

Sukulaisuutta setvimässä

Hannu Korhonen, Orimattila

Versio2 11.4.2018

Ihminen tuntee useimmiten lähimmät sukulaisensa: isoisä, tyttärentytär, serkku. Mutta mitä oikeastaan on sukulaisuus? Yhteinen sukunimi? Yhteinen perimä? Kasvaminen samassa perheessä? Onko sukulaisuus tunteen vai tiedon asia? Mitä perimä kertoo sukulaisuudesta?

Otetaanpa esimerkiksi Kasse ja Lumi Korhonen. Sukuselvitysten mukaan he ovat sukulaisia, molemmat viidettätoista sukupolvea Rautalammin Korhosten kantaisästä Tuomas Pekanpoika Korhosesta lukien. Kasse on nelikymppinen toimitusjohtaja Laukaasta ja Lumi viisivuotias esikoululainen Kaliforniasta. Heidän yhteinen esi-isänsä on noin 1570 syntynyt Paavo Lemetinpoika Korhonen (sukukirjan taulu 3). Sukupolvissa laskettuna etäisyys on 12 sukupolvea ja ajassa 400–440 vuotta. Keskimääräinen sukupolven pituus on tästä laskien noin 33–36 vuotta, siis vähän enemmän kuin laajaan aineistoon perustuva keskimääräinen 31 vuotta.

Pieni osa perimästä säilyy likimain muuttumattomana sukupolvesta toiseen. Sen avulla voidaan isälinjaa eli isää, isänisää, isänisänisää ja niin edelleen seurata tuhansien, jopa kymmenien tuhansien vuosien taakse; samoin äitilinjan perimää eli äitiä, äidinäitiä jne. Suurin osa yhteisestä perimästä ohenee kuitenkin sukupolvien ja vuosisatojen kuluessa, kun aina uusien sukupolvien mukana tulee uutta perimäainesta sekä isänäidin että äidin puolelta. Keskimäärin yhteinen perimä, isä- ja äitilinjoja luonnehtivan perimän osuutta siis lukuunottamatta, puolittuu tällä tavalla aina sukupolvessa. Näin ollen kahdentoista sukupolven jälkeen muusta kuin isä- ja äitilinjoja luonnehtivasta sukulaisuudesta olisi jäljellä vain $0,5^{12} \approx 0,00024 \approx 0,2$ promillea. Sattumasta riippuva vaihtelu on kuitenkin suurta ja yhteistä perimää voi tulla myös äidinpuoleisista sukulinjoista.

Otetaan mukaan Matilda ja Hemmi Hassinen sekä Reijo Korhonen. Hemmi on Lumin kolmas serkku. Heillä on yhteinen esi-isä, Lumin isänisänäidinissä ja Hemmin äidinäidinäidinissä, siltavahti Jussi Korhonen s. 1874. Siis selvästi sukulaisia erilaisesta sukunimestä huolimatta. Matilda taas on Hemmin sisko, mutta adoptoitu kaukomailta. Heillä ei ole yhteistä perimää kuin hyvin kaukana menneisyydessä, mutta Suomen lain mukaan he ovat tasavertaisia sisaruksia esimerkiksi perintökaarella.

Onko myös Matilda siis Lumin sukulainen samoin kuin Hemmikin? Ainakin lähisuvun mielestä on, sillä näin sanottiin asiaa tiedustellessani: "sukulaisia mitä sukulaisia, kaikki yhtä lailla geeneistä piittaamatta" ja "ei tuo adoption kautta syntyvä sukulaisuus ole sen enempää ajatuksia herättävä kuin sukulaisuus, ystävyys muutenkaan".

Reijo on puolestaan aivan satunnainen Korhonen, Kaskisissa asuva kuusikymppinen merimies. Onko hän Lumin sukulainen, koska hänellä on sama sukunimi? Perinteinen kirkon- ja henkikirjoihin nojaava sukututkimus saattaisi vastata tähän, mutta todennäköisesti ei, sillä Korhosia on paljon ja sukunimikin on niin vanha, että sen alkuhistoria ulottuu kirjallisten lähteiden takaiseen aikaan. DNA-sukututkimus vastaisi kysymykseen paremmin, mutta se edellyttäisi testien tekemistä.

