnistuneesti.⁶⁸⁴

Arkeologinen proteiinitutkimus on kuitenkin huomattavasti arkeogenetiikkaa nuorempi ala, ja siksi monia alaan liittyviä menetelmiä ja julkaisukäytäntöjä vasta kehitetään.⁶⁸⁵ Tutkimusten toistettavuus, menetelmien jatkuva kehittyminen ja tulosten kriittinen tarkastelu edellyttävät avointa datan jakamista aivan kuten genetiikassakin. Lisäksi arkeologiseen proteiinitutkimukseen liittyy vielä monia avoimia kysymyksiä, kuten ikään-tymisprosessien ja erilaisten ympäristöolosuhteiden vaikutus proteiinien säilymiseen.⁶⁸⁶ Selvää kuitenkin on, että proteiineilla tulee olemaan koko ajan merkittävämpi rooli arkeologisessa tutkimuksessa erityisesti muinais-DNA-tutkimuksen rinnalla.

682 esim. Warinner et al. 2022

683 Loufouma Mbouaka et al. 2021

684 Lugli et al. 2019; Brůžek et al. 2024; Wright et al. 2024

685 Henty et al. 2018b

686 esim. Anisimova et al. 2018; Henty 2021; Mickleburgh et al. 2021

Tutkimuskirjallisuus

- Ahola, M., Kirkinen, T., Vajanto, K., & Ruokolainen, J. 2018. On the scent of an animal skin: new evidence on Corded Ware mortuary practices in Northern Europe. *Antiquity* 92(361): 118–131. <https://doi.org/10.15184/aqy.2017.188>
- Anisimova, A. S., Alexandrov, A. I., Makarova, N. E., Gladyshev, V. N. & Dmitriev, S. E. 2018. Protein synthesis and quality control in aging. *Aging (Albany NY)* 10(12): 4269–4288. <https://doi.org/10.18632/aging.101721>
- Barberis, E., Manfredi, M., Ferraris, E., Bianucci, R. & Marengo, E. 2022. Non-invasive paleo-metabolomics and paleo-proteomics analyses reveal the complex funerary treatment of the early 18th dynasty dignitary NEBIRI (QV30). *Molecules* 27(21): Article 21. <https://doi.org/10.3390/molecules27217208>
- Bläuer, A. & Kantanen, J. 2013. Transition from hunting to animal husbandry in Southern, Western and Eastern Finland: New Dated Osteological Evidence. *Journal of Archaeological Science* 40: 1646–66. <https://doi.org/10.1016/j.jas.2012.10.033>
- Bläuer, A., Solala, H., Kinnunen, J. & Rannamäe, E. 2022. Multidisciplinary history of goats in Finland: A comparative approach. *Heritage* 5: 1947–1959. <https://doi.org/10.3390/heritage5030101>
- Boros-Major, A., Bona, A., Lovasz, G., Molnar, E., Marcsik, A. et al. 2011. New perspectives in biomolecular paleopathology of ancient tuberculosis: a proteomic approach. *Journal of Archaeological Science* 38(1): 197–201. <https://doi.org/10.1016/j.jas.2010.09.008>
- Brandt, L. Ø., Schmidt, A. L., Mannering, U., Sarret, M., Kelstrup, C. D. et al. 2014. Species identification of archaeological skin objects from Danish bogs: Comparison between mass spectrometry-based peptide sequencing and microscopy-based methods. *PLoS One* 9(9): e106875. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0106875>
- Brandt, L. Ø., Taurozzi, A. J., Mackie, M., Sinding, M.-H. S., Vieira, F. G. et al. 2022. Palaeoproteomics identifies beaver fur in Danish high-status Viking Age burials – direct evidence of fur trade. *PLoS One*, July 27, 2022. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0270040>
- Brůžek, J., Mikšík, I., Pilmann Kotěrová, A., Morvan, M., Drtikolová Kaupová, S. et al. 2024. Undertaking the biological sex assessment of human remains: The applicability of minimally-invasive methods for proteomic sex estimation from enamel peptides. *Journal of Cultural Heritage* Vol. 66, 2024: 204–214. <https://doi.org/10.1016/j.culher.2023.11.021>
- Buckley, M., Whitcher Kansa, S., Howard, S., Campbell, S., Thomas-Oates, J. et al. 2010. Distinguishing between archaeological sheep and goat bones using a single collagen peptide. *Journal of Archaeological Science*, Vol. 37, Issue 1, 2010: 13–20, <https://doi.org/10.1016/j.jas.2009.08.020>
- Celina, S. S., Černý, J. M. & Samy, A. 2023. Mapping the potential distribution of the principal vector of Crimean-Congo haemorrhagic fever virus Hyalomma marginatum in the Old World. *PLoS Neglected Tropical Diseases* 17(11): e0010855. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0010855>
- Chirgadze, Y. N., Boshkova, E. A., Kargatov, A. M., & Chirgadze, N. Y. 2023. Functional identification of 'hypothetical protein' structures with unknown function. *Journal of Biomolecular Structure and Dynamics* 41(11), 5362–5366. <https://doi.org/10.1080/07391102.2022.2085806>
- Chowdhury, M. P., Campbell, S. & Buckley, M. 2021. Proteomic analysis of archaeological ceramics from Tell Khaiber, Southern Iraq. *Journal of Archaeological Science* 132: 105414. <https://doi.org/10.1016/j.jas.2021.105414>
- Cleland, T. P., Schroeter, E. R., Feranec, R. S. & Vashishth, D. 2016. Peptide sequences from the first *Castoroides ohioensis* skull and the utility of old museum collections for palaeoproteomics. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 283: 20160593 <https://doi.org/10.1098/rspb.2016.0593>
- Elnaggar, A., Osama, A., Anwar, A. M., Ezzeldin, S., Elhassa, S. A. et al. 2022. Paleoproteomic profiling for identification of animal skin species in ancient Egyptian archaeological leather using liquid chromatography coupled with tandem mass spectrometry (LC-MS/MS). *Heritage Science* 10: 182. <https://doi.org/10.1186/s40494-022-00816-0>
- Hajishengallis, G. & Chavakis, T. 2021. Local and systemic mechanisms linking periodontal disease and inflammatory comorbidities. *Nature Review Immunology* 21: 426–440. <https://doi.org/10.1038/s41577-020-00488-6>
- Hendy, J., Collins, M., Teoh, K. Y., Ashford, D. A., Thomas-Oates, J. et al. 2016. The challenge of identifying tuberculosis proteins in archaeological tissues. *Journal of Archaeological Science* 66: 146–153. <https://doi.org/10.1016/j.jas.2016.01.003>

- Hendy, J., Warinner, C., Bouwman, A., Collins, M. J., Fiddyment, S. et al. 2018a. Proteomic evidence of dietary sources in ancient dental calculus. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 285: 20180977. <https://doi.org/10.1098/rspb.2018.0977>
- Hendy, J., Welker, F., Demarchi, B., Speller, C., Warinner, C. et al. 2018b. A guide to ancient protein studies. *Nature Ecology and Evolution* 2: 791–799. <https://doi.org/10.1038/s41559-018-0510-x>
- Hendy, J. 2021. Ancient protein analysis in archaeology *Science Advances* 7: eabb9314. <https://doi.org/10.1126/sciadv.abb9314>
- Hendy, J. 2023. Archaeological Proteomics. Teoksessa: Pollard, A. M., Armitage, R. A. & Makarewicz, C. A. (toim.) *Handbook of Archaeological Sciences*. 2nd Edition: 501–510. Hoboken: John Wiley & Sons Ltd. <https://doi.org/10.1002/9781119592112.ch24>
- Hennius, A., Gustavsson, R., Ljungkvist, J., & Spindler, L. 2018. Whalebone Gaming Pieces: Aspects of Marine Mammal Exploitation in Vendel and Viking Age Scandinavia. *European Journal of Archaeology* 21(4): 612–631. <https://doi.org/10.1017/eea.2018.15>
- de Heredia, F. P., Gómez-Martínez, S. & Marcos, A. 2012. Obesity, inflammation and the immune system. *Proceedings of the Nutrition Society* 71(2): 332–338. <https://doi.org/10.1017/S0029665112000092>
- Jersie-Christensen, R. R., Lanigan, L. T., Lyon, D., Mackie, M., Belstrøm, D. et al. 2018. Quantitative metaproteomics of medieval dental calculus reveals individual oral health status. *Nature Communications* 9(1): 1. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-07148-3>
- Jones, J., Mirzaei, M., Ravishankar, P., Xavier, D., Lim, D. et al. 2016. Identification of proteins from 4200-year-old skin and muscle tissue biopsies from ancient Egyptian mummies of the first intermediate period shows evidence of acute inflammation and severe immune response. *Philosophical Transactions of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences* 374: 20150373. <http://doi.org/10.1098/rsta.2015.0373>
- Joshi, A., Rienks, M., Theofilatos, K. & Mayr, M. 2021. Systems biology in cardiovascular disease: a multi-omics approach. *Nature Review Cardiology* 18: 313–330. <https://doi.org/10.1038/s41569-020-00477-1>
- Kendall, R., Hendy, J., Collins, M., Millard, A. R. & Gowland, R. 2016. Poor preservation of antibodies in archaeological human bone and dentine, *STAR: Science & Technology of Archaeological Research* 2:1, 15–24. <https://doi.org/10.1080/20548923.2015.1133117>
- Korte, A. 2024. Luukampojen proteiinianalyysi. Turun keski- ja uuden ajan luukampojen materiaalien lajitunnistus. Pro gradu, Turun yliopisto, Turku. <https://www.utupub.fi/handle/10024/177760>
- Korzow Richter, K., McGrath, K., Masson-MacLean, E., Hickinbotham, S., Tedder, A. et al. 2020. What's the catch? Archaeological application of rapid collagen-based species identification for Pacific Salmon. *Journal of Archaeological Science* 116: 105116. <https://doi.org/10.1016/j.jas.2020.105116>
- Korzow Richter, K., Codlin, M., C., Seabrook, M. & Warinner, C. 2022. A primer for ZooMS applications in archaeology. *PNAS* 119(20): e2109323119. <https://doi.org/10.1073/pnas.2109323119>
- Lindeborg, M., Barboutis, C., Ehrenborg, C., Fransson, T., Jaenson, T. G. T. et al. 2012. Migratory birds, ticks, and Crimean-Congo Hemorrhagic Fever virus. *Emerging Infectious Diseases* 18(12): 2095–2097. <https://doi.org/10.3201/eid1812.120718>
- Loufouma Mbouaka, A., Gamble, M., Wurst, C., Jäger, H. Y., Maixner, F. et al. 2021. The elusive parasite: comparing macroscopic, immunological, and genomic approaches to identifying malaria in human skeletal remains from Sayala, Egypt (third to sixth centuries AD). *Archaeological and Anthropological Sciences* 13: 115. <https://doi.org/10.1007/s12520-021-01350-z>
- Lugli, F., Di Rocco, G., Vazzana, A., Genovese, F., Pinetti, D. et al. 2019. Enamel peptides reveal the sex of the Late Antique 'Lovers of Modena'. *Scientific Reports* 9: 13130. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-49562-7>
- Mackie, M., Hendy, J., Lowe, A. D., Sperduti, A., Holst, M. et al. 2017. Preservation of the metaproteome: Variability of protein preservation in ancient dental calculus. *STAR: Science & Technology of Archaeological Research* 3(1): 58–70. <https://doi.org/10.1080/20548923.2017.1361629>
- Mannermaa, K., Malyutina, A., Zubova, A. & Gerasimov, D. 2022. First evidence of human bone pendants from Late Mesolithic Northeast Europe, *Journal of Archaeological Science: Reports* 43: 103488. <https://doi.org/10.1016/j.jasrep.2022.103488>
- Mickleburgh, H. L., Schwalbe, E. C., Bonicelli, A., Mizukami, H., Sellitto, F. et al. 2021. Human bone proteomes before and after decomposition: Investigating the effects of biological variation and taphonomic alteration on bone protein profiles and the implications for forensic proteomics. *Journal of Proteome Research* 20(5): 2533–2546. <https://doi.org/10.1021/acs.jproteome.0c00992>
- Moilanen, U. & Paasikivi, S. 2023. Source discrepancies in post-medieval archaeology – a case study of crypt burials at Seili church, Finland. *Mortality* 29(3): 466–483. <https://doi.org/10.1080/13576275.2023.2174840>

- Multari, D. H., Ravishankar, P., Sullivan, G. J., Power, R. K., Lord, C. et al. 2022. Development of a novel minimally invasive sampling and analysis technique using skin sampling tape strips for bioarchaeological proteomics. *Journal of Archaeological Science* 139: 105548. <https://doi.org/10.1016/j.jas.2022.105548>
- Muñoz-Rodríguez, M., Presslee, S., McGrath, K., Hausmann, N., Hilberg, V. et al. 2023. In the footsteps of Ohthere: Biomolecular analysis of early Viking Age hair combs from Hedeby (Haithabu). *Antiquity* 97(395): 1233–1248. <https://doi.org/10.15184/aqy.2023.118>
- Nurmohamed, N. S., Belo Pereira, J. P., Hoogeveen, R. M., Kroon, J., Kraaijenhof, J. M. et al. 2022. Targeted proteomics improves cardiovascular risk prediction in secondary prevention. *European Heart Journal* 43(16), 1569–1577. <https://doi.org/10.1093/eurheartj/ehac055>
- Pes, D. & Pelosi, P. 1995. Odorant-binding proteins of the mouse. *Comparative Biochemistry and Physiology Part B: Biochemistry and Molecular Biology* 112(3): 471–479.
- Sawafuji, R., Cappellini, E., Tomohito, N. Fotakis, A. K., Jersie-Christensen, R. R. et al. 2017. Proteomic profiling of archaeological human bone. *Royal Society Open Science* 4: 161004. <https://doi.org/10.1098/rsos.161004>
- Sormunen, J. J., Klemola, T. & Vesterinen, E. J. 2021. Ticks (Acari: Ixodidae) parasitizing migrating and local breeding birds in Finland. *Experimental and Applied Acarology* 86: 145–156. <https://doi.org/10.1007/s10493-021-00679-3>
- Squires, K., Booth, T. & Roberts, C. A. 2019. The ethics of sampling human skeletal remains for destructive analyses. Teoksessa: Squires, K., Errickson, D., Márquez-Grant, N. (toim.) *Ethical approaches to human remains*. Cham: Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-030-32926-6_12
- Steffen, P., Kwiatkowski, M., Robertson, W. D., Zarrine-Afsar, A. Deterra, D. et al. 2016. Protein species as diagnostic markers. *Journal of Proteomics* 134: 5–18. <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2015.12.015>
- Tang, L., Wilkin, S., Richter, K. K., Bleasdale, M., Fernandes, R. et al. 2023. Paleoproteomic evidence reveals dairying supported prehistoric occupation of the highland Tibetan Plateau. *Science Advances* 9(15): eadfo345. <https://doi.org/10.1126/sciadv.adfo345>
- Tranberg, A. 2018. *Ympäristön ja ihmisen subteen muuttuminen Perämeren rannikolla varhaismodernina aikana: makrofossiiliutkimus kasvien käytöstä muuttuvassa maailmassa*. Acta Universitatis Ouluensis, B Hum 161. Oulu: Oulun yliopisto.
- Velsko, I. M., Fellows Yates, J. A., Aron, F., Hagan, R. W., Frantz, L. A. F. et al. 2017. The dental calculus metabolome in modern and historic samples. *Metabolomics* 13 (11) 134. <https://doi.org/10.1007/s11306-017-1270-3>
- Ventresca Miller, A. R., Wilkin, S., Bayarsaikhan, J., Ramsøe, A., Clark, J. et al. 2023. Permafrost preservation reveals proteomic evidence for yak milk consumption in the 13th century. *Communications Biology* 6(1). <https://doi.org/10.1038/s42003-023-04723-3>
- Warinner, C., Rodrigues, J., Vyas, R., Trachsel, C., Shved, N. et al. 2014. Pathogens and host immunity in the ancient human oral cavity. *Nature Genetics* 46: 336–344. <https://doi.org/10.1038/ng.2906>
- Warinner, C., Korzow Richter, K. & Collins, M. J. 2022. Paleoproteomics. *Chemical Reviews* 122(16): 13401–13446. <https://doi.org/10.1021/acs.chemrev.1c00703>
- Wiktorowicz, C, Arnold, B., Wiktorowicz, J. E., Murray, M. L. & Kurosky, A. 2017. Hemorrhagic fever virus, human blood, and tissues in Iron Age mortuary vessels. *Journal of Archaeological Science* 78: 29–39. <https://doi.org/10.1016/j.jas.2016.11.009>
- Wilkin, S., Ventresca Miller, A., Fernandes, R., Spengler, R., Taylor, W. T.-T. et al. 2021. Dairying enabled Early Bronze Age Yamnaya steppe expansions. *Nature* 598: 629–633. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03798-4>
- Wilkin, S., Hommel, P., Ventresca Miller, A., Boivin, N., Pedergrana, A. et al. 2023. Curated cauldrons: Preserved proteins from early copper-alloy vessels illuminate feasting practices in the Caucasian steppe. *iScience* 26(9): 107482. <https://doi.org/10.1016/j.isci.2023.107482>
- Wilkin, S, Lanigan, L. T., Montes, N., Sharma, M., Avanzi, C. et al. 2024. Sequential trypsin and ProAlanase digestions unearth immunological protein biomarkers shrouded by skeletal collagen. *iScience*, 27(5): 109663. <https://doi.org/10.1016/j.isci.2024.109663>
- Wright, S. L., Rayfield, K. M., Singleton, R. R., Hughes, K., Soficaru, A. et al. 2024. Ancient DNA and paleoproteomic analysis on Roman Imperial-era individuals from Histria, Romania. *Journal of Archaeological Science: Reports* 56(104510). <https://doi.org/10.1016/j.jasrep.2024.104510>
- Zhang, Z., Liu, D., Liu, S., Zhang, S. & Pan, Y. 2021. The role of Porphyromonas gingivalis outer membrane vesicles in periodontal disease and related systemic diseases. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology* 10. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2020.585917>

12

Suomessa puhutut kielet kivikaudelta rautakauden loppuun

Minerva Piha

 <https://orcid.org/0000-0003-1307-8491>

Suomen alueella ihmisen menneisyys ulottuu 11 000 vuoden taakse, jolloin Veiksel-jääkausi päättyi. Esihistoriallisena aikana eläneiden ihmisten toimintaa on tutkittu erityisesti arkeologian ja viime aikoina yhä enemmän myös genetiikan menetelmillä (ks. luku 3). Myös kielitieteellä on oma osansa Suomen alueen menneisyyden tutkimuksessa. Tässä luvussa tarkastellaan, mitä kielitieteessä on viime aikoina saatu selville Suomen alueen esihistoriasta. Keskeisenä tavoitteena on vastata kysymykseen siitä, mitä kieliä Suomen alueen asukkaat ovat puhuneet. Näkökulma on erityisesti esihistoriallisissa ajoissa.

Ihmisen puhekyky on tutkimuksissa yhdistetty erityisesti *FOXP2*-geenin toimintaan.⁶⁸⁷ Huolimatta siitä, että geenit vaikuttavat kykyyn omaksua ja tuottaa kieltä, geenit eivät määritä sitä, mitä kieltä ihmiset puhuvat. DNA ei sisällä myöskään tietoa sellaisista kulttuurisista käytänteistä, joihin kieli liittyy. Kielten syntymistä ja muuttumista ajan saatossa ei siis voi suoraan yhdistää geeniperimään, vaan mieluummin esimerkiksi kulttuurissa ja ympäristössä tapahtuviin muutoksiin. Uusien teknologioiden kehittäminen tai asuinpaikan vaihtaminen vaikuttavat siihen, että kieleen tarvitaan uusia sanoja, joita sitten esimerkiksi lainataan muista kielistä. Näissä prosesseissa

⁶⁸⁷ Enard et al. 2002; Fisher 2019

geeniperimällä ei ole kovin suurta osaa, vaikka väestöliikkeet ovatkin voineet siirtää sekä geneejiä että kieliä.

Uralilaiseen kielikuntaan kuuluvan suomen kielen alkuperästä oltiin kiinnostuneita jo 1700-luvulla, jolloin Henrik Gabriel Porthan arveli suomalaisten tulleen Suomen alueelle idästä ajanlaskun alun aikaan.⁶⁸⁸ Sitä ennen Suomen alueella uskottiin asuneen ”lappalaisia”, jotka suomalaiset karkottivat tullessaan.⁶⁸⁹ Näiden ensimmäisten tutkimusten jälkeen käsitykset suomen kielen alkuperästä ovat vaihdelleet: On esitetty, että suomi on tullut Suomeen rautakaudella ja toisaalta, että suomi tai jokin sitä edeltänyt uralilainen kielimuoto on ollut Suomessa jääkauden lopusta lähtien. Tutkimuksessa suosittu ja laajimmin hyväksytty näkemys 1980-luvulta 2000-luvun alkuvuosiin asti oli, että suomen edeltäjää kantasuomea on puhuttu **kampa-
keraamisen kulttuurin** (n. 5000–3000 eaa.) piirissä. Tuolloinkin esitettiin, että suomi on tullut Suomeen idästä Volgan mutkan tienoilta.⁶⁹⁰

Nykyiset käsitykset suomen kielen alkuperästä ja saapumisesta Suomen alueelle syntyivät 1900- ja 2000-lukujen vaihteessa. Nykytiedon mukaan suomi on tullut Suomeen ajanlaskun alun tienoilla, kuten Porthan jo reilut kaksisataa vuotta sitten arveli. 1900-luvulla kiinnostuksen kohteina olivat pääasiassa suomen kielen historia ja kontaktit germaaniin kieliin. Saamen kielestä kiinnostuttiin 1900-luvun loppupuolella. Nykyään tiedetään, että Suomen alueen kielellinen esihistoria on ollut huomattavasti aiemmin luultua monikielisempi, eivätkä nykyiset valtakielet välttämättä ole olleet esihistoriallisena aikana nykyisessä valta-asemassaan.

Nykytutkijoiden ja koko nyky-yhteiskunnan näkemykset ja tarpeet määrittävät sitä, mitä ja miten tutkitaan. Esimerkiksi 1900-luvulla oli itsenäistymisen ja sotien takia tärkeää tukea Suomen suomalaisuutta myös historiallisen kielitieteen voimin – kansallisuuspoliittisten näkemysten juuret ovat jo 1800-luvun romantiikassa, joka Suomessa oli kansallisromantiikan lähtökohta.⁶⁹¹ Tähän liittyi myös se, että saamen kielillä ja kulttuureilla ei nähty olevan tulevaisuutta, mikä osaltaan vaikutti saamelaisten pakko-suomalaistamiseen.

