

Artikkeli Domus Nostrassa 2020

Pertti Laiho

Geenitutkimuksella Olof Jönsson Snellmanin jäljille

Snellmanien Sukuyhdistys on ollut edelläkävijöiden joukossa sovellettaessa geenitutkimusta sukututkimuksessa. Jo vuonna 2005 Henrik Snellmanin aloitteesta ryhdyttiin selvittämään, olisiko mahdollista hyödyntää geenitutkimusta Snellman-suvun alkuperän selvittämisessä. Mistä suvun kantaisä Olof Jönsson Snellman on kotoisin? Ajatus johti yhteistyöhön Helsingin Yliopiston Hjelt-instituutin ja professori Antti Sajantilan kanssa. Tässä yhteydessä otettiin kahdeltatoista, eri sukuhaaroja edustavilta henkilöiltä Y-DNA (8) geeninäytteet, joiden perusteella voitiin vetää johtopäätös, että testatut kuuluivat keskenään samaan ryhmään, joka on Suomessa hyvin harvinainen. Domus Nostrassa toukokuussa 2006 julkaistiin Sajantilan työryhmän artikkeli: Geenit kertovat – J.V. Snellmanin suvun jäljillä. Se antaa hyvän selvityksen geenitutkimuksen perusteista, joita käsiteltiin myös Kuopion Sukukokouksessa allekirjoittaneen esitelmässä. Samassa lehdessä oli myös laaja selostus sukututkimusmatkasta Keski-Eurooppaan.

Geneettisen sukututkimuksen perusteet:

Soluissamme on 23 paria kromosomeja, joista 22 paria on autosomaalisia kromosomeja ja lisäksi sukukromosomit X ja Y. Lisäksi solut sisältävät sisäisiä organelleja, mitokondrioita, jotka kromosomien tavoin sisältävät DNA:ta.

Rihmamainen DNA muodostuu neljästä eri emäksestä (adeniini (A), sytosiini (C), tymiini (T), ja guaniini (G)) muodostuneista emäspareista. NykYTEKNIKALLA pystytään emäsparit lukemaan ja muuttamaan biologinen koodisto kirjainkoodiksi, jota pystytään käsittelemään tietokoneilla.

Genettisessä sukututkimuksessa testatun henkilön DNA:ta verrataan muiden testattujen henkilöiden DNA:han. Yksinkertaistettuna voi sanoa että, mitä enemmän kahdella tutkitulla on yhteistä DNA:ta sitä läheisempiä sukulaisia he ovat.

Koska vain miehellä on sekä X-, että Y-kromosomi, perii poika aina Y-kromosominsa isältään. Teoreettisesti Y-kromosomi periytyy isälinjassa lähes muuttumattomana. Vuosien varrella ajan kuluessa tapahtuu kuitenkin DNA:ssa mutaatioita eli kopioitumisvirheitä. Jokin emäs DNA:n emäsparissa muuttuu toiseksi, tätä kutsutaan pistemutaatioksi SNP. Joskus Y-DNA:n tietyissä kohdissa esiintyvissä 2-5 emäksen pituisissa jaksoissa, jotka toistuvat samanlaisina 5-50 kertaa, tulee muutos toistumiskertojen lukumäärään. Näitä kutsutaan STR-mutaatioiksi.

Osa mutaatioista periytyvät seuraaville sukupolvelle ja muodostavat näin eräänlaisia sukuhaaran korvamerkkejä.

Nykyihmisten kromosomien testaustuloksia ja arkeologisten löydösten DNA:ta vertailemalla voidaan arvioida geneettisiä mutaatioita, niiden syntymäaikoja ja ihmisten kulkureittejä maailmalla aina ihmiskunnan syntysijoille asti.

Vastaavasti tyttö perii mitokondriansa (mtDNA) aina äidiltään. Mitokondrioissa tapahtuu myös mutaatioita, jotka muodostavat vastaavanlaisia korvamerkkejä.

Ihmisyhmän yksilöitä, joita luonnehtivat samat mutaatiot, kutsutaan haploryhmäksi. Heillä on siis ollut jossakin historian vaiheessa yhteinen esi-isä tai esiäiti. Ihmiskunta jakaantuu kahteenkymmeneen Y-DNA päähaploryhmään, jotka jakaantuvat alahaploryhmiin. Haploryhmistä voidaan koota haplopuu, joka muodostuu kun mutaation jälkeen sille vahvistetaan nimi ja piirretään puuhun uusi haara.

Äitilinjoissa muodostuu vastaavasti mtDNA-haploryhmiä ja haplopuu.

Edellä esitettyjen periaatteiden pohjalta on kehitetty geneettisen tutkimuksen kolme perustestiä:

Etäserkkutesti (FamilyFinder, FF), jossa autosomaalikromosomeista etsitään yhteistä perimää.

Isälinjan testi (Y-DNA), jossa tutkitaan Y-kromosomin DNA-kierteen tiettyjen kohtien (Markkereiden) sisältöä, erityisesti mutaatioita.

Äitilinjan testi (mtDNA), jossa tutkitaan vain mitokondrion DNA:ta.

Testeitä on tullut viime aikoina hyvin suosittuja kuluttajille tarjottujen testausten myötä. Syinä ovat geeniteknologioiden huima kehitys, tietokoneiden laskentatehon nousu, some-yhteistyö, muinais-DNA-tutkimukset ja edellisistä johtuva hintojen halpeneminen.

Snellmanien Sukuyhdistyksen hallitus päätyi jatkamaan geneettistä sukututkimusta kehittyneempien menetelmien avulla. Aikaisemmin testattujen henkilöiden joukosta Henrik Snellman oli valmis uusiin testauksiin. Hän on suorassa isälinjassa Olof Jönsson Snellmanin jälkeläinen. Hänelle päätettiin tilata vuoden 2019 alussa isälinjatestien täydellisin versio BigY-testi ja lisäksi etäserkkutesti.

Ensimmäiset testitulokset tulivat keväällä 2019. Etäserkkutesti antoi Henrikille 8090 osumaa, joista 2.-3.-serkkuja oli 39 ja 2.-4.-serkkuja 250. Kevääseen 2020 mennessä osumia oli jo 9415 ja 2.-3.-serkkujen määrä oli 299. Kasvu kertoo testien suosion kasvusta. Näiden etäserkkujen joukosta on osa saatu liitettyä yhdistyksen sukutietokantaan ja sitä kautta täydennykseksi sukukirjaan.

Isälinjatestin tulokset tulivat ensin 111 markkerin mukaisina. Ero vuoden 2005 kahdeksan markkerin testiin oli merkittävä. Tulokset ilmaisevat Snellmanien kuuluvan päähaploryhmään R1a ja läheisimpien osumien sijaitsevan skandinavian alueella. Kesällä 2019 saimme tarkennetut BigY 700-tulokset, jotka tarkensivat vielä haploryhmämäärittelyä. Oheisista kuvista ilmenee tärkeimpien osumien sijainti kartalla ja snellmanilaisten esi-isien mutaatioiden määrittelemä reitti Afrikasta keskiseen Ruotsiin. Osumien joukossa on myös muutama oma-aloitteisesti testin tehnyt henkilö, joiden tuloksia voimme hyödyntää tutkimuksessamme.

Tutkimus jatkuu uusien testitulosten odottamisella, yhteydenpidolla ruotsalaisiin osumiimme ja ruotsalaisten kirkonkirjojen tutkimuksilla. Toivottavasti löydämme ratkaisun sille, miten Olof Jönsson Snellman tuli Vaasaan vuonna 1652.