Isälinjat

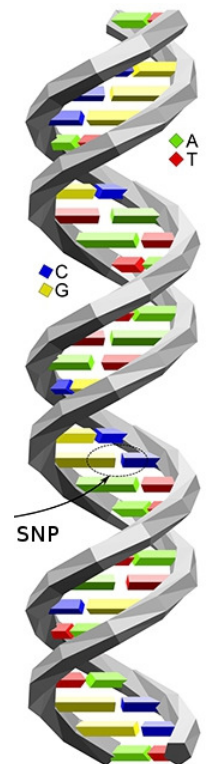
DNA-sukututkimuksen perustan ymmärtämiseen riittävät hyvin nykyiset koulubiologian tiedot. Tieto ihmisen perimästä sisältyy kaksoiskierteisen deoksiribonukleiinihappomolekyylin aminohappopareihin. DNA:ta on ihmisen kaikissa soluissa, jokaisen solun tumen kromosomeissa ja muissa soluelimissä, kaikkiaan kolmisen miljardia rakenneyksikköä. Kromosomeja on 23 vastinkromosomiparia. Sukusoluissa on näistä vain toinen, joten lapsi saa toisen vastinkromosomin isältään ja toisen äidiltään.

Vastinkromosomipareista viimeinen määrää sukupuolen. Äidillä on tässä parissa kaksi X-kromosomia, joten lapsi saa häneltä aina X-kromosomin. Isällä vastinkromosomit ovat erilaiset X ja Y. Lapsi saa näistä toisen. Jos saa X:n, lapsesta tulee tyttö, jos taas Y:n, niin lapsesta tulee poika. Sukupuolen määräävä geeni on Y-kromosomin lyhyemmässä haarassa. Mekanismi on herkkä eikä siksi aina kaikki mene pääsäännön mukaan. Useimmille ihmisille tämä biologinen sukupuolen määräytyminen pätee kuitenkin.

Järjestelmän herkkyydestä ja monimutkaisuudesta kertoo myös se, että Y-kromosomi ei pysy samanlaisena, vaan se muuttuu satunnaisesti pienempien osalta kerrallaan. Nämä erot mahdollistavat isän tunnistamisen. Yksittäistä muutoskohtaa nimitetään SNP:ksi, joka on lyhenne ilmauksesta "single nucleotide polymorphism", yhden emäksen monimuotoisuus. Sitä voitaisiin kutsua myös pistemutaatioksi, koska kyseessä on yhden aminoryhmän muutos DNA-ketjussa.

Muutoksia on tapahtunut vuosituhansien aikana paljon, sillä arvioidaan, että ihmisen perimässä tapahtuu keskimäärin kaksi Y-kromosomin mutaatiota sukupolvessa. Nämä periytyvät miespuolisille jälkeläisille. Perimältään eroavia miesryhmiä eli Y-haploryhmiä on siis hyvin paljon. Nykyään (2018) tunnetaan lähes kuusi miljoonaa Y-kromosomin muunnelmaa. Nimitys "haploryhmä" tulee siitä, että sukusolujen muodostumisessa syntyvä kromosomisto on yksinkertainen eli haploidinen, koska sukusoluissa on vain toinen vastinkromosomeista. Muiden solujen kromosomisto muodostuu vastinkromosomipareista ja on siis kaksinkertainen eli diploidinen.

Haploryhmät voidaan järjestää tavanomaista sukupuuta muistuttavaksi haplosukupuuksi. Se on yksi esimerkki biologisten ominaisuuksien muuttumista kuvaavasta evoluutiopuusta (phylogenetic tree), missä ryhmät esitetään yhtäläisyyksiensä ja erojensa mukaan järjestettyinä kokonaisuuksina. Y-DNA:n haploryhmät nimetään kirjaimilla A–T. Suomalaisilla yleisin ryhmä on N (58 %), tarkemmin N1c. Näitä ovat Korhosetkin. Toiseksi yleisin on I (29 %). N-ryhmä on itäistä perua, syntynyt arkeologisista kaivauksista saatujen muinais-DNA-näytteiden mukaan 35–40 000 vuotta sitten Kaakkois-Aasiassa. I-ryhmä on puolestaan läntinen, syntynyt Balkanilla noin 30 000 vuotta sitten ja kiertänyt myöhemmän Länsi-Euroopan kautta Suomeen. Kaikkien ihmisten yhteisen kantaisän, DNA-Aatamin, arvellaan eläneen Afrikassa 60–90 000 vuotta sitten.