688 Häkkinen 1996: 79

689 Aikio & Aikio 2001: 2

690 Ks. eri teorioista Piha 2020 ja lähteet siellä.

691 ks. esim. Häkkinen 1996: 14; Tieteen termipankki s.v. kansallisromantiikka

Alkuperäiskansatutkimus syntyi 1900-luvun loppupuolella, ja sen näkökulmat ja menetelmät on otettu 2000-luvulla käyttöön myös saamentutkimuksessa. Alkuperäiskansatutkimuksen ja varmasti kasvavan monikulttuurisuuden myötä vähemmistönäkökulmat ovat tulleet myös menneisyyttä tutkivien tieteenalojen menetelmiksi. Ennen kaikkea saamelaiset ovat itse alkaneet kertoa omaa näkemystään historiasta ja painottaneet sitä, miten enemmistöväestöt ovat vaikuttaneet siihen, että saamelaisista on tehty näkymätön ja historiaton kansa.⁶⁹² Tämä näkyy historiallisessa kielentutkimuksessa esimerkiksi siten, että saamen kielten menneisyyden tutkimus on lisääntynyt, ja tehdyt tutkimukset osoittavat saamalla olleen merkittävä asema Fennoskandian historiassa. Nykyisellä kielihistoriallisella tiedolla pystytään perustelemaan myös saamelaisten alkuperäiskansastatus: nykyisin Suomen alueella puhutuista kielistä saamen kieli on ollut täällä ensimmäisenä. Samalla ajatukset suomalaisten lähes kymmentuhatuotisesta historiasta nykyisen Suomen alueella ovat menettäneet kannatustaan.⁶⁹³

Kielihistorialliset tutkimusmenetelmät

Esihistoriallisena aikana Suomen alueella puhutuista kielistä on mahdollista saada tietoa ainakin neljällä kielitieteen menetelmällä. Nämä menetelmät ovat lainasana- ja paikannimitutkimus, substraattikielten tutkimus sekä sukukielten historiallis-vertaileva tutkimus.

Historiallis-vertailevassa kielentutkimuksessa selvitetään kielten menneisyyttä. Kielten rakennetta ja sanastoa vertailemalla kielet voidaan järjestää kielikuntiin niin, että runsaasti samanlaisia piirteitä ja aineksia sisältävät kielet lasketaan samaan kielikuntaan kuuluviksi. Yhteisten ainesten perusteella pyritään ennallistamaan eli rekonstruoimaan käsitys nykykielten yhteisestä kantakielestä. Uralilaiseen kielikuntaan kuuluvat kielet, joihin suomikin kuuluu, palautuvat kaikki yhteiseen uralilaiseen kantakieleen. Uralilainen kantakieli on eriytynyt murteiksi, jotka ovat ajan saatossa kehittyneet uusiksi kieliksi, jotka ovat taas voineet murteutua ja kehittyä uusiksi kieliksi. Tällaisia kielenkehityksen vaiheita tunnetaan esimerkiksi

⁶⁹² Ranta & Kanninen 2019: 33–34

⁶⁹³ ks. esim Piha 2020: 46–50

suomen kielen historiassa useita: uralilaisesta kantakielestä eriytyi saamelais-, mordvalais- ja itämerensuomalaiskielten sekä joidenkin nykyään jo kuolleiden kielten yhteinen kantakieli länsiurali. Länsiuralista mainitut kolme kieliryhmää kehittyivät kantasuomeksi, -saameksi ja -mordvaksi. Nämä kantakielet voidaan edelleen jakaa useampaan vaiheeseen: sekä suomen että saamen kantakieli jaetaan kolmeen osaan – varhaiseen, keskiseen ja myöhäiseen vaiheeseen.⁶⁹⁴

Jos jokin aines näkyy kielikunnan ääripäissä, vaikkapa sekä suomessa että sen kaukaisimmissa sukulaisissa, samojedikielissä, voidaan olettaa aineksen periytyvän yhteisestä kantakielestä. Jos jokin aines löytyy vaikkapa vain suomesta ja sen lähisukukielestä virosta, voidaan arvella, että se kuuluu yhteiseen kantakieleen, mutta ei välttämättä periydy kantauralista vaan kantasuomesta, joka on suomen ja viron yhteinen kantakielivaihe. Kanta-uralista periytyminen vaatii sen, että aines löytyy **taksonomisesti** toisilleen mahdollisimman kaukaisista sukukielistä.

Kieli muuttuu ajan saatossa: siihen tulee uusia sanoja ja äännteitä esimerkiksi kielikontaktien seurauksena, mutta kielessä tapahtuu myös sisäistä kehitystä, jota kutsutaan äänntenmuutokseksi. Äännteet voivat erilaisten prosessien seurauksena muuttua aikojen kuluessa. Nämä muutokset ovat säännöllisiä, eli ne tapahtuvat samantyyppisessä äänneympäristössä aina samalla tavalla. Esimerkkinä toimikoon kantasuomessa tapahtunut äänntenmuutos *ti* > *si*. Tämä tarkoittaa, että *t*-äänne on muuttunut *s*-äänneeksi kaikissa sanoissa, joissa se on ollut äännten *i* edellä eikä sitä ole edeltänyt konsonantti *t*, *s* tai *h* (tai *š [ʃ], sillä *ti* > *si*-muutoksen aikaan kantasuomesa ei ollut vielä *h*-äännettä, joka korvasi *š:n vasta myöhemmin).⁶⁹⁵ Tämän muutoksen seurauksena esimerkiksi lukusana **viiti* '5' on muuttunut muotoon *viisi*. Alkuperäinen *t* on kuitenkin säilynyt taivutusmuodoissa, joissa *t*-äännettä ei olekaan seurannut *i*: *viitenä*, *viittä*. Muita esimerkkejä *ti* > *si*-muutoksesta ovat *käsi:kätenä* ja *vesi:vetenä*. Tällaiset äänntenmuutokset, jotka vaikuttavat kielessä laajalti, ovat siis syitä kielen muuttumiselle ja sille, että kielentutkijat pystyvät erottamaan useita toisiaan seuraavia kielivaiheita.

⁶⁹⁴ Ks. historiallis-vertailevasta menetelmästä esim. Häkkinen 1997, Lehtinen 2007

⁶⁹⁵ Kallio 2007: 235–236; Lehtinen 2007: 99–98. Huomaa, että asteriski (*) ennen kielenaineista tarkoittaa sitä, että kyseessä on rekonstruoitu äänne tai sanan kantamuoto eli tutkijoiden nykykielten pohjalta rakentama muoto.

Edellä mainittu *ti* > *si*-muutos oli yksi niistä äänne- ja muoto- muutoksista, jotka merkitsevät kehitystä keskikantasuomesta myöhäiskantasuomeen.

Lainasanatutkimus on keskeinen keino, kun halutaan selvittää kielten välisiä kontakteja, ja uralilaisten kielten kohdalla myös kontaktien ja kielimuotojen ikää. Pohjois-Euroopan uralilaisista kielistä ei ole kirjallisia lähteitä ennen keskiaikaa, minkä takia uralilaisten kielten tutkijoilla ei ole mahdollisuutta niiden avulla vertailla nykyisten kielimuotojen eroja keskiaikaa edeltäviin kielimuotoihin. Usein tällaiset asiakirjalähteet olisi mahdollista myös ajoittaa arkeologisilla tai luonnontieteellisillä ajoitusmenetelmillä, jolloin saadaan myös lähteessä olevan kielimuodon ikä selville. Tällaista ajoitusmahdollisuutta ei siis uralilaisilla kielillä ole, mutta Pohjois-Euroopassa puhutuilla indoeurooppalaiseen kielikuntaan kuuluvilla kielillä sellaisia on: ensimmäiset arkeologisesti löydettyt germaanisella kielimuodolla kirjoitetut riimukirjoitukset ovat peräisin vuoden 200 tienoilta jaa. Riimukirjoitukset on kirjoitettu kantaskandinaavilla.⁶⁹⁶ Kantaskandinaavista kehittyivät muun muassa nykyiset norjan ja ruotsin kielet.

Suomessa puhutuilla uralilaisilla kielillä eli suomella, karjalalla sekä pohjois-, inarin- ja koltansaamalla on runsaasti germaanisista kielimuodoista lainattuja sanoja. Arkeologisten riimukirjoitusten perusteella voidaan arvioida, että ne uralilaiset kielimuodot, jotka ovat lainanneet sanoja kantagermaanista, ajoittuvat suunnilleen esiroomalaiselle rautakaudelle 500–1 eaa., riimukirjoitusta edeltävään aikaan. Kantaskandinaavista taas lainattiin sanoja alkaen 200-luvulta jaa.⁶⁹⁷

Vertailevan kielentutkimuksen menetelmillä Suomen alueen uralilaisille kielille, eli suomelle, karjalalle ja saamelle, voidaan ennallistaa eri kielivaiheita: suomelle, karjalalle ja muille suomen lähisukukielille⁶⁹⁸ yhteinen kantasuomi ja saamelaiskielille yhteinen kantasaame tarkempine kielivaiheineen. Lainasanatutkimuksen avulla puolestaan saadaan joillekin näille kielivaiheille absoluuttinen ajoitus. Lisäksi lainasanat kertovat tietenkin, mitä kieliä puhuttiin niiden kielten lähistöllä, joihin sanoja lainattiin.

⁶⁹⁶ Aikio 2004: 26

⁶⁹⁷ Luvun kaikki kieliä koskevat ajoitukset ovat arvioita, sillä useimmiten esihistoriallisen ajan kieliä ei voi ajoittaa vuosikymmenen tai edes vuosisadan tarkkuudella.

⁶⁹⁸ Suomen lähimpiä sukukieliä ovat itämerensuomalaiset kielet eteläviro, inkeroinen, karjala, liivi, lyydi, vatja, vepsä ja viro.

Paikannimitutkimus kiinnittää kielen johonkin maantieteelliseen paikkaan. Jos maantieteelliseltä alueelta löytyy paikannimiä, jotka ovat peräisin tietystä kielestä, on kieltä puhuttu kyseisellä alueella. Paikannimien ikää voidaan tutkia samoilla vertailevilla ja lainasanatutkimuksen menetelmillä kuin kielen muutakin sanastoa, joskin paikannimitutkimuksessa on myös omia piirteitään.⁶⁹⁹ Paikannimet voivat paljastaa myös, milloin kieltä on puhuttu alueella, jolta paikannimiä löytyy. Suomesta tunnetaan ainakin suomalais-, saamelais- ja germaanisperäisiä samoin kuin kauan sitten kuolleista, tuntemattomista muinaiseurooppalaisista kielistä peräisin olevia paikannimiä.

Substraattikielten tutkimuksessa taas tutkitaan, millaista substraattivaikutusta näkyy nykypäivänä puhutuissa kielissä tai jonkin alueen paikannimistössä. Substraattivaikutus tarkoittaa jo alueelta hävinneen kielen vaikutusta nykykielessä.⁷⁰⁰ Viime aikoina on tutkittu muun muassa saamen kielistä löytyvää muinaiseurooppalaista substraattia sekä Suomen ja lähialueiden paikannimistössä näkyviä substraattielementtejä.⁷⁰¹

Kielessä näkyvä substraattivaikutus keskittyy erityisesti tiettyihin **semanttisiin kenttiin**: maantieteelliseen alueeseen, jossa kielikontaktit tapahtuvat, alueelle tyypillisiin eläinten nimityksiin, topografiisiin termeihin sekä säähän ja ilmastoon liittyviin sanoihin. Alueelle tulevien uuden kielen puhujien on helpompi lainata tällaiset sanat alueella alun perin puhutusta kielestä kuin keksiä ihan omia uusia sanoja, jotka sopivat kyseisen alueen luonnonoloihin. Substraattivaikutuksena voidaan pitää sanoja, joille ei ole pystytty määrittämään alkuperää mistään nykyään puhutusta kielestä ja joissa on kohdekielelle vieraita rakenteita kuten äänneitä. Lisäksi tällaisia sanoja täytyy olla paljon, jotta voidaan puhua substraattivaikutuksesta.⁷⁰²

Substraattivaikutus paikannimissä tarkoittaa sitä, että jonkin alueen paikannimissä näkyy sellaisen kielen vaikutusta, jota alueella ei enää puhuta. Edellä paikannimitutkimuksen yhteydessä mainitut muinaiseurooppalaiset, jotkin germaanisperäiset ja eteläisen Suomen saamelaisperäiset paikannimet, kuten jäljempänä esiteltävät *Harjavalta*, *Haubo*, *Kymi*, *Iso-Kukkamo*, *Kukainen*, *Moitusmaa*, *Konnevesi* ja *Kontankallio*, ovat substraattinimiä suomen kielessä.

699 Paikannimien kielihistoriallisesta tutkimuksesta ks. Ainiala et al. 2008: 61–70; 114–131.

700 Wahlström & Lindstedt 2020: 564

701 Aikio 2004; 2012; Saarikivi 2006; Rahkonen 2013

702 Aikio, 2004: 9–10

Kielten leviämisestä, säilymisestä ja häviämisestä

Esihistoriallisena aikana kielet levisivät useimmiten siten, että jonkin kielen puhujat siirtyivät syystä tai toisesta uudelle alueelle ja jatkoivat kielensä puhumista siellä. Kyseessä ei tavallisesti ollut massamuutto, jossa kokonainen kieliyhteisö jättää alkuperäiset asuinseutunsa taakseen ja siirtyy kokonaan uudelle alueelle. Uudelle alueelle tulleita uuden kielen puhujia on voinut olla vain muutamia, tai heitä on voinut saapua vähän kerrallaan pitkän ajan kuluessa. Aina heidän kielensä ei välttämättä ole säilynyt, vaan puhujat ovat omaksuneet alueen alkuperäisen kielen ja muutaman sukupolven kuluessa unohtaneet omansa, josta toki on voinut jäädä substraattivaikutusta alueella käytössä säilyneeseen kieleen. Joskus on voinut käydä toisin päin: uusi kieli-tulokas onkin korvannut alueen alkuperäisen kielen.⁷⁰³ Tällaisissa tapauksissa uuden kielen puhujien geneettinen vaikutus alueen aiempaan väestöön on voinut olla pieni tai jopa olematon. On myös mahdollista, että uuden kielen puhujat eivät ole eronneet alkuperäisestä väestöstä geneettisesti.

Sen, mikä kieli säilyy ja mikä häviää, on katsottu liittyvän siihen, minkä kielen käytöstä on ollut suurin hyöty, mitä kieltä on pidetty suurimmassa arvossa tai mitä kieltä puhutaan eniten ja laajimmin yhteiskunnassa tai yhteisössä. Puhutaan **prestiisikielistä**, eli kielistä, jotka säilyvät muiden kielten kustannuksella esimerkiksi jonkin kielenulkoisen tekijän vaikutuksesta. Prestiisikielen puhujilla voi olla hallussaan vaikkapa jokin innovaatio, mikä lisää kielenkin arvostusta. Nykyajan prestiisikieliä voivat olla esimerkiksi koulutuksen tai valtion hallinnon kielet – tästä näkökulmasta esimerkiksi suomi on prestiisikieli saameen nähden. Toisaalta saamelaiset ovat usein joutuneet käyttämään suomea pakotettuina eivätkä prestiisisyistä. Usein, mutta ei aina, prestiisikieli on myös sellainen kieli, jolla on eniten puhujia alueen muihin kieliin suhteutettuna.⁷⁰⁴

Toisaalta prestiisikieliset voivat olla myös niin sanottuja *lingua franca* -kieliä eli kieliä, joita käytetään erikielisten puhujien välisessä kommunikaatiossa. Nykypäivänä englantia voisi olla tällainen *lingua franca*, jota osataan laajalti länsimaissa yhteiskunnissa, joiden ensikieli on jokin muu.⁷⁰⁵

703 Ks. esim. Häkkinen 1997: 230–231

704 Esim. Matras 2009: 45–46

705 Wahlström & Lindstedt 2020: 564

Englanti on prestiisikieli myös sikäli, että englanninkielisistä maista tulee runsaasti muunkielisten suosimaa viihdettä.

Kielten häviäminen ei yleensä tapahdu yhdessä yössä, vaan se vaatii monta sukupolvea ja ainakin yhden sukupolven kaksikielisyyden. Kielten vaihtuminen ja häviäminen vaativat myös monikielisiä yhteisöjä,⁷⁰⁶ joissa on prestiisikieli, jota kaikki tai lähes kaikki osaavat. Kielet eivät useinkaan häviä niin, että yhden kielen puhujat hävittäisivät väkivaltaisesti kaikki toisen kielen puhujat. Saamelaisten pakkosuomalaistaminen tosin on tapahtunut henkisen väkivallan keinoin esimerkiksi kieltämällä saamen puhuminen.⁷⁰⁷

Kivikauden kielet (9000–1700 eaa.)

Suomessa kivikaudella puhutuista kielistä emme tiedä juuri mitään. Arkeologisen aineiston perusteella on selvää, että Suomessa on asunut ihmisiä kivikaudella. Ihmisten jäännökset eivät kuitenkaan ole säilyneet Suomen happamassa maaperässä, joten heidän geeniperimäänsä ei ole toistaiseksi päästy tutkimaan, vaikka esimerkiksi purupihka tarjoaa siihen mahdollisuuksia (ks. luku 1). Kivikaudenkin ihmiset ovat käyttäneet jotakin kieltä tai todennäköisemmin joitakin kieliä (kuva 12.1). Näitä kieliä voi kutsua muinaiseurooppalaisiksi kieliksi, jotka ovat hävinneet kauan sitten. Suomessa ja sen lähialueilla puhuttujen muinaiseurooppalaisten kielten tutkimus on ollut viime aikoina esillä suomalais-ugrilaisen kielentutkimuksen ja saamen kielten tutkimuksen piirissä. Tutkimus on kuitenkin keskittynyt niihin kieliin, joista on nähtävissä elementtejä nykyään puhuttavissa suomessa ja saamessa ja jotka siten voidaan ajoittaa rautakaudelle. Nykytutkimuksen menetelmillä ei ole mahdollista selvittää, ovatko rautakautiset muinaiseurooppalaiset kielet samoja kuin kivikautiset. Todennäköistä kuitenkin on, että ennen rautakautta Suomen alueella puhutut kielet ovat ehtineet vaihtua useaan kertaan.⁷⁰⁸

706 Ks. monikielisyydestä ja sen tutkimuksesta esim. Kalliokoski 2009; Matras 2009: luvut 2 ja 3; Wahsltröm & Lindstedt 2020: 570–571.

707 Ks. esim. Ranta ja Kanninen 2019.

708 Piha 2020: 48



Kuva 12.1. Kivikaudella Suomen aluetta asuttaneen kampakeraamisen väestön puhumaa kieltä ei tunneta. Kuva: Ulla Nordfors.

Kivikauden loppupuolella Suomen rannikon arkeologiseen aineistoon ilmestyy **nuorakeraamisen kulttuurin** mukana uutuuksia: nuorapainanteista keramiikkaa, vasarakirveitä ja viitteitä karjanhoidosta.⁷⁰⁹ Nämä ajoittuvat aikaan, jolloin Euroopassa leviävät indoeurooppalaiset kielet, joita nykyään edustaa valtaosa Euroopan kielistä, kuten ranska, englantti, ruotsi ja ukraina. DNA-tutkimusten perusteella on ehdotettu, että indoeurooppalaiset kielet levisivät Euroopassa nopean massamuuton seurauksena.⁷¹⁰ On oletettu, että uuden keramiikkatyylin ja uudenlaisten kivikirveiden haltijat ovat tuoneet myös Suomeen indoeurooppalaisen kielen. Kielentutkijat kutsuvat kieltä

709 Esim. Halinen 2015: 55, 56, 67–68, 83, 88, 90

710 Haak et al. 2015

luoteisindoeuroopaksi.⁷¹¹ Se on indoeurooppalaisen kantakielen luoteinen haara, josta myöhemmin kehittyivät muun muassa Itämeren alueella puhutavat balttilaiset, slaavilaiset ja germaanisiet kielet. Toistaiseksi ei kuitenkaan vaikuta siltä, että tämä DNA-tutkimusten osoittama liikehdintä olisi suoraan vaikuttanut ihmisten perimään Suomen alueella jo kivikaudella (luku 3).

Pronssikauden ja esiroomalaisen rautakauden kielet (1700–1 eaa.)

Pronssikaudella ja esiroomalaisella rautakaudella Suomen alueelle saapui uusien kielten puhujia: yhtäältä varhaisten germaanisten kielimuotojen ja toisaalta kantasaamelaisen kielen puhujia. DNA-tutkimusten mukaan vaikuttaa siltä, että ainakin osa kielten leviämisestä liittyi ihmisryhmien liikehdintään, mutta liikkeiden täsmälliset suunnat vaativat vielä lisätutkimuksia.⁷¹²

Esiroomalaisella rautakaudella (500–1 eaa.) kantasuomellakin oli jo pieni rooli Suomen alueen kielivalikoimassa. Lisäksi on esitetty, että Suomessa olisi näihin aikoihin esihistorian aikana puhuttu myös jotakin tuntematonta uralilaista kieltä, jota on tutkimuksessa nimitetty uralilaiseksi *x*-kieleksi.

Edellä mainitusta luoteisindoeuroopasta kehittyi Euroopassa muun muassa myöhempien germaanisten kielimuotojen kantakieli. Suomen alueella puhuttu kantagermaaninen kielimuoto ei kuitenkaan kehittynyt Suomen alueella puhutusta luoteisindoeurooppalaisesta kielestä, koska germaaninen alkukoti olisi siinä tapauksessa sijainnut kahdella puolella Itämerta ja ollut epärealistisen laaja. Kantagermaanin puhujat olivat siis uusia tulokkaita Suomen alueella. Alueen kivikauden lopun luoteisindoeurooppalaista kieltä puhunut väestö on saattanut sulautua yhteen Suomen alueen varhaisemman – kivikauden muinaiseurooppalaisia kieliä puhuneen – väestön kanssa siten, että he vaihtoivat kieltensä alkuperäisten asukkaiden kieleen. Siten luoteisindoeurooppa tuskin on ollut pronssi- ja esiroomalaisella kaudella Suomen alueella olleen germaanisen kielen kantakieli. Voi myös olla, että uudet kantagermaaninkieliset tulokkaat ovat

⁷¹¹ Esim. Kallio 1999: 238

⁷¹² ks. myös Lang 2020; Moilanen et al. 2023

osittain syrjäyttäneet Suomessa puhutun luoteisindoeurooppalaisen kielen (aikakauden väestöliikkeistä genetiikan perusteella ks. luvut 3 ja 4). Se, miten edellä kuvatut kielikontaktit näkyvät geeneissä, ei ole yksinkertaisesti selvitettävissä, sillä kaikki kielenmuutokset eivät välttämättä ole vaatineet geenien sekoittumista.

Kantagermaanin läsnäolo Suomen alueella ennen ajanlaskun alkua käy ilmi paikannimistä, jotka ovat peräisin kantagermaanista. Kantagermaanisperäisiä paikannimiä ovat muun muassa *Harjavalta* (← henkilönnimi **Harja-waldā*- > *Harald*), *Hauho* (← **bauha*- 'korkea'⁷¹³) ja *Kymi* (← **kwēmja*- 'luoksepäästävässä; tavoitettavissa').⁷¹⁴ Kantagermaania on niiden perustella puhuttu siis ainakin eteläisessä Suomessa.