Äitilinjat

Äitilinjan määrittäminen ei voi perustua sukupuolikromosomiin X, koska nainen on saanut toisen niistä äidiltään, mutta toisen isältään. Vain sattumasta riippuu, kumpi periytyy tyttärelle. Onneksi perintötekijöitä on myös muualla kuin sukupuolikromosomeissa, nimittäin solun energiatuotannosta vastaavissa soluelimissä eli mitokondrioissa. Perimäainesta niissä on hyvin vähän, vajaat 17 000 emäsparia kaikista kolmesta miljardista eli noin kuusi miljoonasosaa, mutta se riittää, koska se kaikki tulee äidiltä munasolun mukana. Se ei siis periydy tavalliseen tapaan eli satunnaisesti molemmilta vanhemmilta.

Äidin mitokondriot tulevat munasolun mukana myös miehille, joten äitilinjan testi voidaan tehdä miehenkin antamasta DNA-näytteestä. Samoin kuin sukupuolen määräytymisessä on tässäkin pieni poikkeus, sillä – vaikkakin hyvin harvoin – myös isän tai siis tarkemmin isänäidin mitokondrio-DNA:ta saattaa poikkeuksellisesti vuotaa jälkeläiselle siittiösolun hännän mukana. Normaalistihan häntä tuhoutuu välittömästi hedelmöitymisen jälkeen eivätkä isän mitokondriot siis siirry jälkeläiselle. Mekanismin on erilainen siinä mielessä, että mutaatio tapahtuu yhden solun yhden mitokondrion DNA-renkaassa ja yleistyy, jos on yleistyäkseen, vasta jälkeläispolvissa. Siirtymävaiheessa puhutaan heteroplasmasta.

Arviot mitokondrio-DNA:n mutaationopeudesta vaihtelevat hyvin paljon menetelmästä ja testatusta ihmisryhmästä riippuen. Mt-DNA on joka tapauksessa paljon vakaampi kuin Y-DNA. Mutatoitumisnopeuden vaihteluväli on yksi mutaatio 15–60 sukupolvea kohti, keskimäärin yksi mutaatio 1000 vuodessa. Tästä syystä mitokondrio-DNA:sta ei voi tehdä muutaman sadan vuoden aikaa koskevia sukulaisuuspäätelmiä. Suuret erot arvioissa johtuvat osaltaan myös siitä, että vaikeina aikoina, geneettisissä pullonkauloissa, syntyneet mutaatiot eivät ole päässeet periytymään, vaan ovat hävinneet jälkeläisiä jättämättä kuolleiden lasten tai lastenlasten mukana. Kaikille ryhmille yhteinen esiäiti, DNA-Eeva, on tämän perusteella arvioiden elänyt 100–200 000 vuotta sitten Afrikassa.

Periaatteet ovat muuten samat kuin isälinjan kohdalla. Mutaatioiden kautta syntyneet perimänmuutokset antavat mahdollisuuden ryhmitellä ihmiset myös mitokondrio-DNA:n perustella haploryhmiin. Ryhmät nimetään vastaavalla tavalla kirjaimin: A, B, C, CZ, D, E, F, G, H, HV, I, J, pre-JT, JT, K, L0, L1, L2, L3, L4, L5, L6, M, N, P, Q, R, R0, S, T, U, V, W, X, Y ja Z. Yleisin ryhmä suomalaisilla on H (40 %). Se on yleisin myös koko Euroopassa (44 %). Toiseksi yleisin Suomessa on U (28 %). Sitä on muualla Euroopassa hyvin vähän, mutta yli puolet saamelaisista kuuluu tähän ryhmään (53 %). Vakautensa ansiosta mitokondrio-DNA on tärkeämpi antropologiassa ja biomaantieteessä kuin sukututkimuksessa.