Se, että nyky-suomen kielessä on kantagermaanista peräisin olevia paikannimiä, kertoo, että myös suomea on voitu puhua niillä alueilla, joita kantagermaanisperäiset paikannimet nimittävät. Toisaalta nimet olisivat voineet lainautua suomeen jonkin kolmannen kielen välityksellä, mutta tällaisesta ei nykytiedon perusteella ole todisteita. Kantagermaanisperäiset paikannimet kertovat siis myös suomen puhujien läsnäolosta alueella. On kuitenkin todennäköistä, että kantasuomea puhunut väestö jäi nykyisen Suomen alueella määrältään melko vähäiseksi pronssikaudella ja esiroomalaisella rautakaudella, eikä tämä kantasuomen kielimuoto ollut se, josta nyky-suomi varsinaisesti kehittyi.⁷¹⁵ Kantagermaanisperäiset nimet ovat substraattinimiä suomen kielessä, sillä ne ovat peräisin sellaisesta kielestä, joka on jo hävinnyt Suomen alueelta. Suomen nykyinen ruotsinkielinen asutus ei siis periydy esiroomalaisen ajan kantagermaanista vaan on hyvin paljon nuorempaa perua. Kantagermaani lienee sulautunut suomeen rautakauden kuluessa jättäen jälkeensä paitsi paikannimistöä myös valtavan määrän lainasanoja. Tunnettuja germaanisista lainasanoja, jotka voivat kertoa myös germaaniselta suunnalta tulleista kulttuurivaikutteista, ovat esimerkiksi *aura* ~ karjalan *atra* 'kyntölaite' (← **arpra*-z), *rauta* (← **raudan*- 'suomalmi') ja *laiva* (← **flauja*).⁷¹⁶ Lisää esimerkkejä on liitteessä 1.

713 Alun perin kyseessä on voinut olla myös henkilönnimi, jonka merkitys on voinut olla esimerkiksi 'jalosukuinen' (Koivulehto 1987: 143).

714 Koivulehto 1987: 31–37

715 Kallio 2015a: 93; Lang 2020: 275

716 Häkkinen 2005 s.v. *aura*, *rauta*, *laiva*; SES s.v. *aura*

Suomen alueella on esitetty olevan paikannimitodisteita myös siitä, että Suomessa on puhuttu sellaista uralilaista kieltä, joka on nykyään kadonnut. Asiaa on tutkinut erityisesti Pauli Rahkonen, ja hän nimittää kyseistä kieltä uralilaiseksi *x*-kieleksi. Käytännössä niitä on voinut olla useampia kuin yksi. Todisteita *x*-kielistä ovat esimerkiksi *Oht*- ja *Vuoht*-alkuiset nimet. Esimerkkejä tätä perua olevista sanoista ovat Pyhäjärvellä sijaitseva *Vuohtolabti* ja Outokummun *Ohtaansalmi*. Nimien alkuosa periytyy kantauralilaisesta sanasta **ukti* 'reitti', eli sanoille on mahdollista esittää uralilainen alkuperä. Niissä on kuitenkin tapahtunut sellaisia äänne muutoksia, joiden perusteella ne eivät ole voineet olla peräisin kantasuomesta tai -saamesta.⁷¹⁷ Niinpä suomen puhujat ovat lainanneet nämä nimet joltakin tuntematonta uralilaista kieltä (tai kieliä) puhuneelta väestöltä.

On vaikea arvioida, milloin uralilaisia *x*-kieliä on puhuttu. Ne ovat olleet Suomen alueella ennen suomea, koska suomen puhujat ovat katsoneet hyväksi lainata paikannimiä uralilaisesta *x*-kielestä. Realistisena ajoitukseksi uralilaiselle *x*-kielelle voinee pitää vuosisatoja ennen ajanlaskun alkua. Rahkonen on esittänyt, että länsiuralin pohjoinen kielihaara on haarautunut kahtia: toisesta haarasta kehittyi kantsaame ja toisesta *x*-kielet.⁷¹⁸ Tällöin *x*-kielet olisivat tulleet Suomeen tai ainakin sen lähialueille samoihin aikoihin kantsaamen kanssa. Tätä näkemystä ei kuitenkaan ole yleisesti hyväksytty tutkijoiden keskuudessa, eikä sitä ole helppo todistaa oikeaksi, koska uralilainen *x*-kieli tunnetaan vain paikannimistä.

Saame on Suomessa nykyään puhutuista kielistä ensimmäinen, joka on saapunut Suomen alueelle. Nykyisten saamelaiskielten **kantamuotoa**, kantsaamea, puhuttiin esiroomalaisella rautakaudella alueella, joka ylittää Laatokan ja Äänisen välistä eteläiseen Suomeen asti. Tätä aluetta nimitetään usein saamen alkukodiksi. Saameen on saatu runsaasti lainasanoja kantagermaanista, ja yhteydet Suomen alueen muinaiseurooppalaisiin väestöihin ovat olleet vilkkaat.⁷¹⁹ Näistä kielistä saameen lainautuneita sanoja esitetään liitteessä 1. Sekä kantagermaanisten että muinaiseurooppalaisten kielikontaktien aikana saame on ollut kantsaamen tasolla, ja mainittu kantsaamen alkukoti on mahdollistanut tällaiset kontaktit. Lisäksi se on

717 Rahkonen 2013: II-24, 33-35

718 Rahkonen 2013: 34-35

719 Esim. Aikio 2006: 42, 45; Heikkilä 2014

mahdollistanut yhteydet, joita kantasaamen puhujilla on ollut muihin uralilaisiin kieliä puhuneisiin väestöihin.

Rautakautista kantasaamenkielistä väestöä ei voi suoraan rinnastaa nykyiseen saamelaisväestöön. Kantasaamenkielisestä väestöstä puhuttaessa tarkoitetaan nykyisten saamelaisten kielellisiä esivanhempia, ei esimerkiksi geneettisiä esivanhempia. Emme tiedä kovinkaan paljon esimerkiksi heidän etnisestä identiteetistään tai siitä, miten he näkivät itsensä suhteessa lähialueiden muunkielisiin väestöihin.⁷²⁰ Esiroomalaisella rautakaudella Suomen alueella eläneitä yksilöitä ei toistaiseksi ole päästy tutkimaan DNA-menetelmin, joten on hankala esittää täsmällisiä arveluita siitä, miltä nämä henkilöt ovat näyttäneet geneettisesti.

Rautakauden kielet (1–1200 jaa.)

Rautakausi esiroomalaisen ajan jälkeen on se aikakausi, jolloin Suomen alueella nykyisin puhuttavat kielet ovat alkaneet levittyä laajalle alueelle Suomeen. Rautakauden kielitilanteesta saadaan myös enemmän tietoa kuin aiemmista aikakausista, koska edelleen puhuttujen kielten historiaa on helpompi tutkia kuin lähes jälkiä jättämättä ja dokumentoimatta hävinneitä kieliä.

Roomalainen rautakausi (1–400 jaa.) on ollut saamen laajalle leviämisen aikaa. Viimeistään ajanlaskun alun aikoihin kantasaame alkoi levitä alkukodistaan kaikkialle Fennoskandiaan. Tutkimusten perusteella tiedetään, että saame on ehtinyt keskiseen Skandinaviaan jo 200-luvulla ajanlaskun alun jälkeen, ja Fennoskandian pohjoisimpiin osiin 300-luvulla jaa. Ajoitukset on saatu tarkastelemalla saamen germaanisista ja skandinaavisista lainasanakerrostumia sekä vertailemalla ja yhdistämällä kielitieteellistä ja arkeologista aineistoa.⁷²¹ Levittäytyminen alkukodista laajalle maantieteelliselle alueelle aiheutti kantasaamen hajoamisen kantamurteiksi, joita on ollut ainakin kolme: eteläkantasaame, luoteiskantasaame ja itäkantasaame.⁷²²

⁷²⁰ Ks. lisää esim. Aikio 2012: 66

⁷²¹ Heikkilä 2011: 76; Häkkinen 2010: 59; Piha 2018: 174, 176; Piha & Häkkinen 2020: 119

⁷²² Esim. Aikio 2012: 77

Tiedot saamenkielisen väestön läsnäolosta laajalla alueella Suomessa perustuvat erityisesti saamelaisperäisten paikannimien tutkimukseen. Suomen kielen saamelaisperäisiä paikannimiä löytyy runsaasti eteläisestä Suomesta: Hämeestä, Satakunnasta ja Savosta aina länsi- ja lounaisrannikolle saakka. Saamelaisperäiset paikannimet ovat suomen kielessä muodoltaan sellaisia, että ne on lainattu kantasaamesta, eli ne ovat ainakin 1500 vuotta vanhoja. Esimerkkejä saamelaisperäisistä paikannimistä ovat monet *kukka-* tai *kuka-*alkuiset nimet (< kantasaame **kukkē-s*’pitkä’), kuten Keuruulla sijaitseva järvi *Iso-Kukkamo* tai Uudenkaupungin *Kukaistentanhua*, *moitanimet* (< kantasaame **muojdē*’peuran talvimetsästyks’), kuten Sastamalan Moitusmaa, sekä Konnevesi ja Hollolan Kontankallio (*konne-* ja *konta* > kantasaame **kontē*’peura’).⁷²³

Eteläisistä suomen murteista tunnetaan myös vanhoja kantasaamelaisia lainasanoja, joiden perusteella voidaan päätellä, että saamea on puhuttu sanojen lainaamisen aikaan lähellä eteläisen Suomen murteiden puhujia.⁷²⁴ Esimerkkejä kantasaamelaisista lainoista suomessa on liitteessä 1. Joitakin saamesta lainattuja sanoja on päätynyt myös suomen kirjakieleen jo 1600-luvulla. Kirjakielen vanhoja saamelaislainoja ovat esimerkiksi *naali* (vrt. pohjoissaamen *njállá*), *tunturi* (vrt. pohjoissaamen *duottar*) ja *aapa* (vrt. pohjoissaamen *áhpi*).⁷²⁵

Vaikka kantasuomen kielen puhujia on ollut Suomen alueella jo ennen ajanlaskun alkua, kielen voimakkaampi leviäminen alkoi vasta ajanlaskun jälkeisinä vuosisatoina, ehkä jonkin verran saamen kielen leviämisen jälkeen. Nykyisen tiedon valossa kantasuomen myöhäisin muoto, myöhäiskantasuomi, alkoi levitä Viron pohjoisrannikolta Suomenlahden yli roomalaisella rautakaudella. Samaan aikaan myöhäiskantasuomi levisi myös Suomenlahden eteläpuolella kaikkialle Viron alueelle, Inkerinmaalle sekä Latvian pohjoisiin ja läntisiin osiin.⁷²⁶

Ennen leviämistään Suomen alueelle myöhäiskantasuomi oli ehtinyt saada runsaasti lainasanoja Suomenlahden eteläpuolella puhutuista kantabtalin ja kantagermaanin kielistä (joista jälkimmäisiä on voinut lainautua

723 Aikio 2007: 168, 176, 180; Ainiala et al. 2008: 130

724 Aikio 2009

725 Häkkinen 2007

726 Kallio 2014; Lang 2020: 279–280

myös Suomen puolella). Nämä lainasanakerrostumat kertovat innovaatioista, joita suomen kielen puhujat saivat kulttuuriinsa naapurikielten puhujilta. Lainasanaston perusteella suomenkielinen väestö näyttää saaneen naapureiltaan vahvoja vaikutteita maanviljelyn ja karjanhoidon, meripyyntin ja merenkäynnin sekä metallintyöstön omaksumiseen. Kielikontaktit toivat uutuuksia myös suomenkielisen väestön yhteiskuntarakenteeseen ja perhesuhteisiin.⁷²⁷ Esimerkkejä on liitteessä 1.

Kantasuomeen tuli lainasanoja myös kielen levittyä Suomen alueelle. Ensinnäkin sanoja lainattiin kantasaamesta, kuten edellä on jo selvitetty. Saamelaisperäisissä lainoissa korostuvat muun muassa topografiset termit sekä sää- ja luonnon olosuhteita kuvaavat, matkustamiseen ja kulkemiseen viittaavat, kalastukseen ja metsästykseseen sekä käsitöihin liittyvät sanat. Lisäksi saamesta on lainautunut huomattava määrä ekspressiivistä sanastoa, esimerkiksi verbi *tivata* 'vaatia; penätä' ja adjektiivi *tomera* 'tarmokas, topakka'.⁷²⁸

Sanoja on lainattu myös kantaskandinaavista. Yksi kiinnostava esimerkki on kantasuomen sana *nasta*, joka nykyisin merkitsee yleisesti 'lyhyttä, leveäkantaista piikkiä' mutta jolla voidaan viitata myös 'solkeen'. Sana on lainattu kantaskandinaavin sanasta **nastā*, joka on merkinnyt 'suljinta, puristinta ja solkea'. Sana on mielenkiintoinen siksi, että Suomen alueelta tunnettu arkeologinen solkityyppi, kääntöjalkasolki, kertoo yhteyksistä niin Baltiaan kuin Skandinaviaan.⁷²⁹ Kääntöjalkasolkia (kuva 12.2) on sijoitettu hauta-antimina tyypillisiin tarhakalmistoihin (kuva 12.3), joiden puolestaan on katsottu viittaavan kantasuomen leviämiseen Pohjois-Virosta Suomeen.⁷³⁰ Kääntöjalkasoljissa on myös länsigermaanista vaikutusta, mikä yhdistää ne kantaskandinaavin puhujiin. On mahdollista, että kantasuomen *nasta* on lainattu solkiin liittyvässä kanssakäymisessä kantaskandinaavin puhujien kanssa. Kantasuomen kielessä sanalla olisi ehkä viitattu alun perin nimenomaan kääntöjalkasolkiin, ja sanan merkitys olisi laajentunut myöhemmin koskemaan yleisesti solkia, ja vielä myöhemmin siitä olisi tullut leveäkantaisten piikin nimitys.⁷³¹

727 Esim. Aikio & Aikio 2001: 9–11; Häkkinen 1997: 245–253; Juntila 2012; Lehtinen 2007: 232–234

728 Aikio 2009: 206–211

729 Esim. Lang 2020: 222; Raninen & Wessman 2015: 243

730 Lang 2020: 222, 280

731 Ks. sanan *nasta*, muiden 'solkea' merkitsevien sanojen ja kääntöjalkasolkien yhteydestä lisää Piha & Moilanen 2022.



Kuva 12.2. Kääntöjalkasolki Pälkäneen Värilän Hinnanmäestä. Solkityyppiä on mahdollisesti nimitetty varhaisella rautakaudella nastaksi. Kuva: Museovirasto, arkeologian kuvakokoelma. CC BY 4.0.



Kuva 12.3. Karjaan Kroggårdsmalmenin tarhakalmisto, jota on tutkittu 1930-luvulla. Kalmistoa on käytetty roomalaisajalla (1–400 jaa.), ja sekä hautamuodossa että sen esineistössä on nähtävissä yhteyksiä Viron alueelle. Tarhakalmisto on saanut nimensä kivitarmoista, joihin on voitu haudata yksi tai useampia vainajia. Kuva: Jukka Moisanen, Museovirasto, arkeologian kuvakokoelma. CC BY 4.0.

Ajanlaskun ensimmäisinä vuosisatoina Suomessa puhuttiin edelleen myös muinaiseurooppalaisia kieliä. Nämä rautakaudella puhutut kielet ovat jättäneet jälkensä nykyisiin kieliin, erityisesti saameen, jossa on suuri määrä substraattisanoja, jotka todennäköisesti ovat peräisin muinaiseurooppalaisista kielistä. Myös suomessa tavataan sanoja, joiden alkuperä ei ole tiedossa ja jotka voivat olla lainattu muinaiseurooppalaisista kielistä.⁷³² Suomessa olevia substraattisanoja on kuitenkin tutkittu viime aikoina vähemmän kuin saamen. Ainakin sanat *ilves* ja *jänis* voivat olla substraattisanoja suomen kielessä.

Muinaiseurooppalainen substraattivaikutus saamessa ei voi olla ajanlaskun alkua vanhempaa, sillä sanoissa on sellaisia äänteellisiä piirteitä, jotka ovat alkaneet esiintyä vasta niin kutsutun **suuren saamelaisen vokaali-rotation** tapahduttua. Absoluuttisesti ajoitettuna tarkoitetaan siis ajanlaskun alun jälkeisiä vuosisatoja. Lisäksi muinaiseurooppalaisissa sanoissa on samantapaisia sananalkuisia konsonanttiyhtymiä kuin kantaskandinaavisisa lainasanoissa. Sananalkuisia konsonanttiyhtymiä ei ole ollut saamen kielissä ennen kantaskandinaavisen kielen kerrostumaa, joten muinaiseurooppalaiset substraattisanat pystytään ajoittamaan samanaikaisiksi kuin kantaskandinaaviset lainasanat.⁷³³

Eri saamelaiskielissä olevissa substraattisanoissa on äänteellistä epäsäännöllisyyttä, mikä kertoo siitä, että sanoja on saatu useista erilaisista mutta toisilleen sukua olevista muinaiseurooppalaisista kielistä.⁷³⁴ Esimerkkinä toimii lahoppuuta ja keloä merkittävä saamen sana, joka on eteläsaamessa *saasne*, pohjoissaamessa *suostu* ja koltansaamessa *šošnn*. Sanat on lainattu muinaiseurooppalaisista kielistä, mutta ei yhdestä ja samasta kielestä. Tämä johtuu siitä, että niille on ennallistettava erilaiset kantasaamelaiset muodot:⁷³⁵

saasne < eteläkantasaame **sāsne*

suostu < luoteiskantasaame **suosnō*

šošnn < itäkantasaame **šošnē*

⁷³² Saarikivi 2004

⁷³³ Aikio 2004: 25–26

⁷³⁴ Aikio 2012: 87, 93

⁷³⁵ Aikio 2012: 85

Koska kantasaamen muoto on kussakin yllä olevassa saamelaiskielessä erilainen, on niillä oltava eri lainanantajakielet, jotka ovat kuitenkin sukua keskenään,⁷³⁶ koska saamen sanat muistuttavat toisiaan ja niiden merkityksetkin ovat samat.

Muinaiseurooppalaiset substraattisanat saamelaiskielissä nimittävät erityisesti pohjoiseen luontoon, eläimiin, säähän ja maastonmuotoihin liittyviä ilmiöitä.⁷³⁷ Tästä voitaneen päätellä, että saamenkielinen väestö tuli muinaiseurooppalaisia kieliä puhuvan väestön alueelle ympäristöstä, joka poikkesi uudesta elinympäristöstä. Saamen kielen puhujat tarvitsivat uusia sanoja uuden asuinalueensa ilmiöille. Nämä he lainasivat kielistä, joissa tällaiset sanat olivat jo olemassa.

Suomen alueella puhuttujen muinaiseurooppalaisten kielten häviäminen liittyy saamen leviämiseen. Saamen kielellä lienee ollut prestiisikielen asema verrattuna Suomen alueen muinaiseurooppalaisiin kieliin. Jostain syystä muinaiseurooppalainen väestö näki, että saamen kieltä on hyvä osata, ja muutaman sukupolven kuluessa muinaiseurooppalainen kieli vaihtui saamen kieleen häviten lopulta kokonaan lukuun ottamatta nykypäiviin asti saamen kielissä ja paikannimissä säilynyttä substraattivaikutusta.

Mikä oli tuo tekijä, joka nosti saamen kielen prestiisikielen asemaan? Sitä ei varmuudella tiedetä. Hiljattain on alkanut tutkimushanke, jossa selvitetään saamen kielen, raudanvalmistuksen ja Sisä-Suomessa tavattavien Luukonsaaren ja Sirnihtan keramiikkatyöliien (kuva 12.4) yhteyksiä.⁷³⁸ On mahdollista, että saamenkielinen väestö on ollut keskeisessä roolissa raudanvalmistuksen levittämisessä Suomen alueelle. Raudanvalmistus on ollut innovaatio, joka on hyvinkin voinut tuoda sitä hallitseville ryhmille prestiisiaseman.

Nuorempi rautakausi kansainvaellusajan lopulta tai merovingiajan alusta (n. 600 jaa.) on ollut intensiivistä suomen kielen leviämisen aikaa. Myöhäiskantasuomen tultua nykyisen Suomen alueelle edeltäneiden vuosisatojen aikana se kohtasi täällä saamen, jonkin germaanisen kieli-muodon ja muinaiseurooppalaisten kielten puhujia. On mahdollista, että myöhäiskantasuomen puhujat tapasivat myös sen varhaisemman kanta-

⁷³⁶ Aikio 2012: 85

⁷³⁷ Aikio 2004

⁷³⁸ Pesonen et al. 2025



Kuva 12.4. Luukonsaaren keramiikkaa Kinnulan Häähkänimestä. Luukonsaaren keramiikkaa valmistettiin nykyisen Pohjois-Karjalan, Keski-Suomen ja Kainuun alueilla noin 950–300 eaa. Astioiden sekoitteena käytettiin murskattua asbestia. Kuva: Museovirasto, arkeologian esinekeräily. CC BY 4.0.

suomalaisen kielen puhujia, jotka olivat tulleet alueelle jo esiroomalaisella rautakaudella.⁷³⁹ Tästä ei kuitenkaan ole kielellisiä todisteita. Arkeologian, kielitieteen ja genetiikan yhdistelmä olisi ihanteellinen aikakauden väestöliikkeiden tutkimuksiin. DNA-tutkimuksiin sopivaa materiaalia ei aikakaudelta kuitenkaan ole paljon. Isonkyrön Levänluhdan vainajat ovat harvoja tältä aikakaudelta DNA-tutkittuja yksilöitä. Muualla Suomessa vallinnut polttohautaus ei ole jättänyt DNA-tutkimuksiin sopivaa materiaalia, eivätkä vanhimmista ruumishaudoista otetut DNA-näytteet ole toistaiseksi tuottaneet tuloksia.⁷⁴⁰

⁷³⁹ Lang 2020: 280

⁷⁴⁰ Osa vanhemmalle rautakaudelle ajoittuvista DNA-näytteistä ei ole toiminut, joukossa muun muassa tunnettuja roomalaisaikaisia kohteita, kuten Sauvon Korvalan ja Raaseporin (Karjaa) Kroggårdsmalmenin tarhakalmistot. Ks. Nordfors et al. *tulossa*.

Suomessa myöhäiskantasuomen puhujat päätyivät aluksi vain lounais- ja länsirannikolle, mistä heidän puhumansa kieli sitten levisi ensin Kokemäenjokea seurailleen Hämeeseen. Arkeologisesti tämä ekspansio on yhdistetty Kokemäenjoen alueen tarhakalmistoihin, jotka levisivät 300-luvulta jaa. lähtien rannikolta sisämaan suuntaan.⁷⁴¹ Noin 700-luvulla kantasuomi oli levinnyt Karjalan kannakselle asti. Arkeologisesti leviäminen Karjalaan näkyy itämerensuomalaisina pidettyjen esine- ja muinaisjäännöstyyppeiden ilmaantumisenä alueelle.⁷⁴²

Leviäminen aiheutti myös sen, että kantasuomi alkoi eriytyä. Karjalassa kehittyi omia itämerensuomalaisia kieliään eli karjalan ja vepsän kielet. Nämä kielet kehittyivät Suomen lounais- ja länsirannikolta tulleen kantasuomen ekspansion seurauksena, mutta ne ovat saaneet lisäksi vaikutteita itäisistä itämerensuomalaisista substraattikielistä eli sellaisista suomen lähisukukielistä, jotka ovat hävinneet kauan sitten. Nykyisiä karjalan ja vepsän kieliä edelsi niin kutsuttu laatokan kantakieli, joka siis oli Suomen alueella puhutun myöhäiskantasuomen tytärkieli. Laatokan kantakielen sisarus oli länsisuomi, josta nykyiset suomen kielen murteet ovat kehittyneet.⁷⁴³ On todennäköistä, että ristiretkiajan ja samalla esihistoriallisen ajan loppuun mennessä itämerensuomalaiset kielet olivat kehittyneet kantakielivaiheistaan nykyisin tunnetuiksi kieliryhmikseen.⁷⁴⁴

Myöhemmin eteläisessä Suomessa saamen kielelle kävi samoin kuin muinaiseurooppalaisille kielille hiukan aikaisemmin: suomenkielinen väestö levittäytyi laajoille alueille, ja lopulta syrjäytti saamen kielen Suomen eteläisissä osissa. Pohjoisessa Suomessa ja Skandinaviassa saame on kuitenkin pysynyt merkittävänä kommunikointikielenä, ja tulee sellaisenaan pysymäänkin valtaväestöjen kiivaasta ja kyseenalaisesta kolonialismi- ja pakkosulauttamispolitiikasta huolimatta.⁷⁴⁵ Rautakaudella suomen kielen prestiisiasema saattoi liittyä esimerkiksi hyviin yhteyksiin Itämeren eteläpuolelle Viroon ja mahdollisesti myös länsipuolelle Ruotsiin. Voi spekuloida, että kantasuomen puhujat ovat sukulais- ja muiden suhteidensa tuella

741 Lang 2020: 282 ja lähteet siellä

742 Lang 2020: 282 ja lähteet siellä

743 Lang 2020: 323–329

744 Ks. arkeologisesta aineistosta lisää esim. Lang 2020: luku 7 ja lähteet siellä.

745 Itkonen 1983: 210, 214; Kallio 2014: 163–165; 2015a: 93. Kolonialismista ks. lisää esim. Ranta ja Kanninen 2019.

toimineet muun muassa eurooppalaisten ylellisyystavaroiden välittäjinä, mikä on voinut antaa kielellisen etulyöntiaseman muiden samoilla alueilla käytettyjen kielten puhujiin nähden.

Ristiretkiajalla (n. 1050–1200 jaa.) Suomeen levisi vielä yksi uusi kieli: nykyisen suomenruotsin edeltäjä. Suomessa nykyisin puhuttava ruotsi ei nimittäin periydy Suomen alueella ennen ajanlaskun alkua puhutusta kantagermaanista. Nykyinen suomenruotsi on perua noin 1200-luvulta, jolloin Ruotsista muutti ruotsinkielistä väestöä asuttamaan Suomen rannikkoa.⁷⁴⁶ Tämä tapahtui siis niihin aikoihin, kun Suomi alkoi siirtyä Ruotsin vaikutuspiiriin.

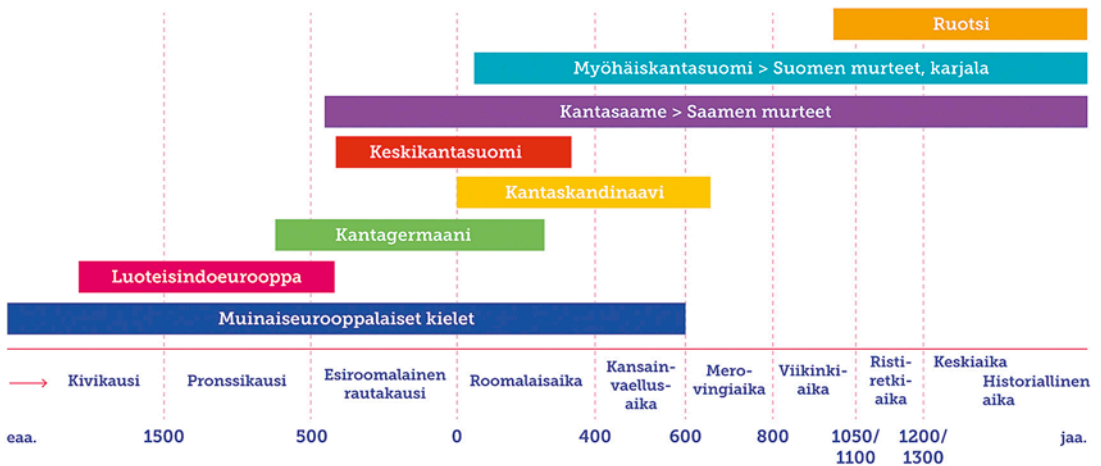
Kielikontaktit ja tutkimusmenetelmien rajoitukset

Tässä luvussa on käsitelty Suomen alueella puhuttuja kieliä kivikaudelta rautakauden loppuun. Suomen alueella on esihistorian aikana puhuttu paljon eri kieliä (kuva 12.5), ja Suomi on ollut hyvin monikielinen. Varsinkin esiroomalaiselta ajalta lähtien alueella on tapahtunut kielellisiä muutoksia paljon: on tullut uusia kieliä ja vanhoja on siirtynyt uusille alueille tai kadonnut tyystin. Muutosten keskittyminen rautakauden alkuun voi kuitenkin olla tutkimustiedon aiheuttama vääristymä. On nimittäin mahdollista, ehkä jopa todennäköistä, että kivikausi ja pronssikausi ovat olleet kielellisen tilanteensa puolesta aivan yhtä vilkkaita. Nykyisen kielitieteellisen tutkimuksen keinoin ei kuitenkaan ole mahdollista tutkia kivikauden kieliä, jotka eivät ole jättäneet jälkeensä mitään merkkejä, lukuun ottamatta ehkä nuorakeraamiseen kulttuuriin yhdistettyä luoteis-indoeurooppalaista kieltä.

On hyvin luultavaa, että Suomen alueella on elänyt monikielisiä yhteisöjä. Eri kielten puhujat eivät siis ole asuneet eristäytyneinä muiden kielten puhujista. Valtaosa ihmisistä on ollut monikielisiä, eli ensikielensä lisäksi he ovat puhuneet muitakin kieliä. Osa suomen kieliin tulleista esimerkiksi sukulaisiin liittyvistä lainasanoista on voinut olla eri kielten puhujien välisten avioliittojen tulosta.⁷⁴⁷ Myös harvemmin lainautuvat sanat, ja erityi-

⁷⁴⁶ Ainiala et al. 2008: 126; Koivulehto 1987: 39

⁷⁴⁷ Ks. esim. Moilanen et al. 2023.



Kuva 12.5. Suomen alueen esihistorialliset kielet aikajanalla suhteessa toisiinsa ja esihistorian aikakausiin. Ajoitukset ovat summittaisia. Kuva: KMG Turku.

sesti kielen muut rakenteet, kertovat intensiivisemmistä yhteyksistä kuin pelkästä kaupankäynnistä. Tällaisia ovat muiden muassa adjektiivit, verbit ja taivutuskategorioiden, kuten sijapäätteet, jotka eivät viittaa konkreettisiin vaikkapa kaupankäynnin tuloksena omistajaa vaihtaneisiin esineisiin.⁷⁴⁸ Abstraktit kielenaineokset voivat lainautua monikielisissä yhteisöissä, joissa kanssakäyminen on päivittäistä ja tiivistä. Samassa Suomen alueella eläneessä rautakautisessa yhteisössä on voinut elää vaikkapa suomen, saamen ja muinaiseurooppalaisten kielten puhujia.

Geenien siirtyminen kielen mukana on satunnaista (ks. luku 3), eikä geeniperimä kerro siitä, mitä kieltä tai kieliä ihminen on puhunut. Nykyiset väestöt ovat useiden geneettisten muutosten tulos, eikä kieltenkään kehitys ole pysähtynyt. Esimerkiksi keskiajalla tai 1800-luvulla puhuttu suomi ei ole samanlaista kuin nyky-suomi, vaikka keskiajan suomen kielen puhuja ja nykypuhuja ymmärtäisivät toisiaan melko hyvin. Kielessä näkyy eroja myös peräkkäisten sukupolvien välillä. Aina kyse ei ole äännteellisistä tai **morfologisista** muutoksista, vaan eroja voi olla myös sanastossa. Esimerkiksi sata vuotta sitten elänyt turkulainen olisi voinut sanoa ”Ränttääks sun vährätä sen masiinan kans ku sitä on nii vaikkia hantteerata?”, kun taas

⁷⁴⁸ Ks. esim. Matras 2009: 153–157

tänä päivänä elävä saattaisi sanoa ”Kannattaako sun nyt sählätä sen koneen kanssa, kun sitä on niin vaikea käyttää?”.⁷⁴⁹ Mitä enemmän muinais-DNA-tutkimuksia Suomen arkeologisista yksilöistä tehdään ja julkaistaan, sitä paremmin kuitenkin voidaan yhdistää todisteita genetiikasta, arkeologiasta ja kielitieteestä, ja rakentaa kattavampaa kuvaa menneisyydestä.

749 Bernhard & Piha 2023: 289

Tutkimuskirjallisuus

- Aikio, A. 2004. An essay on substrate studies and the origin of Saami. Teoksessa: Hyvärinen, I., Kallio, P. & Korhonen, J. (toim.) *Etymologie, Entlehnungen und Entwicklungen. Festschrift für Jorma Koivulehto zum 70. Geburtstag*: 5–34. Mémoires de la Société Néophilologique de Helsinki LXII. Helsinki: Société Néophilologique.
- Aikio, A. 2006. On Germanic-Saami contacts and Saami prehistory. *Suomalais-Ugrilaisen Seuran Aikakauskirja* 91: 9–55.
- Aikio, A. 2007. The study of Saami substrate toponyms in Finland. Teoksessa: Pitkänen, R. L. & Saarikivi, J. (toim.) *Borrowing of place names in the Uralian languages*: 159–197. Onomastica Uralica 4. Debrecen – Helsinki: Debreceni Egyetem – Helsingin yliopisto.
- Aikio, A. 2009. *The Saami loanwords in Finnish and Karelian*. Oulu: University of Oulu.
- Aikio, A. (Luobbal Sámmol Sámmol Ánte) 2012. An essay on Saami ethnolinguistic prehistory. Teoksessa: Grünthal, R. & Kallio, P. (toim.) *A Linguistic Map of Prehistoric Northern Europe*: 63–117. *Suomalais-Ugrilaisen Seuran Toimituksia* 266. Helsinki: Suomalais-Ugrilainen Seura.
- Aikio, A. & Aikio, A. 2001. Heimovaelluksista jatkuvuuteen – suomalaisen väestöhistorian pirstoutuminen. *Muinaistutkija* 4/2001: 2–21.
- Ainiala, T., Saarelma, M. & Sjöblom, Paula 2008. *Nimistöntutkimuksen perusteet*. Tietolipas 221. Helsinki: Suomalaisen Kirjallisuuden Seura.
- Bernhardt, M. & Piha, M. 2023. *Suomalais-ugrilaiset kielet ja kansat. Mitä, missä, milloin, miksi?* Kemi: Atrain & Nord.
- Enard, W., Przeworski, M., Fisher, S., Lai, C. S., Wiebe, V. et al. 2002. Molecular evolution of FOXP2, a gene involved in speech and language. *Nature* 418: 869–872. <https://doi.org/10.1038/nature01025>
- Fisher, S. E. 2019. Human Genetics: The Evolving Story of FOXP2. *Current Biology*, Vol. 29(2): R65–R67. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2018.11.047>
- Haak, W., Lazaridis, I., Patterson, N., Rohland, N., Mallick, S. et al. 2015. Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. *Nature* 522: 207–211. <https://doi.org/10.1038/nature14317>
- Halinen, P. 2015. Kivikausi. Teoksessa: Haggrén, G., Halinen, P. Lavento, M. Lavento, Raninen, S. & Wessman, A. (toim.) *Muinaisuutemme jäljet. Suomen esi- ja varhaishistoria kivikaudelta keskiajalle*: 19–121. Helsinki: Gaudeamus.
- Heikkilä, M. 2011. Huomioita kantasamen ajoittamisesta ja paikantamisesta sekä germaanisia etymologioita saamelais-suomalaisille sanoille. *Virittäjä* 1/2011: 117–124.
- Heikkilä, M. 2014. *Bidrag till Fennoskandiens språkliga förhistoria i tid och rum*. Helsinki: Helsingin yliopisto.
- Häkkinen, J. 2010. Jatkuvuusperustelut ja saamelaisen kielen leviäminen (osa 2). *Muinaistutkija* 2/2010: 51–64.
- Häkkinen, K. 1996. *Suomalaisten esihistoria kielitieteen valossa*. Tietolipas 147. Helsinki: Suomalaisen Kirjallisuuden Seura.
- Häkkinen, K. 1997. *Mistä sanat tulevat. Suomalaista etymologiaa*. Tietolipas 117. Helsinki: Suomalaisen Kirjallisuuden Seura.
- Häkkinen, K. 2005. *Nykysuomen etymologinen sanakirja*. 3. painos. Helsinki: WSOY.
- Häkkinen, K. 2007. Suomen kirjakielen saamelaiset lainat. Teoksessa: Ylikoski, J. & Aikio, A. (toim.) *Sámit, sánit, sátnebámit. Riepmočála Pekka Sammallabtti miessemánu 21. beaivve* 2007: 161–182. *Suomalais-Ugrilaisen Seuran Toimituksia* 253. Helsinki: Suomalais-Ugrilainen Seura.
- Itkonen, T. 1983. Välikatsaus suomen kielen juuriin. *Virittäjä* 87: 190–229: 349–386.
- Junttila, S. 2012. The prehistoric context of the oldest contacts between Baltic and Finnic languages. Teoksessa: Grünthal, R. & Kallio, P. (toim.) *A Linguistic Map of Prehistoric Northern Europe*: 261–296. *Suomalais-Ugrilaisen Seuran Toimituksia* 266. Helsinki: Suomalais-Ugrilainen Seura.
- Junttila, S. 2015. *Tiedon kumuloituminen ja trendit lainasanatutkimuksessa. Kantasuomen balttilaislainojen tutkimushistoria*. Helsinki: Helsingin yliopisto.
- Kallio, P. 1999. Varhaiset indoeurooppalaiskontaktit. Teoksessa: Fogelberg, P. (toim.) *Pohjan poluilla. Suomalaisten juuret nykytutkimuksen mukaan*: 237–239. *Bidrag till kánnedom av Finlands natur och folk* 153. Helsinki: Suomen tiedeseura.
- Kallio, P. 2007. Kantasuomen konsonantihistoriaa. Jussi Ylikoski & Ante Aikio (toim.) *Sámit, sánit, sátnebámit. Riepmočála Pekka Sammallabtti miessemánu 21. beaivve* 2007, 229–249. *Suomalais-Ugrilaisen Seuran Toimituksia* 253. Helsinki: Suomalais-Ugrilainen Seura.

- Kallio, P. 2014. The Diversification of Proto-Finnic. Teoksessa: Ahola, J. Frog & Tolley, C. (toim.) *Fibula, fabula, fact. The Viking Age in Finland: 155–168*. Historica 18. Helsinki: Suomalaisen Kirjallisuuden Seura.
- Kallio, P. 2015a. The language contact situation in prehistoric northeastern Europe. Teoksessa: Mailhammer, R., Vennemann, T. & Olsen, B. A. (toim.) *The Linguistic Roots of Europe: Origin and Development of European Languages*. Copenhagen Studies in Indo-European 6: 77–103. Copenhagen: Museum Tusulanum Press.
- Kallio, P. 2015b. The stratigraphy of the Germanic loanwords in Finnic. Teoksessa: Askedal, J. O. & Nielsen, H. F. (toim.) *Early Germanic languages in contact*: 23–38. NOWELE Supplement Series 27. Amsterdam: John Benjamins Publishing Company.
- Kalliokoski, J. 2009. Tutkimuskohteena monikielisyys ja kielten kohtaaminen. Teoksessa: Kalliokoski, J., Kotilainen, L. & Pahta, P. (toim.) *Kielet kohtaavat*: 9–22. Tietolipas 227. Helsinki: Suomalaisen kirjallisuuden Seura.
- Koivulehto, J. 1976. Vanhimmista germaanisista lainakosketuksista ja niiden ikäämisestä II. *Virittäjä* 80: 247–290.
- Koivulehto, J. 1986. Pinta ja rasva. *Virittäjä* 90: 164–174.
- Koivulehto, J. 1987. Namn som kan tolkas urgermanskt. *Studier i nordisk filologi* 67: 27–42.
- Korhonen, M. 1981. *Jobdatus lapin kielen historiaan*. Suomalaisen Kirjallisuuden Seuran toimituksia 370. Helsinki: Suomalaisen Kirjallisuuden Seura.
- Lang, V. 2020. *Homo Fennicus. Itämerensuomalaisten etnohistoria*. Helsinki: Suomalaisen Kirjallisuuden Seura.
- Lehtinen, T. 2007. *Kielen vuositutubannet. Suomen kielen kehitys kantaauralista varhaisuomeen*. Tietolipas 215. Helsinki: Suomalaisen Kirjallisuuden Seura.
- Matras, Y. 2009. *Language contact*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Moilanen, U., Salmela, E. & Honkola, T. 2023. Families on the Move? The case of Iron Age Proto-Finnic speakers. Teoksessa: Lahelma, A., Lavento, M., Mannermaa, K., Ahola, M., Holmqvist, E., Nordqvist, K. (toim.) *Moving Northward: Professor Volker Heyd's Festschrift as he turns 60*: 311–329. Monographs of the Archaeological Society of Finland 11. Helsinki: Suomen arkeologinen seura.
- Nordfors, U., Peltola, S. Kuusela, J.-M., Majander, K., Saari, N.-J. et al. *tulossa*. Challenges of ancient DNA preservation in Finland: A report on unsuccessful samples.
- Pesonen, P., Piha, M., Ahola, M., Holmqvist, E. & Honkola, T. 2025. Pottery, language and iron: Reassessing Luukonsaari and Sirnihta wares and their cultural context in Early Iron Age Finland. *Documenta Praehistorica* LII: 2-27. <https://doi.org/10.4312/dp.52.4>
- Piha, M. 2018. Combining Proto-Scandinavian loanword strata in South Saami with the Early Iron Age archaeological material of Jämtland and Dalarna, Sweden. *Finnisch-Ugrische Forschungen* 64: 118–233.
- Piha, M. 2020. Esihistorian kieliteoriat – tutkimushistoriallisia näkökulmia Suomessa esihistoriallisella ajalla puhuttuihin kieliin. *Muinaistutkija* 2/2020: 41–55.
- Piha, M. 2024. Vocabulary related to iron manufacture and iron-working in Saami languages: An etymological study. *Finnisch-Ugrische Forschungen* 69: 135–183
- Piha, M. & Häkkinen, J. 2020. Kantasaamesta eteläsaameen. Lainatodisteita eteläsaamen varhaisesta eriytymisestä. *Sananjalka* 62: 102–124.
- Piha, M. & Moilanen, U. 2022. Nuoremman roomalaisajan kääntäjalkasoljet Suomen kielitilanteen näkökulmasta. Tapausesimerkinä löyö Hirvensalmelta. Teoksessa: Halinen, P., Heyd, V. & Mannermaa, K. (toim.) *Oodeja Mikalle – Odes to Mika – Оды Мике: Festschrift for Professor Mika Lavento on the occasion of his 60th birthday*. Monographs of the Archaeological Society of Finland 10: 221–230. Helsinki: Suomen arkeologinen seura.
- Rahkonen, P. 2013. Suomen etymologisesti läpinäkyvätöntä vesistönimistöä. *Virittäjä* 1/2013: 5–43.
- Raninen, S. & Wessman, A. 2015. Rautakausi. Teoksessa: Haggrén, G., Halinen, P. Lavento, M. Lavento, Raninen, S. & Wessman, A. (toim.) *Muinaisuutemme jäljet. Suomen esi- ja varhaishistoria kivikaudelta keskiajalle*: 215–368. Helsinki: Gaudeamus.
- Ranta, K. & Kanninen, J. 2019. *Vastatuuleen. Saamen kansan pakkosuomalaistamisesta*. Helsinki: S&S.
- Saarikivi, J. 2004. Is there Palaeo-European substratum interference in western branches of Uralic? *Suomalais-Ugrilaisen Seuran Aikakauskirja* 90: 187–214.
- Saarikivi, J. 2006. *Substrata Uralica. Studies on Finno-Ugrian substrate in Northern Russian dialects*. Helsinki: Helsingin yliopisto.

- SES = Suomen etymologinen sanakirja. Kotimaisten kielten keskuksen verkkojulkaisuja 72. Saatavilla <https://kaino.kotus.fi/suomenetymologinensanakirja/> [viitattu 15.6.2023].
- SSA = *Suomen sanojen alkuperä. Etymologinen sanakirja* 1–3. Itkonen, E. & Kulonen, U.-M. (päätoim.) 1992–2000. Suomalaisen Kirjallisuuden Seuran Toimituksia 556. Helsinki: Suomalaisen Kirjallisuuden Seura & Kotimaisten kielten Tutkimuskeskus.
- Tieteen termipankki: Kirjallisuudentutkimus: kansallisromantiikka. Saatavilla <https://tieteentermipankki.fi/wiki/Kirjallisuudentutkimus:kansallisromantiikka> [viitattu 11.2.2025].
- Wahlström, M. & Lindstedt, J. 2020. Kielikontaktien tutkimus. Teoksessa: Luodonpää-Manni, M., Hamunen, M., Konstenius, R., Miestamo, M., Nikanne, U. & Sinnemäki, K. (toim.) *Kielen tutkimuksen menetelmiä* I–IV: 557–595. Suomalaisen Kirjallisuuden Seuran Toimituksia 1457. Helsinki: Suomalaisen Kirjallisuuden Seura.

Liite

Esimerkkejä suomen ja saamen kielten sanojen alkuperistä. Mukaan on otettu sanoja, jotka on suurella todennäköisyydellä lainattu nykyisellä Suomen alueella tai sen välittömässä läheisyydessä, jotta ne kertoisivat mahdollisimman kattavasti Suomen alueen kielitilanteesta esihistoriallisella ajalla. Samalla esimerkisanat antavat kuvaa Suomen ja sen lähialueiden luonnonoloista, elinkeinoista ja yhteiskuntarakenteista.

Merkkien selitykset

- < Osoittaa nykymuotoisen sanan ja kantasanan suhdetta. Nuolen oikealla puolella on kantasana ja vasemmalla puolella sanan nykyinen muoto.
- ← Osoittaa lainasuhdetta. Nuolen oikealla puolella on lainanantajakielen sana ja vasemmalla puolella lainansaajakielen sana.
- * Ilmaisee, että sana on kielitieteellinen rekonstruktio.

Sanoista pyritään esittämään nykymuoto, kantasana ja lainanantajakielen sana, mutta kaikissa tapauksissa kaikkia näitä ei ole saatavilla niistä lähteistä, joista liitteen esimerkisanat on kerätty.

SAAME

Sanat on annettu pohjoissaameksi.

Lainat kantagermaanista ja kantaskandinaavista⁷⁵⁰

Kantaskandinaaviset lainasanat on merkitty, muut sanat on lainattu kantagermaanista.