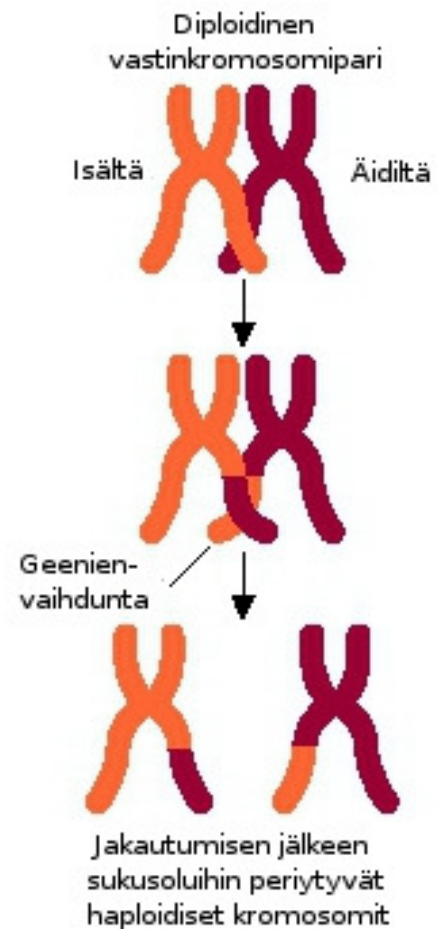
Geneettinen sukulaisuus

DNA kertoo perimästä paljon muutakin kuin isä- ja äitilinjat. Itse asiassa sukupuolikromosomeissa on perimästä vain kahdeksisen prosenttia, Y-kromosomissa tästä vajaa neljännes. Suurin osa on siis muissa kromosomeissa. Tilannetta monimutkaistaa se, että kromosomit eivät aina siirry jälkeläisille muuttumattomina, vaan geenit saattavat vaihtua vastinkromosomista toiseen tekijäinvaihdunnan (crossing-over) kautta. Tapahtumasta käytetään myös nimitystä uudelleenjärjestäytyminen (recombination) Tämä tarkoittaa sitä, että isältä ja äidiltä saatu perimäaines voi sekoittua. Geenit säilyvät mutaatioita lukuunottamatta sellaisinaan, mutta osa voi siis vaihtaa paikkaa vastinkromosomista toiseen. Geenien uudelleenjärjestäytyminen on harvinaisempaa miehillä – keskimäärin 27 geeninvaihduntaa lasta kohti – kuin naisilla, joilla on keskimäärin 41 geeninvaihduntaa lasta kohti.

Muun kuin isä- ja äitilinjoja koskevan sukulaisuuden selvittäminen muuttuukin näin ollen tilastolliseksi. Tutkitaan kuinka paljon muiden kuin sukupuolikromosomien sisältämästä perimästä eli autosomaalisesta DNA:sta on yhteistä eri henkilöiden antamissa näytteissä. Mittayksikkönä käytetään *senttimorgania* (cM), joka kuvaa kahden kohdan välille sattuvan geeninvaihdunnan todennäköisyyttä. Ketjun pituus on yksi morgan, jos päiden välille sattuu yksi geeninvaihduntakohta.

Yksi senttimorgan tarkoittaa siis sellaista DNA-ketjua, jolle geeninvaihduntakohta sattuu yhden prosentin todennäköisyydellä. Ihmisen kromosomien pituus on muutamasta kymmenestä muutama sataan senttimorganiin eli muutamasta morganin kymmenyksestä muutama morganin. Pisimmissä kromosomeissa saattaa siis tapahtua useampikin geeninvaihdunta. Kyse ei ole ketjun todellisesta pituudesta, vaan siis ketjun pituudesta todennäköisyydellä mitattuna.

Perimältään samankaltaisten ihmisten eli geneettisten sukulaisten sukulaisuutta voidaan luonnehtia yhtenevien DNA-jaksojen pituudella. Senttimorgan sopii siten myös sukulaisuuden mitan yksiköksi. Lukema ennustaa siis sukulaisuuden läheisyyttä. Täyssisarusten näyttöiden välillä lukema on keskimäärin 2700 senttimorgania, vaikka vaihtelu on suurta (2200–3400), serkuilla 900 (500–1300) ja pikkuserkuilla 200 (50–500). Laaja vaihteluväli johtuu kahdesta syystä. Ensinnäkin perimä ei tule puoliksi kummaltakin vanhemmalta, vaan sattumalla on suuri vaikutus siihen, kuinka suuri osa autosomaalisesta perimästä tulee kummankin vanhemman esivanhempien linjoista.



Toiseksi vanhemmilla voi yhteisen sukuhistoriansa ansiosta olla yhteistä perimää, jota tulee silloin jälkeläisille kummaltakin.