Eläimiä

fális 'valas' < kantasaame **välēs* ← kantaskandinaavi **χwalaz* (vrt. ruotsin *val* 'valas'; ks. myös suomen *valas*)

gáica 'vuohi' < kantasaame **kájccē* ← kantaskandinaavi **gaiti-*

rávdu 'rautu, nieriä' < kantasaame **rāvtō* ← kantaskandinaavi **raudīō*

⁷⁵⁰ Saamen kantagermaanisten ja kantaskandinaavisten lainasanojen esimerkit on kerätty Aikiolta (2006; 2009, ks. myös hänen käyttämänsä lähteet), ellei toisin ole mainittu.

Raudanvalmistus

álvi 'ahjo' < **álvē* ← kantaskandinaavi **afla* (vrt. muinaisnorjan *afl* 'ahjo')⁷⁵¹
ruovdi 'rauta' < **ruovtē* ← **raudān-* 'suomalmi' (ks. myös suomen *rauta*)
vuos'su' 'palje' < **vuosējō* ← **basja-* (vrt. islannin *bes* 'nahkapussi')

Perhesubteet

máhka 'lanko; setä; sukulaisen aviomies' < **make* ← kantaskandinaavi **māga*
(vrt. muinaisnorjan *mágr* 'sukulaismies avioliiton kautta; vävy; lanko; appi'
ja ruotsin *måg* 'vävy'⁷⁵²)
bárdni 'poika' < **pārñē* ← kantaskandinaavi **barna* (vrt. ruotsin *barn* 'lapsi')⁷⁵³

Maisema

borsi 'kurussa vaahtoava koski' < **porsē* ← **fursa-* 'koski; vesiputous'
guovla 'jonkin yli ulottuva tai roikkuva lumikinos' < **kuoplē* ← **skabalō-* (vrt.
norjan *skavl* 'lumikinos')
vuovdi 'metsä' < **vuovtē* ← **aupa-* (vrt. muinaisnorjan *auðr* 'asumaton, autioma')

Verbejä

duoddut 'sietää' < **tuontō-* ← **standa-* (vrt. englannin *stand* 'seisoa; sietää, kestä')

luoikat 'lainata' < **luojkkē-* ← *laigwē-* (vrt. muinaisnorjan *leiga* 'vuokrata')

ruossat 'kompuroida' < **ruosē-* ← **rasō-* (vrt. islannin *rasa* 'rynnätä; kompuroida')

Lainat muinaiseurooppalaisista kielistä⁷⁵⁴

Eläimiä

gákšu 'naarassusi, naaraskarhu' < **kāvšō*
lidnu 'huuhkaja'
morša 'mursu'
njállá 'naali'
noarvi 'hylje'
vuor'*ru*' 'makeissa vesissä talvehtiva lohi'

Maisema

bársi 'syrjäinen vuori; yksinäinen vuori'
jalvi 'lyhyt tyynen veden alue kahden kosken välissä'
jiertá 'iso, pyöreä tunturi'
maras 'soiden ympäröimä koivumetsä'
uffir 'kiviröykkiö tai kivinen rinne merenrannan lähellä'
vuotna 'vuono; kapea ja pitkä järvenlahti'

751 Piha 2024

752 Piha 2018: 204

753 Esim. Aikio 2006: 18; Korhonen 1981: 185

754 Saamen muinaiseurooppalaiset substraattisanat on kerätty Aikiolta (2004; 2012).

Lumi, jää ja sää

biegga 'tuuli'

muovla 'syvä lumi'

ruokya 'lumen puute'

vuožži 'vesi jään päällä'

SUOMI

Lainat kantabaltista⁷⁵⁵

Maanviljelys ja karjanhoito

karsta 'villanmuokkausväline' ← **karšta* (vrt. liettuan *karšti* 'karstata villoja; sukia hevosta')

oinas ← kantabaltti (vrt. liettuan *avinas* 'pässi, oinas')

paimen ← **paimen* (vrt. liettuan *piemuo* : *piemen-* 'paimen')

siemen ← kantabaltti (vrt. liettuan *sėmenys* 'kylvös')

Perhesuhteet

morsian ← **martjan* (mahdollisesti akkusatiivimuoto) (vrt. liettuan *marti* 'morsian; miniä, käly')

sisar ← **sesor* (vrt. liettuan *sesuō* 'sisar').⁷⁵⁶

sulhanen ← **sulas* (mahdollinen merkitys 'lähettiläs')

tytär ← kantabaltti (vrt. liettuan *duktė* : *dukter-* 'tytär')

Lainat germaanista ja skandinaavista⁷⁵⁷

Merellinen ympäristö

airo < **airō* (vrt. ruotsin *åra* 'airo')

merta 'sulkupyöydys' ← *merða-z* (vrt. ruotsin *mjärde* 'merta')

laiva < **lajva* ← **flauja* (vrt. norjan murteellinen *fløy* 'laiva')⁷⁵⁸

Rauta ja rautaesineet

aura '(raudasta valmistettu) kyntölaite' < kantasuomi **atra*⁷⁵⁹ ← **arpra-z* (vrt. ruotsin *årder* 'aura')

755 Suomen kantabalttilaiset lainasanat on kerätty Junttilalta (2015, ks. myös hänen käyttämänsä lähteet), ellei toisin ole mainittu.

756 SES s.v. *sisar*

757 Suomen germaaniset ja skandinaaviset lainasanat on kerätty Häkkiseltä (2005) ja SSA:sta (ks. myös näissä käytetyt lähteet), ellei sanan kohdalla muuta ilmoiteta.

758 Koivulehto 1986: 170

759 Koivulehto 1987: 33

rauta < kantasuomi **ravta* ← **raudan-* 'suomalmi'⁷⁶⁰
miekka < kantasuomi **mēēkka* ← **mēkja-* (vrt. gootin *mēkeis* 'miekka')⁷⁶¹
nasta 'solki' ← **nastā* (vrt. muinaisgotlannin *nast* 'solki, hakanen')

Yhteiskunta

kauppa ← **kaupa*-⁷⁶² (vrt. ruotsin *köp* 'osto')
kuningas ← **kuningaz* (vrt. ruotsin *konung*, *kung* 'kuningas')
laibo 'kasvava vilja', alkuperäinen merkitys 'viljana maksettu maan vuokra' ←
**laiχwōn-* 'vuokra' (vrt. ruotsin vanhahtava *lega* 'vuokra'; vrt. myös saamen
verbiin *luoikat*)
raha ← **skraχō* 'kuivunut eläimen nahka' (nahkoja käytettiin ennen maksu-
välineinä)

Lainat kantsaamesta⁷⁶³

aava ← **āpē* (vrt. pohjoissaamen *āhpi* 'avomeri, aava meri; suo')
kaasu 'sumu, utu; höyry; savu; hiilikaasu' ← **kāsō* (vrt. eteläsaamen *gaasoe* 'jär-
vestä tai joesta nouseva kylmä sumu')
kablata ← **kālē-* 'kahlata' (vrt. pohjoissaamen *gállit* 'kahlata')
kelo ← **čēļē* 'kanto' (vrt. pohjoissaamen Nessebyn murre *čalat* 'kaatunut puu')
kieppi ← **čieppe* '(linnun tai jäniksen kaivama) lumikolo; hanki' (vrt. pohjois-
saamen *čieppa*)
kontio ← **kuomče* 'karhu' (vrt. pohjoissaamen *guovža*)
mieto ← **mietē-* 'otollinen, myötäinen' (vrt. pohjoissaamen *miehte-*)
nuoska ← **ńuocke* 'märkä, kostea' (vrt. pohjoissaamen *njuoska*)
nuotio < **notjo* ← **nuođšō* 'hitaasti palava tukkinuotio' (vrt. pohjoissaamen
njuoršu ~ *nuoršu*)
vaara 'mäki' ← **vārē* 'tunturi, metsäinen mäki' (vrt. pohjoissaamen *várri* 'tun-
turi, tundra, mäki')
valas < **vālēs* (ks. myös saamen *fális*)

Lainat muinaiseurooppalaisista kielistä⁷⁶⁴

ilves
jänis

⁷⁶⁰ Koivulehto 1976: 247, 279.

⁷⁶¹ Kallio 2015b: 28

⁷⁶² Koivulehto 1976: 247

⁷⁶³ Suomen kantsaamelaiset lainasanat on kerätty Aikiolta (2009).

⁷⁶⁴ Suomen mahdolliset muinaiseurooppalaiset substraattisanat on kerätty Häkkiselä (2005).

Kirjoittajat

Toimittajat ja kirjoittajat:

Ulla Nordfors – FT, arkeologi, bioarkeologian dosentti Turun yliopistossa ja tutkija museokeskus Vapriikissa. Nordfors on erikoistunut hautojen ja ihmisjäännösten monitieteiseen tutkimukseen. Hän on saanut työstään tieteellisiä tunnustuksia (mm. Kuninkaallisen Kustaa Adolfin Akatemian palkinnon). Nordfors kuuluu Suomalais-ugrilaisen muinaisgenomihankkeen (Sugrige/Sumragen) työryhmään. Hän on johtanut museokeskus Vapriikissa Pälkäneen rauniokirkon tutkimusta ja toiminut projektipäällikkönä muinais-DNA-näyttelyhankkeessa.

 <https://orcid.org/0000-0002-4213-4061>

Maj Meriluoto – FT, historian tutkija, näyttelypäällikkö museokeskus Vapriikissa. Meriluoto on erikoistunut alkuperäiskansojen tutkimukseen. Hän on kuratoinut Vapriikkiin useita kansainvälisiä näyttelyitä ja toimittanut näyttelyhankkeiden yhteydessä lukuisia populaariteoksia ja tietokirjoja, mm. tietokirjallisuuden Finlandia-ehdokkaana olleen *Suomalaisten pyhiinvaellukset keskiajalla* (SKS, 2015).

 <https://orcid.org/0009-0001-5140-6524>

Kirjoittajat:

Jouni Aspi – FT, geneetikko, Professori Oulun yliopistossa. Hänen tutkimuksensa on keskittynyt uhanalaisten lajien luonnonsuojelugenetiikkaan ja -genomiikkaan. Aspi on keskittynyt selvittämään etenkin antropogeenisen tai ympäristönmuutoksen aiheuttamia evoluutioprosesseja taantuvissa ja domestikoiduissa lajeissa muinais-DNA-menetelmien avulla. Aspi on Suomalaisen Tiedeakatemian jäsen.

 <https://orcid.org/0000-0002-2451-3201>

Riikka Elo – FT, biologi, tutkijatohtori Turun yliopistossa. Elo työskenteli tutkijana Tampereen luonnontieteellisessä museossa museokeskus Vapriikissa vuosina 2020–2025. Hän on erikoistunut hyönteisten ja muiden niveljalkaisten lajistotutkimukseen nyky- ja fossiiliaineistoissa sekä muinais-DNA-tutkimukseen. Hän kuuluu Turun yliopiston ”Seeing the Unseen with aDNA” -tutkimushankkeeseen.

 <https://orcid.org/0000-0002-3989-6858>

Mia Lempiäinen-Avci – FT, arkeologi ja arkeobotanisti Turun yliopistossa ja tutkija Stavangerin yliopistossa. Lempiäinen-Avci on erikoistunut kasvien monitieteiseen tutkimukseen arkeologisista kohteista. Hän kuuluu Turun yliopiston ”Seeing the Unseen with aDNA” tutkimushankkeeseen.

 <https://orcid.org/0000-0002-0221-151X>

Päivi Onkamo – FT, genetiikan professori Turun yliopistossa. Hänen tutkimusryhmänsä (Sugrige/Sumragen) keskittyy suomalais-ugrilaisia kieliä puhuvien väestöjen asuttamien alueiden populaatiohistoriaan muinais-DNA-menetelmin. Onkamo on myös Turun yliopiston Human Diversity -konsortion varajohtaja. Konsortio tutkii ihmisen diversiteettiä monitieteisesti niin arkeologian, kielitieteen, ekologian, väestöntutkimuksen kuin tekoälynkin lähestymistapoja hyödyntämällä.

 <https://orcid.org/0000-0002-5213-0072>

Sofia Paasikivi – FM, arkeologian väitöskirjatutkija Turun yliopistossa. Paasikivi on valmistunut maisteriksi kulttuurihistoriasta ja toiminut museologian yliopisto-opettajana Turun yliopistossa vuosina 2018–2021. Hänen väitöstutkimuksensa käsittelee erityisesti Seilin kirkon historiallisen ajan hautauksia sekä bioarkeologisten menetelmien soveltamista tartuntatautien ja ihmisen terveydentilan tutkimukseen.

 <https://orcid.org/0000-0003-0841-1800>

Sanni Peltola – FM, genetiikan väitöskirjatutkija Helsingin yliopistossa. Peltola kuuluu Suomalais-ugrilaisen muinaisgenomihankkeen (Sugrige/Sumragen) työryhmään ja on vieraileva tutkija evoluutioantropologian Max Planck -instituutissa Leipzigin, Saksassa. Hänen väitöstutkimuksensa

keskittyy muinais-DNA:n laskennallisiin analyyseihin ja Koillis-Euroopan väestöhistoriaan.

 <https://orcid.org/0000-0002-7216-8713>

Minerva Piha – FT suomalais-ugrilaisesta kielentutkimuksesta (2020) ja FM arkeologiasta (2011). Piha toimii eteläsaamen apulaisprofessorina Nord universitetissa Norjassa. Pihan kielitieteellis-arkeologinen väitöskirja rautakauden eteläsaamelaisista palkittiin vuonna 2021 Suomalais-Ugri-laisen Seuran ja Kotikielen Seuran palkinnolla.

 <https://orcid.org/0000-0003-1307-8491>

Nelli-Johanna Saari – FM, arkeologi, väitöskirjatutkija Kööpenhaminan yliopistossa ja Yorkin yliopistossa. Saari erikoistuu muinaisten biomolekyylien (DNA, proteiinit) tutkimusmenetelmiin, ja hänellä on runsaasti kokemusta myös laboratoriotyöskentelystä.

 <https://orcid.org/0000-0001-9106-7718>

Elina Salmela – FT, populaatiogenetiikan dosentti Helsingin yliopistossa ja arkeogenomiikan apulaisprofessori Turun yliopistossa. Salmela on tutkinut Suomen ja lähialueiden geneettistä väestöhistoriaa sekä nykyväestön että muinaisyksilöiden DNA-näytteistä. Hän on ollut myös mukana useissa monitieteisissä tutkimuksissa yhdessä arkeologien ja kielentutkijoiden kanssa sekä popularisoinut väestögenetiikan tuloksia pitkäjänteisesti.

 <https://orcid.org/0000-0003-1326-4462>

Abstract

Ancient DNA (aDNA) research has become one of the most influential developments in archaeological science. It allows researchers to recover and analyze genetic material from long-deceased humans, animals, plants, and pathogens. The research results have been widely published in high-impact journals and frequently featured in the media, giving aDNA visibility that has led some to describe archaeogenetics as a “celebrity science”. This volume introduces the field of archaeogenetics through a Finnish lens, and combines research results from the Sugrige/Sumragen ancient genome project and the Vapriikki Museum Centre’s research and exhibition initiative at the ruined St. Michael’s church in Pälkäne and Vilusenharju cemetery in Tampere. The book brings ancient and historically more recent individuals close to a modern reader by presenting several case studies, through which archaeogenetics is framed as a genuinely interdisciplinary field drawing on archaeology, molecular biology, bioinformatics, history, and linguistics.

The publication starts by examining the potential and limitations of aDNA analysis and highlights the methodological challenges such as DNA degradation, contamination risks, and the unpredictable nature of preservation. Sampling strategies and laboratory protocols are discussed in detail, as is the complexity of the interpretation of DNA data. The book also critically examines the broader societal implications of genetic research, including the increasing popularity of commercial ancestry tests and genetic genealogy. These contexts involve a risk of oversimplifying complex genealogical and population histories. Ethical issues are addressed throughout the volume, particularly the treatment of human remains and the responsibilities of researchers, and the findings are placed in a broader historical and archaeological interpretative framework. For example, the chapters discuss how linguistic, archaeological, and genetic histories may follow distinct and sometimes divergent paths.

The chapters explore the genetic legacy of archaic humans, such as Neanderthals and Denisovans, the genetic dimensions of Finland’s settlement history, kinship structures, health conditions and personal characteristics

of individuals. The latter include analyses of sex, eye and hair colour, and disease susceptibility, which are always approached with caution and respect towards the examined individual. In addition to human-centered studies, the volume highlights applications of aDNA in environmental and ecological research. Chapters on metagenomics, ancient plants, and the genetic histories of animals explore how molecular data can illuminate long-term ecological change, domestication processes, and human-environment interactions. Proteomic analysis is presented as a valuable complementary method, particularly in cases where DNA is poorly preserved, contributing further insights into past diets, health, and species identification. The final chapter on the prehistoric languages spoken in the area of modern Finland complements the volume by offering a linguistic perspective that enriches the genetic and archaeological narratives.

The book shows how interdisciplinary archaeogenetic research can shed light on various aspects of human history, and contributes to a critically informed and ethically responsible approach to molecular archaeology by expanding scientific understanding while recognizing the importance of contextualization in the study of the lives and legacies of past populations.

Sanasto

aDNA (ancient DNA) – *Muinais-DNA*.

aeDNA (ancient environmental DNA) – Muinaisista eliöistä ympäristöön siirtynyttä perintöainesta. Ks. myös *eDNA*.

alleeli – Tietyn perimänkohdan vaihtoehtoisia geenimuotoja. Yhdellä *diploidilla* yksilöllä voi olla korkeintaan kaksi alleelia: isältä peritty ja äidiltä peritty. Tämä alleelien yhdistelmä on yksilön *genotyyppi*.

alleelifrekvenssi – Ks. *alleeli* ja *frekvenssi*.

aneuploidia – Tilanne, jossa *diploidilla* eliöllä on soluissaan yksittäisen kromosomi-parin sijasta jokin muu määrä kromosomeja. Jos toinen kromosomi puuttuu, kyseessä on *monosomia*, ja jos solussa on kahden sijasta kolme kromosomia, kyseessä on *trisomia*.

antibioottiresistenssi – Bakteerin vastustuskyky sellaista antibioottia vastaan, jolla on aiemmin pystytty parantamaan kyseisen bakteerin aiheuttama tauti.

arkaaiset ihmislajit – Ihmisen sukupuuttoon kuolleet sukulaislajit.

arkeogenetiikka – Arkeologisista jäännöksistä eristetyin *muinais-DNA:n* tutkimukseen keskittyvä tieteenala. Arkeogenetiikan tutkimusryhmät ovat usein monitieteisiä, ja tutkijat voivat olla taustaltaan muun muassa geneetikkoja, arkeologeja, biokemistejä tai tietojenkäsittelytieteilijöitä.

autentikoida, autentikointi – Todentaa; tunnistaa aidoksi, oikeaksi tai odotuksen mukaiseksi.

autosomaalinen – *Autosomeihin* liittyvä

autosomi – Mikä tahansa kromosomi *sukupuolikromosomeja* lukuun ottamatta. Ihmisellä on 22 paria autosomeja.

binääri – Kaksijakoinen luokittelu, esimerkiksi sukupuolen jakaminen kahteen kategoriaan.

bioarkeologia – Monitieteinen tutkimusala, joka yhdistää arkeologian ja biologian eri osa-alueita ja tutkii esimerkiksi menneisyyden ihmisten terveyttä ja elinolosuhteita.

bioinformatiikka – Ala, joka käyttää ja kehittää matematiikan ja tilastotieteen menetelmiä biologisten ongelmien ratkaisuun ja tietoaaineistojen hallintaan. Bioinformatiikkaa hyödynnetään muun muassa genetiikassa ja *proteomiikassa*.

cribra orbitalia – Kallossa silmäkuopan alueelle muodostunut reikäisyys tai kuopaisuus. *Cribra orbitalian* syntymistä edesauttavat hivenaineiden puutokset tai erilaiset punasolujen tuotantoon liittyvät tilat ja sairaudet.

demografia – Ala, joka tutkii *populaatioiden* kokoa ja rakennetta, esimerkiksi ikäjakaumaa, ja populaatorakenteessa ajan myötä tapahtuvia muutoksia ja niihin vaikuttavia tekijöitä, kuten syntyvyyttä ja kuolleisuutta.

denisovanihminen – *Arkaainen ihmislaji*, joka eli Aasiassa samaan aikaan *neandertalinihmisen* kanssa.

diploidi kohta – *Genomin* alue, joka esiintyy kahtena kopiona, joista toinen on peräisin isältä ja toinen äidiltä (emolta). Diploidilla eliöllä on diploidi kromosomisto, jossa kutakin *kromosomia* on kaksi kopiota (kromosomipari).

DNA-kirjasto – Näytteestä eristetyt DNA:n kokoelma, jossa molekyylit on merkitty tunnistejaksolla, jonka avulla kirjastoituja molekyylejä voidaan monistaa ja tunnistaa.

DNA-massaviivakoodaus – Analyysi, jossa **DNA-viivakoodaus** tehdään rinnakkain lukuisista yksilöistä ja DNA-molekyyleistä.

DNA-viivakoodaus – Geeniteknologian menetelmä, joka perustuu tiettyjen lyhyiden DNA-jaksojen käyttöön. Menetelmällä pyritään tunnistamaan eri *taksoneita* (useimmiten lajitasolle) DNA:n emäsjärjestyksen perusteella.

domestikaatio – Prosessi, jossa ihminen valikoivasti kasvattaa tai mukauttaa luonnonvaraisia eläin- tai kasvilajeja sukupolvien ajan niin, että ne saavat ominaisuuksia, jotka ovat ihmiselle toivottavia tai edullisia. Tunnettuja esimerkkejä domestikaatiosta ovat kotieläinten tai viljelykasvien kehitysprosessit.

dominantti periytyminen – Vallitseva periytyminen, jossa yksi geenikopio riittää aiheuttamaan ominaisuuden tai sairauden.

eDNA (environmental DNA, ympäristö-DNA) – Eliöstä ympäristöön (vesi, maa, ilma) siirtynyttä perintöainesta.

emälinja – *Äitilinja* eläimistä puhuttaessa.

endeeminen – Kotoperäinen; laji tai tauti, joka on rajoittunut tietylle maantieteelliselle alueelle ja jota ei esiinny luontaisesti muualla.

endogeeninen DNA – Tutkittavasta muinaisyksilöstä peräisin oleva DNA.

entsyymi – Proteiini, joka nopeuttaa tai mahdollistaa tiettyjä kemiallisia reaktioita.

etnonationalismi – Näkemys, jonka mukaan kansakunta voidaan määrittää tietyn yhteisen perinnön perusteella.

eurosentrisyys – Eurooppa-keskeisyys.

evoluutio- ja populaatiohistoria – Evoluutiohistoria tutkii lajien historiaa, kuten sitä, miten eri lajit ovat sukua toisilleen ja milloin niiden yhteinen *kantamuoto* on elänyt. Populaatiohistoria tutkii samankaltaisia kysymyksiä, mutta tutkimuksen kohteena ovat saman lajin eri populaatiot.

fenotyyppi – Ilmiasu; genotyypin eli yksilön alleelien yhdistelmän tuottama ominaisuus tai piirre, esimerkiksi silmien väri, tai tällaisten piirteiden kokonaisuus. Osa ominaisuuksista on *monitekijäisiä*.

floresinihminen – Pienikokoinen ihmislaji, joka eli Floresin saarella Indonesiassa noin 190 000–50 000 vuotta sitten.

forensinen – Viittaa yleensä rikostutkimuksessa ja oikeuslääketieteessä hyödynnetäviin menetelmiin. Forensiset menetelmät auttavat tunnistamaan, keräämään ja analysoimaan todistusaineistoa, jolla voi olla merkitystä rikoksen ratkaisussa tai kuolinsyyntä määrittämisessä.

frekvenssi – Esiintymistiheys. Esimerkiksi mutaatiofrekvenssi kuvaa *mutaatioiden* esiintymistiheyttä ja alleelifrekvenssi tietyn *alleelin* osuutta *populaatiossa*.

fylogeneettinen puu – Eri kehityslinjoja ja polveutumishistoriaa eli fylogeniaa kuvaava puumainen kaavio. Fylogeneettinen puu voi kuvata esimerkiksi äiti- tai isä-

linjojen polveutumista ja jakautumista alaryhmiin, ihmis- tai eläinlajien kehitystä eri lajeiksi tai taudinaiheuttajien evoluutiota.

geenimuoto – Ks. *alleeli*.

geenipankki – Tutkimuksissa saatavia eliöiden DNA-sekvenssejä (muun muassa DNA-viivakoodit ja genomit) säilötään geenipankkeihin avoimesti käytettäväksi dataksi ympäri maailmaa. Geenipankiksi voidaan nimittää myös esimerkiksi siemenpankkeja, joihin talletetaan eri kasvilajien siemeniä.

geneettinen eroosio – Perinnöllisen muuntelun pysyvä väheneminen.

geneettinen monimuotoisuus – Populaatiotasolla olemassa olevien vaihtoehtoisten geenimuotojen määrä, joka näkyy yksilöiden välisinä eroina. Geneettinen monimuotoisuus parantaa lajin sopeutumista, sillä *luonnonvalinta* voi toimia tehokkaasti vain, kun yksilöt eroavat ominaisuuksiltaan toisistaan.

geneettinen muuntelu – Geneettisten erojen olemassaolo. Geneettinen muuntelu tarkoittaa, että yksilöt ovat *genotyypiltään* erilaisia. Geneettinen muuntelu *populaatioissa* edistää *geneettistä monimuotoisuutta*, koska sen ansiosta yksilöt ovat geneettisesti erilaisia.

geneettinen satunnaisajautuminen – Periytymisen satunnaisilmiö, jossa eri geenimuotojen yleisyys eli *frekvenssi* heilahtelee *populaatioissa* sukupolvesta toiseen, ja ääritapauksessa geenimuotoja saattaa kokonaan kadota. Frekvenssien heilahtelu on voimakkainta pienissä populaatioissa. Sitä voi aiheuttaa esimerkiksi *populaatiopullonkaula*, jossa populaatiokoko pienenee muutamien sukupolvien ajaksi, tai perustajanvaikutus, jossa uudelle alueelle siirtynyt pieni perustajapopulaatio on altsatunnaisajautumiselle kunnes ehtii kasvaa suuremmaksi. Pullonkaulan tai perustajanvaikutuksen jälkeen populaation geenimuotojen frekvenssit voivat poiketa alkuperäisistä radikaalistikin.

geneettinen taakka – *Populaation* keskimääräisen kelpoisuuden alenema verrattuna tilanteeseen, jossa populaation kaikki yksilöt omaavat suurimman mahdollisen menestymisarvon. Tämä voi johtua esimerkiksi haitallisten geenien esiintymisestä geeniperimässä.

genomi – Eliön koko perimä. Esimerkiksi ihmisen perimä koostuu 23 kromosomiparista sekä mitokondrio-DNA:sta. Ks. myös *haploidi kohta*.

genotyypitys – Laboratoriomenetelmä, jonka avulla tarkastellaan tiettyjen *lokusten* eli perimänkohtien variaatiota. Kullakin yksilöllä on *autosomaalisissa* lokuksissa kaksi *alleelia*, jotka muodostavat lokuksen *genotyypin*.

genotyypipi – Yksilön kaikkien geenimuotojen kokonaisuus, usein myös tietyn *lokuksen* geenimuotojen yhdistelmä. Ks. myös *alleeli* ja *genotyypitys*.

haploidi kohta – *Genomin* alue, joka esiintyy vain yhtenä kopiona. Tällaisia kohtia ovat nisäkkäillä esimerkiksi *mitokondrion* genomi ja *Y-kromosomi*, jotka periytyvät vain toiselta vanhemmalta. Joillakin eliöillä, kuten bakteereilla, koko genomi on haploidi. Vrt. *diploidi kohta*, *pseudohaploidi aineisto*

haploryhmä – Ryhmä samankaltaisia *haplotyyppjejä* Y-kromosomissa tai *mitokondrio-DNA:ssa*. Haploryhmän haplotyyppit periytyvät samasta *kantamuodosta*.

haplotyyppi – Samassa *kromosomissa*, lähekkäisissä *lokuksissa* olevien *alleelien* yhdistelmä, joka periytyy yhdessä. Koska *mitokondrio-DNA:ssa* ja *Y-kromosomissa* (*pseudoautosomaalisten alueiden* ulkopuolella) ei tapahdu *rekombinaatiota*,

kumpikin muodostaa kokonaisuudessaan haplotyyppin. Näiden haplotyypppejä myös ryhmitellään laajemmiksi *haplorybmiksi*. Haplotyypppejä käytetään *geneettisen muuntelun* tutkimiseen.

heterotsygootti – Yksilö, jolla on heterotsygoottinen genotyyppi eli kaksi erilaista *alleelia* tietyissä *lokuksessa*. Vrt. *homotsygootti*.

heterotsygotia-aste – Tietyn perimänkohdan suhteen *heterotsygoottien* yksilöiden osuus populaatiossa.

homologiset geenit – Samatoimiset geenit, jotka ovat periytyneet eri lajeille yhteiseltä *kantamuodolta*.

homotsygootti – Yksilö, jolla on homotsygoottinen genotyyppi eli kaksi samanlaista *alleelia* tietyissä *lokuksessa*. Vrt. *heterotsygootti*.

homotsygotiajakso (ROH, engl. *runs of homozygosity*) – Perimän alue, josta yksilö on perinyt identtiset kopiot äidiltään ja isältään. Pitkät ja lukuisat homotsygotiajaksot ovat seurausta sukulaisten lisääntymisestä keskenään.

immunoproteiini – Proteiini, joka vaikuttaa immuunijärjestelmän toimintaan.

isälinja – Isästä poikaan, pojanpoikaan ja niin edelleen johtava periytymislinja. Termiä käytetään usein myös tätä linjaa pitkin periytyvästä Y-kromosomimuodosta, vaikka täsmällisempi termi olisi Y-kromosomi*haplotyyppi* tai *-haplorybmä*.

kampakeraaminen kulttuuri – Koillis-Euroopan havumetsävyöhykkeellä sijainnut kulttuuripiiri, joka ajoittuu noin vuosien 5000–3000 eaa. välille. Kulttuuri on saanut nimensä kampaleimoilla koristelluista astioista.

kantamuoto – Laji tai kieli, josta kaksi toisilleen sukua olevaa lajia tai kieltä polveutuu.

kiillehypoplasia – Hammaskiilteen kehityshäiriö, joka voi näkyä urina hampaan pinnassa. Kiillehypoplasia syntyy lapsuudessa kiilteen muodostuessa, ja sen taustalla voi vaikuttaa aliravitsemus tai infektio.

kloroplasti – Viherhiukkanen. Kasvisoluissa oleva soluelin, joka osallistuu fotosynteesiin. Sisältää myös DNA:ta, johon viitataan termillä kloroplastigenomi. Sen kahta geeniä käytetään kasvien *DNA-viivakoodauksessa*.

kognitiiviset toiminnot, valmiudet tai kyvyt – Tiedon käsittelyyn ja ajatteluun liittyviä prosesseja aivoissa. Kognitiiviset valmiudet – tarkkaavaisuus, muisti, ajattelun joustavuus, kielelliset taidot sekä visuaalinen ja spatiaalinen hahmottaminen – ovat yksilön kykyjä suorittaa näitä toimintoja tehokkaasti. Kognitiiviset kyvyt kehittyvät elämän aikana ja voivat heikentyä eri syistä, kuten ikääntymisestä tai sairauksista johtuen.

kommensaali – Isäntäeliölle haittaa aiheuttamaton tai jopa tätä hyödyttävä laji, esimerkiksi pieneliö.

konservointi – Arkeologisen löydön käsittely niin, että sen tuhoutuminen hidastuu merkittävästi.

konservoituneet geenit – Geenejä, jotka ovat pysyneet lähes muuttumattomina eliökunnassa. Eliöiden DNA:ssa nähdään hyvin vähän tai ei lainkaan mutaatioita tällaisissa geeneissä.

kontaminaatio – Muinais-DNA-tutkimuksessa kontaminaatio tarkoittaa DNA:ta, joka ei ole peräisin tutkittavasta eliöstä. Kontaminaatio-DNA voi olla peräisin

muun muassa maaperän ja muun ympäristön mikrobeista, laboratoriossa käytettävistä kemikaaleista tai näytettä käsitelleyttä tutkijoista.

koprolitti – Kivettynyt tai arkeologisoitunut uloste.

kromosomi – Perimäaine on solun tumassa pakkautuneena kromosomeiksi, jotka koostuvat DNA:n lisäksi proteiineista. Ihmisellä on 23 kromosomiparia, joista 22 on *autosomeja* ja yksi pari *sukupuolikromosomeja*. Kunkin kromosomiparin toinen vastinkromosomi on peräisin isältä, toinen äidiltä.

kronotyppi – Henkilölle ominainen uni–valvetrytmi tai vuorokausirytm.

käytävähauta – Megalittiin kuuluva suurikokoinen hautatyppi, joka koostuu käytävästä ja sen päässä olevasta kammioista. Käytävähautoja ympäröi usein suuri kumpu. Hautatyyppejä esiintyi kivikauden lopulla (n. 4000–2000 eaa.) Länsi-Euroopassa ja Etelä-Skandinaviassa.

latriini – Käymälä.

lokus – Tietty perimän kohta, esimerkiksi geenin tai DNA-jakson sijainti *kromosomissa*.

luonnonvalinta – Evoluutioprosessi, joka seuraa genotyyppien erilaisesta kelpoisuudesta ja jonka tuloksena lajin yksilöille hyödylliset geenimuodot yleistyvät ja haitalliset harvinaistuvat tai häviävät.

maatiais-kanta – Myös paikalliskanta. Viljelykasvin luonnonvaraisen kantamuodon kaltainen maatiaiskasvi, joka on sopeutunut paikallisiin kasvuolosuhteisiin.

maatiais-kasvi – Myös maatiaislaji. Kasvi, jota on viljelty satoja tai tuhansia vuosia jollakin tietyllä alueella. Maatiaiskasvit ovat kehittyneet pitkien aikojen kuluessa luonnonmukaisella tavalla ja muistuttavat ominaisuuksiltaan luonnonvaraisia kantamuotojaan. Maatiaiskasvia ei ole jalostettu tieteellisesti.

maatiais-laji – Ks. *maatiais-kasvi* tai *maatiais-rotu*.

maatiais-lajike – Paikallislajike. Pitkäaikaisen viljelyn ja valinnan seurauksena kanta-muodosta kehittynyt paikallinen maatiaiskasvi.

maatiais-rotu – Jalostamaton kotieläin tai joskus myös kotoisen kannan pohjalta jalostettu rotu.

makrofossiili – Arkeologisessa aineistossa säilynyt kasvin osa (esimerkiksi siemen, jyvä, silmu, juurimukula tai puun pala) tai hyönteisten ja maaperäeläinten jäännökset. Makrofossiilit ovat usein vain viiden millimetrin kokoisia tai tätä pienempiä.

markkeri – Geneettinen markkeri on perimän kohta, *lokus*, joka vaihtelee yksilöiden välillä ja jonka *alleelit* voidaan määrittää helposti. Ks. myös *mikrosatellitmarkkeri*.

matrilokaalinen – Asumismuoto, jossa pariskunta muuttaa avioliiton jälkeen vaimon perheen luokse, ja lapset varttuvat äitinsä yhteisössä. Matrilokaalisen vastakohta on *patrilokaalinen*.

metagenomiikka – Tutkimussuuntaus, jossa tutkitaan geneettisin menetelmin yksittäisten lajien sijaan kokonaisia lajien yhteisöjä. Tällaisia voivat olla esimerkiksi maaperän tai suoliston mikrobiyhteisöt eli *mikrobiomit*.

mikrobiomi – Tietyn alueen tai elinympäristön, kuten suun, suoliston tai maaperän, mikrobien muodostama kokonaisuus.

mikrosatellittimarkkeri (SSR, STR; engl. *simple sequence repeat, short tandem repeat*) – geneettinen *markkeri*, joka koostuu muutaman emäsparin aiheen toistoista. Markkerin eri alleeleissa on erilainen lukumäärä näitä toistoja.

mitokondrio – Aitotumallisten eliöiden soluelin, joka huolehtii soluhengityksestä ja tuottaa energiaa solujen käyttöön. Alun perin mitokondrio on kehittynyt bakteerista kuten myös kasvien viherhiukkaset eli *kloroplastit*.

mitokondrio-DNA – *Mitokondrion* oma pieni genomi, joka periytyy jälkeläisille vain äidiltä tai emolta. Mitokondrio-DNA kertoo *äitilinjojen* historiasta.

mitokondriogenomi – Mitokondrion koko perintöaines. Ks. myös *mitokondrio ja genomi*.

mitokondriohaploryhmä – Ks. *äitilinja, haploryhmä*.

molekyyliigenetiikka – Perinnöllisyystieteen haara, joka tutkii geneettisiä järjestelmiä molekyyliatasolla, tyypillisesti DNA:ta, RNA:ta ja proteiineja.

monitekijäinen – Monitekijäiset ominaisuudet tai sairaudet ovat seurausta useiden eri geenien ja ympäristötekijöiden monimutkaisista yhteisvaikutuksista.

monosomia – Toisen *kromosomin* puuttuminen kromosomiparista. Naisilla *X-kromosomin* monosomia saa aikaan Turnerin oireyhtymän.

morfologia – Muoto-oppi. Biologiassa morfologia tarkoittaa eliöiden muodon ja rakenteiden eli anatomian tutkimusta. Kielitieteessä morfologia tutkii sanojen muodostusta kielen pienimmistä merkitysyksiköistä.

muinai-DNA – Perimäaineista menneisyydessä eläneestä eliöstä.

Mustakirja – Turun tuomiokirkon Mustakirja (*Registrum ecclesiae Aboensis*) on Turun tuomiokirkkoon ja sen omistamiin tiloihin liittyvien keskiaikaisten asiakirjojen kokoelma. Monet asiakirjat ovat kopioita, jotka ajoittuvat vuosien 1229–1515 välille.

Musta surma – Tuhoisa ruttoepidemia Euroopassa vuosina 1346–1353.

mutaatio – Perimässä tapahtuva satunnainen muutos. Useimmat uudet mutaatiot eivät vaikuta yksilöön mitenkään, mutta jotkin mutaatiot ovat haitallisia ja osa hyödyllisiä. Osa mutaatioista periytyy vanhemmalta jälkeläisille, jolloin niistä tulee osa populaation geneettistä muuntelua. DNA-mutaatioita ovat esimerkiksi kromosomi-, kromosomisto- sekä pistemutaatiot.

mutaatiofrekvenssi – Ks. *frekvenssi*

myöhäispleistoseenikausi – Geologinen ajanjakso, joka alkoi noin 126 000 vuotta sitten ja päättyi noin 11 700 vuotta sitten. Pleistoseenikautta leimasivat toistuvat jäätiköitymisvaiheet sekä jääkaudelle tyypillinen eläimistö mammutteineen ja villasarvikuonoineen.

neandertalinihminen – Roteva, jääkauden ilmastoon sopeutunut ihmislaji, joka eli Euroopassa ja Aasiassa noin 300 000–35 000 vuotta sitten.

negatiivinen kontrolli – Muinai-DNA-tutkimuksessa varsinaisen näytteen rinnalla käsiteltävä ”tyhjä” näyte, jota kohdellaan kaikissa laboratoriotyövaiheissa kuten muitakin näytteitä. Näin voidaan havaita laboratoriossa mahdollisesti tapahtunut kontaminaatio.

NGS (engl. *Next generation sequencing*) – Uuden sukupolven sekvensointimenetelmä (myös *massively parallel sequencing MPS* tai *high-throughput sequencing HTS*);

2000-luvulla kehittynyt menetelmä, jolla voidaan lukea miljoonien lyhyiden DNA-jaksojen *sekvenssi* samanaikaisesti. Ks. myös *sekvensointi*.

nomenklatuura – Nimilista, jolla kuvataan äiti- tai isälinjoja ja niiden alaryhmiä.

nukleotidi – Nukleiinihappojen eli DNA:n ja RNA:n rakenneyksikkö.

nukleotididiversiteetti – Perinnöllisen muuntelun määrä populaatiossa.

nuorakeraaminen kulttuuri – Nuorapainanteisen keramiikan mukaan nimetty kivikautinen kulttuuri (n. 2900–2300 eaa.), joka on yhdistetty väestöjen laajaan liikkedintään ja myös indoeurooppalaisten kielten leviämiseen Euroopassa.

nykyihminen – Oma lajimme, joka kehittyi Afrikassa noin 200 000–100 000 vuotta sitten. Lajin varhaiset edustajat eivät juuri poikenneet nykyisin elävistä ihmisistä.

organelli – Soluelin eli solun sisäinen itsenäinen rakenne. Soluelimiä ovat esimerkiksi tuma, *mitokondrio* ja kasvien viherhiukkaset eli *kloroplastit*. Soluelimillä on omia erikoistehtäviä, esimerkiksi mitokondriot vastaavat solujen energia-aineenvaihdunnasta.

osteologia – Luututkimus. Osteologinen analyysi viittaa arkeologisista luista tehtävään tutkimukseen, jossa pyritään usein määrittämään vainajan sukupuolta, ikää ja terveydentilaa.

osteologinen paradoksi – Ilmiö, jossa arkeologisen ihmisryhmän terveydentila vaikuttaa luututkimuksen perusteella huonommalta kuin se todellisuudessa oli. Tämä johtuu siitä, että ajan kuluessa syntyneet luumuutokset ovat yleisiä yksilöillä, jotka elivät tarpeeksi pitkään, kun taas nopeasti menehtyneille ei ehtinyt kehittyä vastaavia muutoksia.

paikkaidentiteetti – Tunnetason yhteys ja kiintymys tiettyä paikkaa kohtaan.

paleontologia – Esihistoriallisia kasveja tai eläimiä tutkiva tieteenala. Paleontologia eroaa arkeologiasta siten, että arkeologia tutkii menneisyyden ihmisen historiaa ja kulttuuria.

paleoproteomiikka – Ala, joka tutkii eliöiden tuottamia proteiineja muinaisista aineistoista. Ks. myös *proteomiikka*.

parodontiitti – Hampaan kiinnityskudosten tulehdus.

patrilokaalinen – Asumismuoto, jossa pariskunta muuttaa avioliiton jälkeen miehen perheen luokse, ja lapset varttuvat isänsä yhteisössä. Patrilokaalisissa yhteisöissä perimys- ja sukulaisuussuhteet määrittyvät usein patrilineaarisesti eli isän puolelta. Patrilokaalisen vastakohta on *matrilokaalinen*.

patogeeni – Taudinaiheuttaja, esimerkiksi bakteeri, virus tai loinen.

patogeeninen – Tautia aiheuttava.

peptidi – Aminohappoketju, josta proteiini muodostuu.

PCR (engl. *Polymerase chain reaction*) – Polymeerasiketjureaktio. *Molekyyligenetiikassa* keskeinen menetelmä, jolla voidaan nopeasti monistaa haluttuja DNA-*sekvenssejä*.

peittyvä periytyminen – Ks. *resessiivinen periytyminen*.

peplosmekko – Päällysmekko, joka voi koostua yhdestä tai kahdesta suorakaiteen muotoisesta kankaasta. Kangas kiedotaan vartalon ympärille ja sen eri puolet

kiinnitetään olkapäiltä soljilla. Peplosmekko kuului naisten muotiin rautakauden Euroopassa.

perimänlaajuinen – Aineisto, analyysi tai ilmiö, joka kattaa yksilön perimän koko laajuudeltaan. Vrt. esimerkiksi yksittäiset geenit tai *lokukset*.

populaatio – Samaan lajiin kuuluvien yksilöiden joukko, joka elää samalla alueella samaan aikaan ja usein myös lisääntyy keskenään.

populaatiohistoria – Ks. *evoluutio- ja populaatiohistoria*.

populaatiopullonkaula – Tilanne, jossa populaation koko äkillisesti pienenee ja taas joidenkin sukupolvien päästä kasvaa. Pullonkaulan seurauksena populaation geneettinen monimuotoisuus vähenee. Ks. myös *geneettinen satunnaisajautuminen*.

prestiisikieli – Kieli, joka saa valta-aseman esimerkiksi jonkin sosiaalisen tekijän vaikutuksesta. Usein prestiisikieli on myös sellainen kieli, jolla on eniten puhujia alueen muihin kieliin suhteutettuna.

proglaciaalijärvi – (engl. *proglacial lake*) Jäätikön kylkeen tai sen eteen rajautuva järvi (myös jääkontaktijärvi).

proteomi – Eliön tuottamien proteiinien kokonaisuus.

proteomiikka – Ala, joka tutkii eliöiden tuottamia proteiineja. Ks. myös *paleo-proteomiikka*.

pseudoautosomaaliset alueet – *Sukupuolikromosomien* päissä olevat lyhyet alueet, joilla tapahtuu *rekombinaatiota* X- ja Y-kromosomin välillä sukusolujen muodostumisen yhteydessä.

pseudohaploidi aineisto – Muinais-DNA-tutkimuksessa käytettävä datatyyppi, jossa jokaista genomista kohtaa edustamaan on valittu vain yksi *alleeli*. Tämä lähestymistapa johtuu muinais-DNA-aineiston heikosta laadusta, minkä vuoksi molempien alleelien havaitseminen on useimmiten mahdotonta.

punainen kompleksi – (engl. *red complex*), kolmen bakteerin ryhmä, jonka esiintyminen liittyy vaikeaan *parodontiittiin*.

reagenssi – Laboratoriossa käytettävä aine tai seos, jonka avulla voidaan esimerkiksi osoittaa, eristää tai määrittää muita aineita tai seoksia.

rekombinaatio – Prosessi, jossa sukusolujen muodostuessa kunkin *autosomaalisen* kromosomiparin *kromosomit* vaihtavat vastinosia keskenään niin, että syntyvään sukusoluun päätyy yleensä osia parin kummastakin kromosomista. *Sukupuolikromosomit* X ja Y rekombinoituvat keskenään vain *pseudoautosomaalisilta* alueilta ja *haploidi mitokondrio-DNA* ei lainkaan.

resessiivinen periytyminen – Peittyvä periytyminen. Ominaisuus tai sairaus ilmenee vain, jos henkilö on perinyt siihen liittyvän *geenimuodon* molemmilta vanhemmiltaan. Vrt. *dominantti periytyminen*.

rikastus – Menetelmä, jolla voidaan lisätä tutkimuksen kohteena olevan perimäosan suhteellista osuutta *DNA-kirjastossa*. Rikastusmenetelmällä voidaan esimerkiksi poimia ihmisestä peräisin oleva DNA talteen mikrobiperäisen DNA:n joukosta.