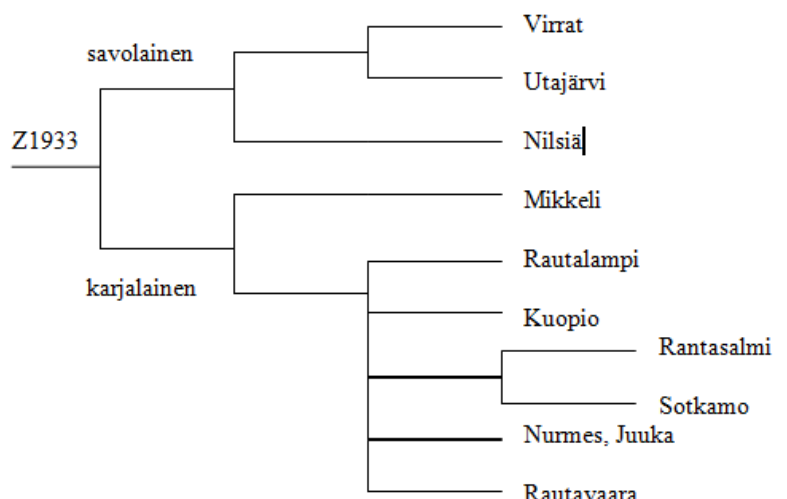
Tämä näkyy erityisen selvästi savolaisissa suvuissa. Kantaväestö oli pieni. Lisäksi vaimo on usein haettu läheltä. Sukulaisavioliitot ovat olleet tavallisia ja tuoneet mukanaan yhteistä perimäainesta molemmilta vanhemmilta. Kahden henkilön yhteinen sukulaisuus saattaa siten juontua useista yhteisistä, jopa kymmenistä, sukulinjoista. Asianlaita on toinen Hämeessä ja Varsinais-Suomessa sekä varsinkin Amerikassa, jonka väestöpohjaan sukulaisuusarviot perustuvat. Karkea sormituntuma on, että amerikkalaisten DNA-analyysejä tekevien yritysten serkkuennusteet "1–2" (serkku tai pikkuserkku) tai "3–4" (kaukaisemmat serkut) pitävät kohtuullisen hyvin paikkansa Länsi-, mutta eivät Itä-Suomessa. Ennustettu serkku saattaa paljastua siellä usein kolmanneksi tai neljänneksi serkuksi tai kaukaisemmaksikin sukulaiseksi.

Korhosten perimä

Kun puhutaan Korhosista, niin tarkastellaan sitä sukulinjaa, jonka mukana sukunimi on periytynyt eli isälinjaa. Korhoset kuuluvat haploryhmään N1c1. Tämän synty on niin kaukana ajassa, että se ei koske Korhosia eikä pelkästään suomalaisiakaan, vaan heidän hyvin kaukaisia esi-isiä.

Haplosukupuun oksat voidaan nimetä periytymistä osoittavilla nimillä, esimerkiksi N1c1a1a1a2a1a1a, tai pistemutaatioiden tunnuksilla, esimerkiksi Z1927. Määrityksissä havaitut uudet mutaatiot tuottavat puuhun uusia oksia. Myös puun rakenne voi muuttua uusien löydösten takia.

Korhosiin johtava haplosukupuun haaraa luonnehti mutaatio Z1933. Se jakaantui noin 2200 vuotta sitten kahteen haaraan, joita nimitetään savolaiseksi ja karjalaiseksi. Savolaisessa ryhmässä ovat muiden muassa Oulunsuun, Utajärven, Sievin, Kauhajoen, Virtain ja Joroisten Korhosia. Karjalainen haara jakaantui kahtia vajaat 2000 vuotta sitten mikkeliläiseen ja yläsavolaiseen haaraan. Viimeksi mainittuun kuuluvat Rantasalmen, Rautalammin, Kuopion, Rautavaaran, Nurmeksen, Sotkamon ja Liperin Korhoset.