RNA – Ribonukleiinihappo. RNA:n eri tyypit osallistuvat muun muassa proteiini-synteesiin. Yleensä yksijuosteinen polymeeri; joidenkin RNA-virusten perimässä esiintyy myös kaksijuosteisena.

satunnaisajautuminen – Ks. *geneettinen satunnaisajautuminen*.

sedaDNA (sedimentti-DNA) - Maaperän sedimentteihin säilynyt muinaisten eliöyhteisöjen DNA.

sedentaarinen – Elämäntapa, jossa väestö asuu ja harjoittaa maanviljelyä samalla alueella pysyvästi. Sedentaarisuus on vastakohta nomadismille, jossa väestö liikkuu säännöllisesti paikasta toiseen ja harjoittaa kausittaista karjan laiduntamista tai metsästystä.

sekvensointi – DNA:n rakenneosien eli emästen järjestyksen selvittäminen. Ks. myös *NGS* ja *shotgun-sekvensointi*.

sekvenssi – DNA:sta puhuttaessa DNA:n emäsjärjestys, joka sisältää yksilön perinnöllisen informaation, ja proteiineista puhuttaessa aminohappojen järjestys aminohappoketjussa, josta proteiini muodostuu.

semanttinen kenttä – Sellaisten sanojen ryhmittymä, joka ovat toisiinsa yhteydessä merkityksen kautta. Esimerkiksi sääilmiöitä ilmaisevat sanat voivat muodostaa oman semanttisen kenttensä, värien nimitykset omansa ja niin edelleen.

shotgun-sekvensointi – Satunnaissekvensointi, jossa DNA:n emäsjärjestys selvitetään satunnaisesta joukosta *DNA-kirjaston* molekyylijä.

sisarajat – Lajit, jotka ovat kehittyneet yhteisestä kantamuodosta.

somaattinen mutaatio – Ei-perinnöllinen mutaatio, joka tapahtuu esimerkiksi kasvaimessa.

SNP ("snippi", engl. *single nucleotide polymorphism*) – Yhden nukleotidin polymorfismi (monimuotoisuus). Geneettinen *lokus*, jossa yksilöt eroavat toisistaan yhden *nukleotidin* kohdalla. Ero katsotaan polymorfismiksi, jos se esiintyy vähintään 1%:lla populaatiosta. SNP:itä käytetään yleisesti geneettisinä *markkereina*.

sukupuolikromosomit – Ihmisellä X ja Y. Aiheuttavat biologiset sukupuolierot: XX-yksilöt kehittyvät naaraiksi ja XY-yksilöt koiriaiksi. Koska vain koiraat tuottavat Y-kromosomillisia sukusoluja eivätkä X- ja Y-kromosomi *rekombinoitu* keskenään *pseudoautosomaalisia* alueita lukuun ottamatta, Y-kromosomi periytyy vain isältä pojalle. Sen avulla voidaan siis tutkia *isälinjojen* historiaa.

suksiitos (myös sisäsiitos) – Toisilleen sukua olevien yksilöiden lisääntymisestä käytetty termi. Sukusiitos vähentää yksilön geeniparien *heterotsygotiaa*, (ks. myös *heterotsygotia-aste*), mikä lisää myös haitallisten *geenimuotojen* ilmenemistä *populaatiossa*.

suoruumis – Suohon tai kosteikkoon upotettu vainaja. Suoruumiita on löytynyt etenkin Etelä-Skandinaviasta ja Brittein saarilta, ja ne ajoittuvat usein varhaiselle rautakaudelle, ajanlaskun alun tienoille. Vainajissa on usein väkivallan merkkejä, minkä vuoksi suohon asettamisen on arveltu olleen osa aikakauden rituaaleja.

suuri saamelainen vokaalirotaatio (engl. *The Great Saami Vowel Shift*) – Suuri muutos kantasaamen vokaalijärjestelmässä. Ennen vokaalirotaatiota vokaalijärjestelmä muistutti järjestelmää, joka on rekonstruoitu länsiuralilaiseen kieleen (josta myös saamen sukukielet itämerensuomi ja mordvalaiskielet periytyvät). Vokaalirotaation seurauksena järjestelmä muuttui niin, että vokaalijärjestelmän määrä lisääntyi ja laatu muuttui. Kieleen kehittyi muun muassa useita diftongeja. Saamen kantagermaaniset lainasanat ovat osallistuneet vokaalirotaatioon, eli ne on lainattu ennen vokaalijärjestelmän muutosta. Kantaskandinaaviset lainasanat ja

muinaiseurooppalaiset substraattisanat eivät ole osallistuneet vokaalirotaatioon, ja siten ne on saatu kieleen vasta vokaalirotaation jälkeen.

syteeminen sairaus – Koko kehon toimintaan vaikuttava sairaus.

sytyosiini – Yksi DNA:n neljästä emäksestä; muut kolme ovat adeniini, guaniini ja tyymiini. DNA:n kaksoisjuosteessa sytyosiini muodostaa emäsparin guaniinin kanssa, mutta DNA:n hajotessa se voi muuttua tyymiiniä muistuttavaksi urasiili-emäkseksi, joka puolestaan pariutuu adeniinin kanssa ja muuttaa siten DNA:n geneettistä koodia.

tafonomia – Prosessit ja ilmiöt, jotka vaikuttavat arkeologisen löytökontekstin muodostumiseen, esimerkiksi erilaisten ympäristökelijöiden tai biologisten prosessien vaikutus arkeologisten jäännösten säilymiseen maaperässä.

taksoni – Eliöiden ryhmä, joka sisältää tietyllä sukulaisuustasolla olevia eliöitä. Eläimissä eri taksonitasoja ovat esimerkiksi rotu, laji, suku, heimo, laho, luokka, pääjakso ja eläinkunta.

taksonomia – Hierarkkinen luokittelujärjestelmä. Biologiassa taksonomia luokittelee eliöitä eri sukulaisuustasoille eli **taksoneihin**. Historiallisessa kielitieteessä taksonomia luokittelee menneitä kielimuotoja. Esimerkiksi kantaauralin ja nyky-suomen välille oletetaan usein erilaisia kielimuotoja, välikantakieliä, jotka ovat hierarkkisessa suhteessa toisiinsa: kantaaurali > länsiurali > esisuomi > kantasuomi > suomi.

tehollinen populaatiokoko – Heijastaa populaation geneettistä monimuotoisuutta ja jalostuspohjan laajuutta. Se on numeerinen arvo, joka kuvaa tutkittavan populaation suhdetta ideaalipopulaation kokoon. Ideaalipopulaatio on yksinkertaistettu ennustemalli, jossa yksilöt pariutuvat satunnaisesti, sukupuolten osuudet ovat tasaiset, perheiden koko on vakio, sukupolvien välinen limittyminen puuttuu, ja jokaisella yksilöllä on yhtäläinen lisääntymismahdollisuus. Tehollista populaatiokokoa voidaan käyttää monimutkaisten populaatiorakenteiden yksinkertaistamiseen ja muuntelun säilymisen ennustamiseen.

trisomia – Tila, jossa kromosomistossa on yhdestä *kromosomista* tavanomaisen kahden sijasta kolme kopiota. Trisomia on yleisin ihmisen kromosomistomutaatio. Ks. myös *aneuploidia*.

vallitseva periytyminen – Ks. *dominantti periytyminen*.

X-kromosomi ja Y-kromosomi – Nisäkkäiden *sukupuolikromosomit*. Ks. myös *kromosomi*.

Y-kromosomihaploryhmä – Ks. *isälinja*.

yhden nukleotidin polymorfismi – Ks. *SNP*.

ympäristö-DNA – Ks. *eDNA*.

äitilinja – Äidistä tyttäreen, tyttärentyttäreen ja niin edelleen johtava periytymislinja. Termiä käytetään usein myös tätä linjaa pitkin periytyvästä mitokondri-DNA:n muodosta, vaikka täsmällisempi termi sille olisi mitokondriohaplotyypin tai *-haploryhmä*.

Asiahakemisto

- aistit, aistimukset
hajuaisti 73, 154–155
kipuaistimus 73
makuaiisti 73, 155
- alkuperäiskansa 14, 24, 25, 51, 138, 149, 152, 161, 257, 284
alkuperäiskansatutkimus 184
määritelmä, status 25, 284
oikeudet 25, 138
sukupuolikäsitteykset 149
- alleeli 49, 70, 152, 155, 162, 189, 190, 243, 250, 317
- allergia 187, 189–190
- aneuploidia 149, 151, 317, 327 ks. myös monosomia, trisomia
- antibioottiresistenssi 20, 317
- asuipaikat 40, 78, 135, 158, 186, 224, 229–230, 257, 267, 277, 282
- asumismuoto 113, 115, 322, 324
matrilokaalinen 132, 322
patrilokaalinen 113, 132, 324
- autentikointi 137, 139, 265–266, 317
proteiinien varmentaminen 265–266
sukulaisuuden varmistaminen 137, 139
- autosomi 122, 124–126, 317
- avioliitto 91, 93, 133–134, 302, 309, 322, 324
- bakteeri 19–20, 33, 40, 45, 51, 78, 178–187, 205, 208, 210–212, 214, 217, 263, 270–272, 276, 317, 320, 322, 324–325
Bartonella quintana 19
Clostridium perfringens 187
maaperäbakteerit 45, 263, 270
Mycobacterium leprae 182
Mycobacterium tuberculosis 178, 270
mykobakteerit 178
Porphyromonas gingivalis 271
Pseudomonas veronii 187
punaisen kompleksin bakteerilajit 271, 325
Rickettsia prowazekii 19
Salmonella enterica 51, 180, 184
Streptococcus pneumoniae 186
suolistobakteerit 187
Tannerella forsythia 271
Treponema denticola 271
Treponema pallidum 183
Yersinia enterocolitica 183
Yersinia pestis 51, 178, 180–181
- bioarkeologia 19, 184, 217, 317
- biodiversiteetti
biodiversiteettisopimus 259
biodiversiteettitutkimus 213
- denisovanihminen 11, 58–59, 61–71, 73, 318
- dinosaurukset 36
- DNA:n säilyminen ks. säilyminen
- DNA-viivakoodaus 206–211, 214, 216, 266, 318
- domestikaatio 20, 22, 117, 227–229, 232, 237, 249, 255, 257–259, 318
- eläinten 22, 117, 237, 249, 255, 257–259
- kasvien 20, 227–229, 232
- dominantti periytyminen 15, 152, 318, 325, 327
- eläimet (nisäkkäät) ks. myös hyönteiset, kalat
- aroseepra 238–239
- hevonen ks. myös suomenhevonen 21–22, 214, 233, 251–254, 269, 310
- hiiri 266, 276
- huuhkaja 309
- hylje ks. myös norppa 246, 267, 248, 309
- ilves 298, 311
- jänis 298, 311
- jyrsijä 214, 216, 276–277
- karhu 33, 238, 309, 311
- koira 50, 214, 244
- kvagga 34, 238–239
- laiskiainen 21
- lammas 21, 214, 249, 264, 266–268, 273, 275
- lehmä ks. myös nauta 273, 251
- lepakko 210
- majava 267
- mammutti 10, 33, 50, 238, 323
- mastodontti 33
- mursu 309
- myyrä 276
- nauta ks. myös lehmä 21, 249–251
- naali 295, 309
- norppa 21, 245–248
- peura ks. myös poro 20, 255–258, 267, 295
- poro ks. myös peura 21, 255–258
- rotta 276–277
- saukko 20
- sika 214
- simpanssi 57, 193, 206–207
- susi 21, 240–246, 309
- valas 267, 308, 311
- villasarvikuono 323
- vuohi 117, 266–268, 275, 308

- emälinja 22, 252, 254–255, 257–258, 318
elinkeinot 21, 95, 107, 238, 250, 256–257, 273,
308 ks. myös viljelijät, metsästäjä-keräili-
jät, paimentolaiset
metsästys 107, 157, 159, 223, 233, 255, 257,
295–296, 326
kalastus 107, 233, 296
karjanhoito 95, 157, 192, 241, 250, 274, 290,
296, 310
keräily 157, 223, 228, 230, 233
meripyynti 296
paimentolaisuus 223, 257–259
viljely 11–12, 16, 20, 81, 94, 105, 107, 112–113,
220–221, 223, 227–234, 296, 310, 322, 326
elinympäristö 71, 105, 206, 299
englantilaiset 80, 87, 91
epidemia 105, 113, 115, 157, 161, 178–181,
183–184, 198, 323
etiikka
eettisyys 15, 22–26, 51, 168, 176, 191, 198
eettisesti kestävä tutkimus 26, 52, 177, 264
etnisuus 13, 95, 294
evoluutio 68–70, 182, 184, 204–207, 223, 228,
252, 259, 319, 321, 324
fenotyyppi 48, 318
floresinihininen 58, 319
forensinen
ammattilainen 167
menetelmä 69
taiteilija 17
tutkimus 17, 163
fylogeneettinen puu 103, 247–248, 319
geenipankki 208–209, 211, 214, 217, 319
geenit
16S-geeni 208
18S-geeni 208
28S-geeni 208
ABCC11-geeni 152, 154, 156
ABO-geeni 156
ARNTL-geeni 159
COI-geenialue 206–208
CRY1-geeni 159
EDAR-geeni 163, 166
EPAS1-geeni 71
FOXP2-geeni 69, 282
HERC2-geeni 165
HLA-geenit 70
HLA-DRA-geeni 189
LCT-geeni 157–158
matK-geeni 208
MCR-geeni 163, 250–251
MCM6-geeni 158
OCA2-geeni 165
OR5A1-geeni 155
PER1-geeni 156, 159–160
rbcL-geeni 208
RUNX2-geeni 70
SRY-geeni 99–100
STOX1-geeni 188–189
geneettiset alttiudet 161, 187–189, 191
geneettinen monimuotoisuus 11, 21, 49, 64,
70, 88, 91, 93–94, 105, 161, 187, 234, 238–239,
242–244, 246–248, 251–252, 254, 258, 319
geneettinen sukututkimus 98, 101, 103, 116,
141–142, 206
hajuaisti ks. aistit
hammas 9–10, 19, 37–38, 40, 44, 63, 70, 107,
131, 175, 185–186, 190, 252, 266, 269–272,
276, 278, 321, 324
hammaskiille 175, 278, 321
hammaskivi 40, 44, 107, 158, 177, 185–186,
192, 264, 271–276
haploryhmät 13–14, 83, 91, 98–107, 109–117, 127–
128, 130–131, 137–141, 257–258, 320, 322, 327
hautarauha 51
hedelmällisyys 70, 99
HIrisPlex 163
hollantilaiset 88
hygienia 153, 184, 191, 193, 214
hyönteiset 204, 209–214, 226, 322
banaanikärpänen 205
kovakuoriainen 36, 213–214
puutiainen 211, 271
sammalpunkki 213
identiteetti 13, 16, 18, 95, 151–152, 294, 324
ihmisarvo 26
ilmasto 10, 58, 64, 216, 229, 231, 233, 237, 271,
287, 323
ilmastonmuutos 115, 217, 220, 234
immunoproteiinit ks. proteiinit
immuunijärjestelmä 11, 70, 181, 185, 189,
262, 269, 320
intersukupuolisuus 151
infektio ks. myös tauti, tartuntatauti 20, 175,
178, 184, 195, 270, 321
isotooppianalyysi 84, 107, 275
isälinja 14, 66–67, 83, 98–101, 103–105, 109–111,
113–116, 123, 128–129, 138–141, 319–320, 323,
326–327
jalostus
eläinten 19, 239, 250–251, 254, 322
kasvien 19, 221, 223, 228–229, 233–234, 322
joukkohaudat 19, 178–179
jäätkausi 245, 248, 255, 282–283, 323
kaksoishauta 135, 136, 155
kalat 20, 214–215
ahven 248
harjus 248
lohi 248, 309
nieriä 308
rautu 308
karjalaiset 80, 90, 115

- kasvit ks. myös viljat 8–9, 11, 15, 19–21, 26, 32–33, 38, 40, 50, 107, 184, 189, 204–205, 208–212, 216–217, 220–234, 275–277, 317–318, 320–321, 323
herne 15, 229
karhunvatukka 224–225
kikherne 229
koisot 21
koivu 189–190, 209, 216, 309
kullero 196
kumipuu 265
lehtikuusi 216
linssi 229
lituruoho 205
lääkekasvit 21, 184, 228
maapähkinä 189
mänty 216
okotilokasvit 21
omena 156
orvokki 156
paatsamat
pellava 229
putkilokasvit 204
ruusu 155
soija 275
vadelma 156, 224–225
vesikasvit 20, 210
viinirypäle 227
kaupalliset geenitestit 12–13, 15, 51, 73, 98, 101, 103, 116, 141–143, 190
kehityshäiriöt
elinten 99
hammaskiilteen 175, 320
kromosomien 122, 149 ks. myös monosomia, trisomia, aneuploidia
luuston 70, 194
keskiaika 8, 24, 85, 105, 107, 140, 160, 179–181, 190, 214, 231, 233, 250, 266, 268–269, 272, 274, 286, 303, 322
kielenmuutokset 285, 292
kielentutkimus 284, 286, 289
kielet, kieli, kielikunta
balttilainen 291, 310
englanti 8, 213, 288–290, 309
germaaninen 283, 286–287, 291–296, 299, 302, 308, 310, 326
indoeurooppalainen 112, 286, 290–292, 302, 322
itämerensuomalainen 115, 285–286, 301, 326
kantasaame 286, 291, 293–296, 298–299, 308, 311, 325
kantaskandinaavi 286, 296, 298, 308–309, 326
kantasuomi 85, 283, 285–286, 291–293, 295–296, 299, 301, 310–311, 326
karjala 286, 292, 301
liivi 286
lyydi 286
mordvalaiskielet 285, 326
muinaiseurooppalaiset 287, 289, 291, 293, 298–299, 301, 303, 309, 311, 326
ranska 290
ruotsi 286, 290, 292, 302, 308–309, 310–311
saame 283–289, 290, 293–296, 298–299, 301, 303, 308–309, 311, 325–326
samojedikielet 82, 113, 285
skandinaavinen 286, 294, 296, 298, 308–310, 326
slaavilaiset 291
suomi 8, 85, 89–90, 283, 285–289, 292–293, 295–296, 298–299, 301, 303, 308–309, 310–311, 326
suomenruotsi 302
suomensukuiset 90
tunguusikielet 113
turkkilainen 113
ukraina 290
uralilainen 90–91, 113–114, 283–286, 291–294, 325
vatja 286
vepsä 286, 301
viro 285–286
x-kieli 291, 293
kielitiede 7–8, 32, 83–85, 282–284, 294, 300, 302, 304, 308
kipuherkkyys 73
kivikausi 11, 16, 23–24, 38, 40, 78, 104–105, 107, 113, 115, 134, 142, 157–158, 186, 197, 229–230, 234, 269, 282, 289–291, 302, 320, 322
kognitiiviset kyvyt / valmiudet 69–70, 159, 194, 320
kolonialismi, kolonialistiset käytännöt 24–25, 283, 301
kontaktit 83–85, 114, 193, 275, 278, 283, 285–287, 292–293, 296, 302
kontaminaatio 36, 41–49, 212, 263–265, 271, 274, 320, 322
korvavaha 18, 152–155
kotieläimet 216 ks. myös eläimet
kromosomaaliset oireyhtymät ks. oireyhtymä
kromosomihäiriö 122 ks. myös aneuploidia, monosomia, trisomia ja oireyhtymä
kulttuuri
Botain kulttuuri 22
jamnajakulttuuri 81, 86
kampakeraaminen kulttuuri 80–82, 283, 290, 319
Kiukaisten kulttuuri 267
Maikopin kulttuuri 275
nuorakeraaminen kulttuuri 81–83, 86–87, 133, 180, 267, 290, 302, 322
kulttuuriperintö 51–52
käytävähauta 133, 180, 320 ks. myös mega-liitti

- lajinmääritys, lajintunnistus 50, 191, 206–210, 212, 266–267
- laktoosinsietokyky 95, 152, 157–159, 274
- lepra ks. taudit
- leprahospitaali 183, 270
- loiset 19, 50, 187, 191–193, 210, 214–215, 270
- Giardia 192
- heisimato 192
- kihomato 192
- kokkidit 192
- lapamato 192, 214–215
- malarialoinen, malariaplasmodi 187, 192
- piiskamato 192, 214, 216
- päättäi 193–194
- satiainen 193
- sukkulamadot 192, 216
- suolinkainen 214
- Toxoplasma gondii* 192
- trikinella 192
- täi ks. päättäi, vaatetäi
- vaatetäi 19, 193
- luonnonvalinta 49, 64, 69–71, 115, 157–158, 187, 204, 206, 234, 318, 320
- luostari 160, 181, 272
- maanviljely ks. elinkeinot
- maaperä-DNA 58, 178, 208, 210, 213, 215, 321–322 ks myös sedimentti-DNA
- maatiaisikanta 221, 223, 320
- maatiaisikasvi 221, 223, 320–321
- maatiaislajike 221, 223, 230, 233, 321
- maatiaisrotu 249–251, 321
- makrofossiili 212, 216, 224, 226, 231
- makuaisti ks. aistit
- malaria
- markkeri 98, 102–103, 148, 163, 204, 208, 211, 238, 243–244, 249, 258, 321, 235
- megaliitti 132, 134, 320 ks. myös käytävähauta
- metagenomiikka 20, 50, 185, 321
- metsästäjä–keräilijät 78–83, 86–87, 93, 104–105, 107, 229
- metästys ks. elinkeinot
- mielenterveysongelmat 176
- migraatio 11
- mikrobit 33, 38, 51, 165, 185, 191, 321, 324
- mikrobiomi 185–187, 214, 321
- mitokondrio 45, 47, 99, 123, 205–6, 208, 321, 323
- mitokondrio-DNA 13, 33, 47–48, 50, 60, 66, 84, 91, 93, 98–99, 114–115, 117, 123–125, 128, 138–139, 142, 207–209, 214, 216, 238, 243, 247, 258, 319, 321, 324
- mitokondriohaploryhmä 13, 98, 100–106, 127, 130–131, 137, 139, 243, 319, 321 ks. myös äitilinja
- molekyyligenetiikka 34, 179, 321, 323
- monikielisyys 283, 289, 302–303
- monosomia 322
- morfologia 60, 63, 66, 131–132, 206, 224, 257, 303, 322
- museokokoelmat 40, 198, 220–222, 227, 230, 237–239, 242–244, 246–247, 252, 254, 267
- museonäyttely 8, 27, 167–168, 177
- musta surma 180–181, 322
- mutaatiot 10, 22, 61, 64, 68, 70, 99–102, 117, 128, 138, 157, 188, 196, 206–208, 248, 318, 320, 322, 325–326
- muumioitunut kudos 177
- muumiot 186–187, 264, 269, 278
- neandertalinihminen 17–18, 33, 49, 57–73, 155, 318, 323
- nganasanit 82
- nisäkkäät ks. myös eläimet 149, 246, 273, 320, 327
- niveljalkaiset 208
- nomenklatuura 103, 323
- nykyihminen 11, 23, 57–73, 155, 192, 323
- nälänhätä 157, 174–175, 189
- näytteenotto 26, 38, 41–44, 226, 264, 266
- oireyhtymä 99, 149, 152, 196–197, 323
- Downin 149, 196–197
- Edwardsin 197
- Klinefelterin 149, 152
- Pätaun 197
- Swyerin 99
- Turnerin 323
- osteologia 266–267, 269, 271, 324
- osteologinen paradoksi 176
- paimentolaiset 82, 158, 229
- paimentolaisuus 223, 257–259
- paleontologia 32, 57, 324
- patogeeni 177–178, 184–187, 211, 324 ks. myös taudinaiheuttaja, bakteeri, virus
- pergamentti 40, 44
- perinnölliset
- sairaudet 117, 198
- tekijät 177, 195
- perustajavaikutus 161
- populaation koko 98, 237, 247, 249, 252–254
- populaatiopullonkaula 104–105, 115, 242–246, 319, 324–325 ks. myös väestöromahdus
- populaarisointi 52, 166, 168
- poronhoito, poropaimentolaisuus 25, 255, 257–259
- pronssikausi 11, 22, 24, 83, 110, 112–115, 132–133, 149, 157, 180, 197, 273, 275, 291–292, 302
- proteiinit
- proteiinien säilyminen ks. säilyminen
- aktiini 274
- amelogeeniini 278
- ei-kollageeniset proteiinit (NCP) 269
- eläinproteiinit 275