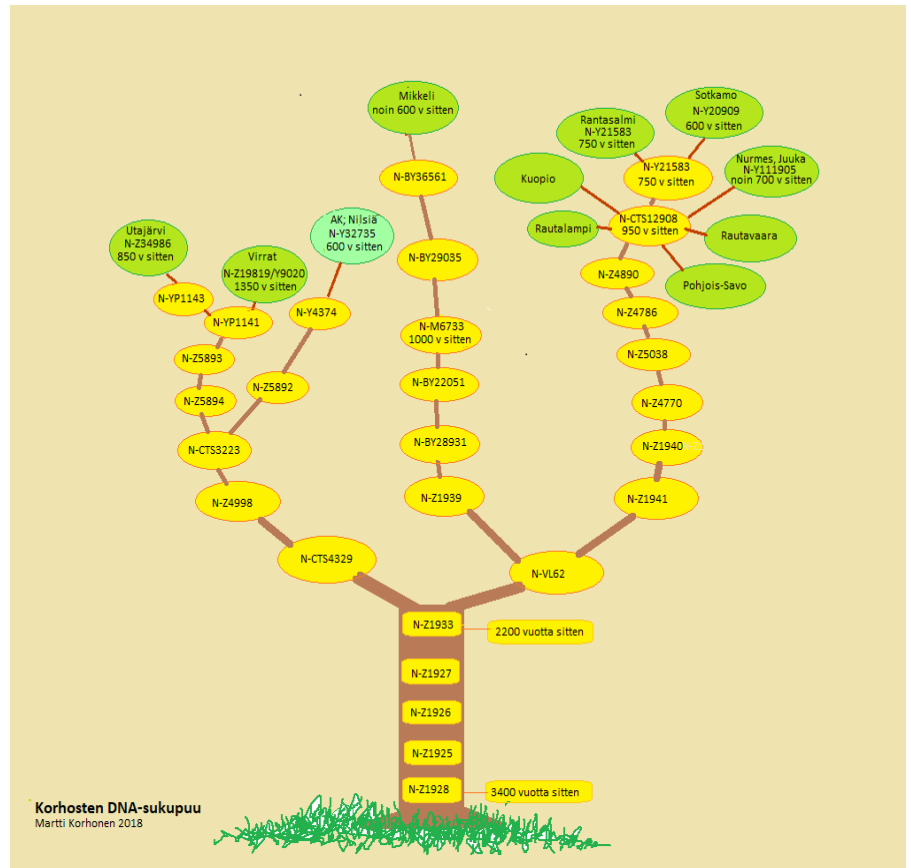


Nämä kolme, siis savolainen ja kaksi karjalaista ryhmää, muodostavat Korhosia laajalti selvitelleen mikkeliläisen Martti Korhosen mukaan Korhosten kolme geneettistä päähaaraa.

Polveutumiskaavion haarojen määrä ei kuvaa yksittäisten Korhosten tai edes Korhos-sukujen lukumäärää, vaan riippuu siitä, ketkä geneettiset sukulaisemme ovat teettäneet DNA-analyysejä. On vielä useita Korhos-ryhmiä, joiden perimää on analysoitu niin vähän tai ei ollenkaan, jotta heidät

olisi voitu liittää haplosukupuuhun. Mitä useampia analyysejä tehdään, sitä tarkemmaksi käsitys Korhosten perimästä käy.

Karjalaisessa haarassa olevien Sotkamon, Rautalammin ja muutamien muiden Savon Korhosten esi-isälinjaa linjaa luonnehtii pistemutaatio (SNP) CTS12908. Heidän yhteinen esi-isänsä on 950 vuoden päässä eli siis niillä tienoilla, joilla itäsuomalainen sukunimijärjestelmä syntyi. On siis mahdollista, että myös nimi on periytynyt geenien mukana noilta ajoilta asti. Edellä mainittujen lisäksi Korhosia on myös savolaisessa haarassa. Kun näiden haarojen yhteinen esi-isä on 2000 vuoden takana, jää arvailun varaan, miten savolaisen haaran Korhoset ovat sukunimensä saaneet.



Sukunimijärjestelmää ei nimittäin pidetä niin vanhana, että nimi olisi voinut periä yhteisen esi-isän ajoilta, vaikkakin joissain verkkokeskusteluissa on pohdittu sitä mahdollisuutta, että vanhimmat suomalaiset nimet olisivat peräisin kristinuskontuloa edeltävältä ajalta. Olisivatko perimältään jo eronneet ryhmät asuneet vielä tuhat vuotta sitten niin lähellä toisiaan jossain Karjalan kannaksella, että yhteinen klaanihenki olisi saanut ottamaan saman sukunimen. Ryhmiä luonnehtivat nykyiset paikannimet eivät suinkaan ole missään tekemisissä niiden paikkojen kanssa, joissa esi-isät asuivat sukuhaarojen jakaantuessa. Ne ovat paikkakuntia, joissa Korhosia on asunut viimeksi kuluneina vuosisatoina edes muutaman sukupolven ajan.

DNA-analyysit

Suurin osa ihmisen perimästä saatiin analysoiduksi vuonna 2001, koko perimä vasta vuonna 2010. Maailmalla on satoja DNA-analyysijä tekeviä laboratorioita. Näistä vain puolen tusinan päätoimiala on suvustaan kiinnostuneiden yksityisasiakkaiden palveleminen, kaikki amerikkalaisia kaupallisia yrityksiä. Vain muutamien maiden kansalaisten perimää on pyritty selvittämään järjestelmällisesti, parhaana esimerkkinä Islanti, missä toimiva yritys julkisti 14 000 islantilaisen perimään perustuvan tutkimuksen syksyllä 2017. Suomessa DNA-laboratorioita ei ole, vaan esimerkiksi muinais-DNA:n määritykset tehdään Saksassa. Näihin perustuu tieto ihmiskunnan kehittämisestä ja haploryhmien leviämisestä Afrikasta muualle maapallolle.

Perimää tutkittaessa kohdistetaan huomio yleensä vain pieneen osaan perimää, tiettyihin geeneihin tai muihin DNA-jaksoihin, ns. markkereihin. Kuhunkin tarkoitukseen soveltuvien markkereiden valinta on ensisijaisesti tilastollinen ongelma. On löydettävä sellaiset kohdat, joiden perusteella voidaan tehdä kyseessä olevaa asiaa koskevia päätelmiä luotettavasti. Niinpä esimerkiksi syöpätutkimuksessa käytetään markkereina usein yhden emäksen monimuotoisuuksia eli SNP-kohtia. Oikeuslääketieteessä ja perinnöllisyystutkimuksessa käytetään taas tavallisimmin STR-markkereita. Nimi tulee englanninkielisestä ilmauksesta **short tandem repeat**, mikä tarkoittaa 2–6 vierekkäisen emäksen muuntelua. Perushaploryhmä saattaa selvittää jo 12 markkerista, mutta tulos tarkentuu ja varmistuu markkerien määrän lisääntyessä. Tavallisimmin isälinjan perusanalyysissä käytetään nykyisin 67:ää tai 111:ta markkeria. Sukututkimustarkoituksiin saatetaan käyttää jopa yli neljää sataa markkeria.

Isä- ja äitilinjojen selvittämiseen käytetään sekä yhden että useamman aminoryhmän muuntelua eli sekä SNP- että STR-markkereita. Hyödyllisintä eivät kuitenkaan ole DNA-analyysin tulokset sinänsä eli yksittäisten markkerien arvot, vaan tulostietokannat, joiden perusteella perimää vertaillaan muiden ihmisten perimään. Näihin tietokantoihin sisältyvien tietojen yhdistämiseen perustuvat edellä kuvatut haploryhmät ja -sukupuut sekä sukulaisuusennusteet. Sen sijaan sukulaisten löytymiseen tarvitaan testin teettäneiden myötävaikutusta. Hänen on annettava perimä- ja yhteystietonsa ainakin samankaltaisen perimän omaavien eli lähiosumien (match) saataville. Vain omaan käyttöön rajatut tiedot eivät hyödytä muita sukututkijoita.

Osa tiedosta on julkista. Sitä voi kuka tahansa katsella*. Analyysitulokset näkyvät markkeri markkerilta. Näytteen antajan nimi ei näy julkisella sivustolla, vaan vain vanhin tunnettu esi-isä, jos testin teettäjä on sen merkinnyt tietokantaan. Tässä markkerit ovat STR-markkereita, mutta haploryhmä on varmistettu myös SNP-markkereiden avulla. Ensimmäisestä markkerista DYS393 käytetään joskus myös nimeä DYS395. Se on Y-kromosomiin sisältyvä neljän emäksen jakso, suhteellisen vakaa, mutatoituu keskimäärin kerran 1300 vuodessa.