- ferritiini 262
hemoglobiini 262, 267, 274
hypoteettiset proteiinit 263
immunoglobuliini 270
immunoproteiinit 269–270, 320
kasviproteiinit 275
keratiini 262, 264, 274
kollageeni 262, 265–266, 269, 274, 276
munaproteiinit 274
myosiini 274
OBP (tuoksuja sitova proteiini) 276
sytokiinit 270
titiini 262
proteomiikka 263–278
puhekyky 68, 282
purupihka 40, 78, 186, 289
puutostaudit ks. tauti
Pähkinäsaaren rauhan raha 92–93
rautakausi 8, 23, 40, 83–85, 87, 105, 107, 110, 113, 115, 142, 149, 153, 160, 165, 189, 192, 194, 197, 217, 232, 250, 268, 271, 278, 282–283, 286, 289, 291–295, 297–303, 324, 326
ravintoaineiden puutos ks. puutostaudit
rekombinaatio 122–123, 125, 127–128, 320, 325–326
ressessiivinen periytyminen 15, 162, 187, 324–325
rotu 16, 22, 209, 249–251, 254, 259
ruoka 78, 160, 184, 192–193, 231, 273
ruokavalio 27, 107, 157–158, 185, 210, 226, 232–234, 275, 278
ruotsalaiset 90–91
saamelaiset 12–13, 24–25, 80, 84, 87–89, 104, 107, 166, 256–259, 283–284, 288–289, 294
sairaus 8, 19, 71, 117, 154, 160, 174–181, 184, 186–187, 189–191, 195, 198, 205, 269–270, 272–273, 317–318, 321–322, 325, 327 ks. myös infektio, tauti, tartuntatauti
Alzheimerin tauti 186, 188, 272
autoimmuunisairaus 195, 270
diabetes 186, 195, 272–273
hammassairaudet, hammasterveys 184, 190, 272
hyperemeesi 188
Leberin perinnöllinen neuropatia (LHON) 117
raskausmyrkytykset 188
rasvamaksa 272
reuma 186, 195, 272
sairauden ja taudin ero 174
sepelvaltimotauti 189–190
sirppisoluanemia 187
sydänsairaus 160, 186, 189, 197, 272–273
systeemiset sairaudet 272–273, 327
psoriasis 181
saksalaiset 91
savolaiset 94, 115
satunnaisajautuminen 88–89, 94, 319, 325
sedimentti-DNA (sedaDNA) 33, 40, 210, 212–213, 216, 248, 325 ks. myös maaperä-DNA
Seima-Turbino-ilmiö 114
seita, seitapaikat 255–258
sekvensointi 36–37, 41, 44–46, 101, 103, 209, 211, 323, 326
siperialaistyyppinen perimä 83, 86–89, 114
sisarlaji 46, 58, 61, 63, 68, 326
sisäsiitos 10, 64 ks myös sukusiitos
sota 19, 283
sukulaiskansat 121
sukulaisuus 8, 12, 14–15, 32, 46, 49–50, 52, 90–91, 93, 98, 108, 115, 121–143, 161–162, 223, 229, 244, 248, 301–302, 309
sukulaisuusjärjestelmä 115 ks myös asumismuoto
sukupuoli 147–149, 151–152, 156, 278
sukupuutto 9–11, 34, 45, 49, 57–58, 65, 68, 73, 214, 220, 238–239, 242, 245–246, 248, 317
sukusiitos 245, 326 ks. myös sisäsiitos
suomalaiset 12–13, 24, 80, 83, 85–95, 99, 104, 107, 109, 157–158, 181, 183, 189–190, 215, 227, 283–284
suomalaisuus 94–95, 283
suoruumis 34–35, 267, 326
säilyminen
 arkeologisten jäännösten 276, 289, 327
 DNA:n 9–10, 23, 33–36, 37, 40, 51, 57–58, 61, 65–66, 135, 156, 168, 184, 195, 212, 226, 230, 267
 fossiilien 64
 hammaskiven 185
 hiusten 164–165, 192
 kielten 288
 loisten 193
 luiden 34, 37, 77, 197
 orgaanisten aineiden 34, 38, 277
 proteiinien 23, 264, 267, 273–275, 278
tafonomia 164, 276–277, 327
tarhakalmisto 83, 115, 296–297, 300–301
tartuntatauti 19, 175, 179–184, 198 ks. myös infektio, tauti, sairaus
taudinaiheuttaja 9, 19–20, 32, 45, 70–72, 175, 177–185, 211, 264, 269–271 ks. myös patogeeni, bakteeri, virus
tauti 18, 71, 85, 161, 174–184, 195, 198, 214, 270
 ampumahautakuume 19
 COVID-19-tauti 71–72, 178
 hengitystieinfektiot 178–179
 ihotauti 181
 influenssa 178–179
 isorokko 178–179, 184
 kolera 161
 Krimin-Kongon verenvuotokuume 271
 kuppa ks. myös syfilis 183

- lavantauti 179–180
lepra 176–177, 183, 270
malaria 175, 187, 192, 278
parvorokko 184
pilkkukuume 19, 179
puutostaudit 175, 189, 195
ripuli 157, 179, 183, 187–188, 192
rutto 51, 115, 175, 178–181
seksitaudit 176
spitaali ks. lepra 181
syfilis ks. myös kuppa 176–177, 183
tuberkuloosi 178, 270
tuhkarokko 179
vaapukkasyylätauti 181
terveys, terveydentila 18, 51, 157, 174–177, 184–187, 190–193, 195, 198
tietokannat 13, 46, 103, 209, 265–266, 276–277
trisomia 122, 149, 151, 196–197
tulehdus 185–186, 195, 270–272
tunnuksikielet 113
turkkilainen kielikunta 113
uhanalaiset lajit 210, 220, 239, 246, 259, 312
ulkonäkö 16, 18, 69, 116, 149, 163, 166–167, 228
uni-valverytmi 71, 156, 159–160
unkarilaiset 80, 90, 113, 270
vaikku ks. korvavaha
vammainen 19, 149, 174, 194, 196
vastuullisuus, vastuullinen tutkimus 26
veriryhmä 18, 49, 156, 161–162
viherhiukkanen 205, 208
viikingit 15, 85, 113
viikinkiaika 15, 85, 153, 159, 166, 184, 250, 267, 274
viivakoodigeenit 208
viljat 229, 231, 233–234
 hirssi 226
 kaura 233, 226
 maissi 227
 ohra 222, 227, 230–231
 riisi 227
 ruis 231, 233
 vehnä 227–229, 231–233
viljelijät 11, 81, 105, 223
viljely 220–223, 227–234
virus 51, 72, 178, 271
 Epstein-Barrin virus (EBV) 186
 H1N1 178
 hepatiitti B -virus 51
 herpesvirus 186
 influenssavirus 178–179
 koronavirus 72, 178
 parvovirus 184
 SARS-CoV-2 178
 variola 178, 184
 vuorokausirytmii 18, 160
 väestö 161, 163, 187, 215, 250, 283–284, 288, 290–303
 aasialaiset 61, 64, 80, 157–158
 afrikkalaiset 39, 61, 67, 157
 afroamerikkalaiset 25
 eteläamerikkalaiset 157
 auraasialaiset 65, 70, 90
 eurooppalaiset 12, 80, 86–88, 90–91, 157, 180, 296, 299, 301
 muinaisväestöt 15, 66, 81–82, 104–105, 111, 114–115, 130, 250, 290–294, 299, 301–302
 naapuriväestöt 88, 91
 nykyväestöt 11, 13, 61, 71, 64, 77, 80, 85–87, 90, 113–114, 163, 303
 pohjoisamerikkalaiset 24, 91, 189
 Oseanian 64
 suomensukuisia kieliä puhuvat 80
 valtaväestö 24–26, 301
 väestöhistoria 13, 50, 77–78, 85, 94–95, 98
 väestökato ks. myös väestöromahdus 180
 väestökoko 65, 89, 101, 105, 111, 115
 väestöliikkeet 11, 23–24, 27, 32, 49, 64, 85, 87, 93–94, 111–113, 161, 283, 292, 300
 väestönkasvu 94
 väestörakenne 91
 väestöromahdus, väestön pieneneminen ks. myös populaation koko, populaatiopullonkaula ja väestökato 51, 105, 115, 161
 väestönvaihto 12
väkivalta 105, 113, 175, 289
väärinkäyttö 51–52, 191
X-kromosomi 45, 50, 70, 122, 124–125, 151
yhteiskuntarakente 296
yhteisöt 14, 20–21, 23, 25, 27, 35, 50, 64, 105, 107, 113, 117, 121, 132, 135–136, 143, 148–149, 151–152, 154, 158–160, 174, 176–177, 179, 181, 184, 194, 197–198, 210, 212–214, 216–217, 229, 242, 257, 259, 278, 288–289, 302, 303
Y-kromosomi 13, 14, 45, 47, 50, 83, 91, 93, 98–103, 109–111, 113–114, 116–117, 123–124, 127–129, 137–138, 140, 142, 152, 249
ympäristö-DNA (eDNA) 33, 46, 213
ympäristöhistoria 20
ympäristötutkimus 8, 19–21, 36, 46, 50–51, 105, 160, 187, 189, 204, 213, 216–217, 223–224
ympäristötekijät 12, 18, 190, 226, 228, 278
ZooMS 265–269
äitilinja 13, 47, 60, 84, 98–100, 104–109, 116–117, 128–129, 137–139, 142, 244, eläimistä ks. emälinja
äänneympäristö 285
ääntenmuutos 285–286, 293

Paikkahakemisto

- Aasia 11 22, 57–59, 61, 64, 71, 80–81, 99,
109–110, 141, 152–153, 157–158, 181, 275
Afrikka 39, 57–58, 61, 64, 67–68, 70, 107, 157,
192, 238–239
Alpit 12, 140, 216
Altai 61, 64, 66
Amerikka 11, 24–25, 91, 152, 157, 161, 183,
189, 247
Anatolia 81
Ateena 179–180
Atlantti 39, 267
Bad Dürrenberg 136
Baishiya Karst 63
Baltia 78–90, 104, 107, 109, 113–115, 132,
295–296, 310–311
Batšo Kiro 66
Britannia 91, 113
Brittein saaret 113
Bulgaria 66, 80, 197
Dalheim 272
Denisovan luola 61–63, 66
Eestiluoto 156, 167
Englanti 41, 80, 87, 137, 153, 181–182, 213
Egypti 128–129, 179, 192–193, 269, 278
Enontekiö 256
Enontekiö Näkkälä 256
Espanja 66, 80, 197, 269 ks. myös Iberian
niemimaa
Espoo 227, 231
Espoo Mankby 227, 231
Etelä-Afrikka 238
Etelä-Savo 94
Eura 108–109, 111, 134–135, 150, 156, 158, 166,
192
Euraasia 58, 61, 65, 70, 81, 90, 109–110, 114,
180, 273
Eura Luistari 108–109, 111, 134–135, 150, 156,
158, 166, 192
Eurooppa 109, 112–113, 152, 157, 183, 234, 243,
271, 273, 286
Fennoskandia 248, 255, 257–258, 284, 294
Floresin saari 58
Frälsegården 180
Gangesin suisto 161
Ganj Dareh 117
Grönlanti 267
Halikko 194
Halikko Rikalanmäki 194
Hamina 106, 108–109
Hamina Rykmentinkenttä 106, 108–109
Haraldskaer 267
Harjavalta 287, 292
Hattula 108, 150–151, 156, 158–159, 166, 227
Hattula Retulansaari 227
Hattula Ruskeenkärki 108, 156, 158–159, 166
Hattula Suontaka 150, 156
Hauho 287, 292
Hedeby 267
Helsinki 197, 230
Helsinki Senaatintori 197
Helsingin yliopisto 230, 245
Heuneburg 271
Hiitola 104–105, 107–109, 150, 156, 158, 166
Hinds Cave 21
Hinninmäki 297
Hollola 105, 107–109, 164–165, 295
Hollola Kirkkailanmäki 105, 107–109,
164–165
Huippuvuoret 247
Häme 295, 301
Häähkäniemi 300
Iberian niemimaa 133 ks. myös Espanja
Inari 256, 258
Inari Koskikaltiojoen suu 258
Indonesia 58
Irak 275
Iran 117
Irlanti 132–133, 197
Iso-Kukkamo 287, 295
Isokyrö 108–109, 300
Isokyrö Levänluhta 108–109, 300
Itämeri 83–84, 90, 94, 245, 247–249, 291, 301
Itä-Suomi 93–94, 109–110, 255
Itä-Suomen yliopisto 245
Jakutia 114
Kaarina 82, 165, 231
Kaarina Kirkkomäki, 231
Kaarina Ravattulan Ristimäki 165
Kainuu 255, 300
Kalifornia 238
Kalmistomäki 104–105, 107–109, 150, 156,
158, 166
Kammarlahti 40
Kansakoulunmäki 108–109, 134–135, 156
Karjaa 296, 300
Karjaa Kroggårdsmalmen 296, 300
Karjala 78, 80, 90, 109, 115, 255, 286, 300–301
Karjalankannas 301

- Kauhava 267
Kauhava Perttulanmäki 267
Kaukasus 129
Kerameikos 179
Keski-Suomi 117, 300
Kiina 113
Kinnula 300
Kinnula Häähkäniemi 300
Kirkkailanmäki 105, 107–109, 165
Kirkkomäki 231
Kitka ks. myös Kuusamo Lehtoniemi 166
Kittilä 256
Kittilä Taatsi 256
Konnevesi 287
Kontankallio 287, 295
Korsika 140
Korvala 300
Koskikaltiojoen suu 256, 258
Kotka 40, 225–226
Kotka Ruotsinsalmi 225–226
Krasnojarsk 83
Kreikka 180, 192–193, 197, 229
Kroatia 60, 80
Kroggårdsmalmen 297, 300
Kukainen 287
Kunila 180
Kuolan niemimaa 78, 82–83, 106, 110, 255–256
Kuusamo 109, 111, 156, 166
Kuusamo (Kitka) Lehtoniemi 109, 111, 156, 166
Kymi 287, 292
Käldamäki 109
Laatokka 245–247, 293, 301
Latvia 80, 214, 295
Lehtoniemi 109, 111, 156, 166
Leicester 137
Levänluhta 84, 108–109, 300
Libya, 179
Lounais-Suomi 105, 110, 115, 301
Loviisa 40
Luistari 108–109, 111, 134–135, 150, 156, 158, 166, 192
Lähi-Itä 17, 58, 104, 214, 249
Länsi-Suomi 91, 93, 109–110
Maikonsärkkä 114
Manamansalo 165
Mankby 227, 231
Meksiko 51
Melanesia 64
Mikkeli 104, 108–109, 153, 231, 256
Mikkeli Tuukkala 104, 108–109, 153, 231
Mikkeli Valkola 256
Moitusmaa 287, 295
Mongolia 113, 141, 273
Mulli 227
Mustameri 22, 275
Mälärin alue 267
Mogelmosen 267
Naantali 181
Neandertalin laakso 58
Newgrange 133
Niuskala 229
Norja 80–81, 89, 180, 184, 209, 216, 255
Novgorod 140
Näkkälä 256
Ohtaansalmi 293
Olenij Ostrov 268
Oseania 64
Oulun yliopisto 242, 245, 252, 255, 258
Outokumpu 293
Outokumpu Ohtaansalmi 293
Paimio 231–233
Paimio Spurila 231–233
Pedersöre 267
Pestera cu Oase 65
Pirkkala 227, 274
Pirkkala Tursiannotko 227, 274
Pohjanlahti 84
Pohjanmaa 84
Porvoo 108–109, 181, 183, 227
Porvoon tuomiokirkko 183
Puola 99, 104, 133
Pyhäjärvi 293
Pyhäjärvi Vuohtolahti 293
Pälkäne 8–9, 106, 108–109, 111, 135, 150, 155–156, 158, 165–167, 175, 183, 186, 188, 190–191, 194–195, 198, 297, 315
Pälkäneen Rauniokirkko 108–109, 111, 150, 156
Pälkäne Ristiänmäki 108–109, 111, 156
Pälkäne Värilä Hinninmäki 297
Raahe 93
Raisio 108–109, 111, 134, 156, 227
Raisio Kansakoulunmäki 108–109, 111, 134, 156, 227
Raisio Mulli 227
Ranska 19, 80, 181,
Rauniokirkko 108–109, 111, 150, 156
Ravattulan Ristimäki 165
Rengon kirkko 108–109
Retulansaari 227
Riihivainio 229
Rikalanmäki 194
Ristimäki 165
Ristiänmäki 106, 108–109, 111, 135, 156, 166
Rio de Janeiro 259
Romania 65, 79, 80
Rooma 153–154
Ruotsi 78, 81–82, 85, 94, 104, 113–114, 180, 182–184, 225–226, 230, 233–234, 267, 301–302

- Ruotsinsalmi, Ruotsinsalmen merilinnoitus 225–226
- Ruskeenkärki 108–109, 156
- Rykmentinkenttä 106, 108–109
- Saksa 41, 58, 91, 133, 136, 181, 209, 229, 238, 271–272
- Salla 244
- Salo 194
- Salo Halikko Rikalanmäki 194
- Samara 78
- Sardinia 140
- Sastamala 268, 295
- Sastamala Ristimäki 268
- Sauvo 300
- Sauno Korvala 300
- Savitaipale 40
- Seili 183, 271–272, 276–277
- Sieiddakeädgí 256
- Sierra Leone 39
- Silkeborg 35
- Sigtuna 85, 182
- Silkeborg 35
- Sima de los Huesos 66–67
- Siperia 9, 33, 58, 61, 66, 82–83, 86–95, 113–114, 257
- Sipoo 156, 167
- Sipoo Eestiluoto 156, 167
- Skandinavia 41, 78, 81, 83, 109, 111, 113, 153, 234, 242, 255, 267, 294, 296, 301
- Skara 181
- Sope 180
- Spurila 231–233
- Suomi 6, 8, 12–13, 18, 23–27, 34, 40, 77–97, 99, 102, 104–120, 135, 153–158, 160–162, 166, 179–186, 189–190, 204, 208–209, 212, 215, 220–221, 227, 229–236, 240–261, 264, 267–268, 282–307
- Suomussalmi 114
- Suomussalmi Maikonsärkkä 114
- Suontaka 150, 156
- Taatsi 256
- Taimyrin niemimaa 82
- Taipalsaari 40
- Taiwan 59
- Tampere 9–10, 24, 106, 108–109, 111, 135, 153, 155–156, 159, 188, 194
- Tampere Vilusenharju 9–10, 24, 104, 108–109, 111, 135, 153, 155–156, 160, 188, 194, 315
- Tanska 35, 78, 81, 113, 180–182, 184, 186, 211, 267
- Texas 21
- Tirolí 140
- Tollund 35
- Toppolanmäki 108–109, 111, 150, 156
- Turku 108–109, 139, 160, 182, 220–222, 230–231, 268–269
- Turku Kaarina Kirkkomäki 231
- Turku Niuskala 229
- Turku Pyhän hengen kappeli 108–109
- Turku Riihivainio 229
- Turun tuomiokirkko 139, 160, 182
- Turun yliopisto 222, 230
- Tursiannotko 227, 274
- Tuukkala 104, 108–109, 153, 231
- Ukraina 79, 113, 290
- Utsjoki 244
- Utsjoki Sieiddakeädgí 244
- Vaala 165
- Vaala Manamansalo 165
- Valkeakoski 24, 40, 42, 108, 111, 150, 154, 156, 158, 189
- Valkeakoski Kokkomäki 111
- Valkeakoski Toppolanmäki 24, 40, 42, 108, 111, 150, 154, 156, 158, 189
- Valkola 256
- Venäjä 19, 78, 82, 104, 114, 242–243, 255, 257
- Vienanmeri 247
- Viipuri 93
- Vilusenharju 9–10, 24, 106–107, 111, 135, 153, 155–156, 160, 188, 194
- Vindijan luola 60
- Viro 80, 83–87, 90, 104, 109, 113, 115, 132, 180, 243, 285, 295–297, 301
- Virolahti 40
- Volga 78, 89, 250, 258, 283
- Volgan mutka 78, 89, 283
- Vuohtolahti 293
- Värilä Hinninmäki 297
- Vöyri 109
- Vöyri Kälдамäki 109
- Ääninen 293

Henkilöhakemisto

- Adlercreutz, Carl Henrik 14
Beethoven, Ludvig van 147
Bläuer, Auli 268
Brontë, Charlotte 188
Coop, Graham 127
da Vinci, Leonardo 17
Hebert, Paul 207
Hemmann, Karin 251
Hendy, Jessica 266
Henrik, piispa, pyhä 139, 160
Herodotos 193
Istuva Härkä 138
Jeesus 17
Järnefelt, Eero 250
Kirkinen, Tuija 251
Kivi, Aleksis 14, 240
Kolumbus 183
Kvist, Laura 252
LaPointe, Ernie 138
Leeuwenhoek, Antoni van 185
Magnus, Olaus 256
Mannermaa, Kristiina 268
Mozart, Wolfgang Amadeus 139
Naeve, Richard 17
Napoleon 19
Niemi, Marianna 249
Palo, Jukka 246
Porthan, Henrik Gabriel 283
Pulliainen, Erkki 242
Rahkonen, Pauli 293
Rikhard III 138
Rurik 140–141
Stenvall, Erik 14
Tardieu, A. 182
Tatanka Iyotake 138–139
Thukydides 179–180
Tikkanen, Jouni 242
Tšingis-kaani 141
Tutankhamon 128–129
Valtonen, Mia 246
Warinner, Christina 272
Wilson, Alan 238
Ötzi 140, 143, 187