Kit Number	Paternal Ancestor Name	Haplogroup	DYS393	DYS390	DYS319	DYS391	DYS385	DYS388	DYS439	DYS389i	DYS392	DYS389ii	DYS458	DYS459	DYS455	DYS454	DYS447	DYS437	DYS448	DYS449	DYS464	
115186	Tuomas Pekanpoika Korhonen, 1530-1597, Rautalampi, Fi	N-CTS12908	14	24	14	11	11-13	11	12	11	14	14	29	16	10-10	11	12	24	14	18	31	13-13-14-14

Alkua Tuomas Pekanpoika Korhosen erään jälkeläisen perimän analyysituloksesta. Henkilö itse ei näy julkisesti, vaan vain hänen näytteensä numero (kit number).

Perustesteillä saadaan selville karkea arvio haploryhmästä eli päästään haplopuun haaran tyveen. Jatkotestillä, esimerkiksi Family Tree DNA -yrityksen testillä BigY, kartoitetaan Y-kromosomi kokonaan. Tällöin tulevat esiin kaikki SNP-mutaatiot. Niiden perusteella tutkittava henkilö voidaan sijoittaa haplosukupuun oksille. Uusia mutaatioita löytyy koko ajan. Sillä tavalla haplosukupuu laajenee. Käytännössä uusi oksa lisätään haplosukupuuhun, kun sama mutaatio on havaittu kahden henkilön perimässä.

Joillakin yrityksillä on maittain tai suvuittain järjestäytyneitä ryhmiä. Tällainen on esimerkiksi *Family Tree DNA* -yrityksen *Finland DNA* -projekti. Se palvelee myös suomeksi. Siellä on tällä hetkellä (maaliskuussa 2018) noin 8000 suomalaista ja useita tuhansia muista maista, näistä suuri osa Yhdysvalloista. Viimeaikoina käyttöön on tullut mahdollisuus siirtää DNA-tuloksia toisen yrityksen analysoitavaksi ja ohjelmistoja, joilla voidaan vertailla eri yritysten tekemien DNA-analysien tuloksia.

Maallikon ei tarvitse itse yrittää tulkita DNA-testin tulosta eikä sijoittaa itseään haplosukupuuhun, Testituloksen mukana tulee tieto haploryhmästä. Tarjolla on myös palveluja, jotka analysoivat tarkemmin DNA-testin raakadataa ja näyttävät oman haploryhmän sijainnin koko ihmiskunnan perimäkartassa. Sieltä Y-haplopuun N-haaran viimeisiltä, uloimmilta oksilta löytyy Korhostenkin ryhmä N-CTS12908. Myös mitokondrio-DNA-tuloksista on saatavissa vastaava sukupuu.**

Tätä kirjoitettaessa huhtikuun alussa 2018 ei ole selvää kuvaa siitä, miten suomalaiset voivat teettää DNA-sukututkimuksia tulevaisuudessa. Jo maaliskuussa ainakin yksi amerikkalainen yritys, FullGenomes, ilmoitti, että se ei ota enää vastaan tilauksia Euroopasta tulossa olevan eurooppalaisen tietosuojaa-asetuksen tuottaman rangaistussakkouhan pelossa. Muut amerikkalaisyritykset seurannevat perässä. Saa nähdä, mikä on tilanne tämän jutun ilmestyessä vuonna 2019. Joka tapauksessa ennen DNA-analyysin tilaamista kannattaa uhrata muutama ajatus sille, mitä tutkimukselta haluaa, sillä yritysten tarjoamissa palveluissa on suuriakin eroja. Onko sukutaustassa sellaisia kohtia, joihin kirkonkirjat eivät anna vastausta? Halutaanko löytää sellaisia sukulaisia, joita perinteinen sukututkimus ei ole tavoittanut? Halutaanko päästä kauemmas menneisyyteen kuin asiakirjat antavat myöten?

* Esimerkiksi Finland DNA Project - Y-DNA Colorized Chart osoitteessa <https://www.familytreedna.com/public/Finland?iframe=ycolored>, viitattu 22.3.2018.

** Isälinjan osalta esimerkiksi YFull YTree v6.01 osoitteessa <https://www.yfull.com/tree/> ja N-ryhmän osalta suoraan <https://www.yfull.com/tree/N/>, viitattu 1.4.2018.
Äitilinjan osalta esimerkiksi van Oven M, Kayser M. 2009: Updated comprehensive phylogenetic tree of global human mitochondrial DNA variation osoitteessa <http://www.phylotree.org/tree/index.htm>, viitattu 30.3.2018.