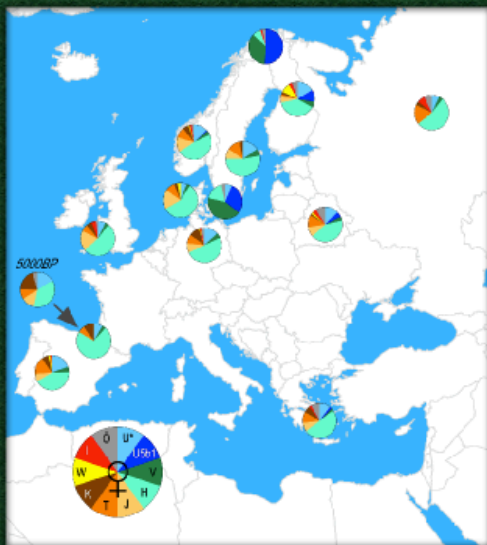


Européernas DNA från en geografiskt perspektiv

Ulf Erlingsson

fil dr Ulf Erlingsson



Européernas DNA
från en geografiskt
perspektiv

Européernas DNA från en geografisk perspektiv

© Ulf Erlingsson, 2005 - 2025

Foton och illustrationer av författaren om ej annat anges.

Alla rättigheter reserveras.

Lindorm Publishing

Miami, USA, 2005, första versionen

Markaryd, Sverige, 2025, andra versionen

ISBN 91-975119-0-0

Innehållsförteckning

FÖRORD	V
INLEDNING	1
STUDIET AV ARVSANLAGEN	1
DEN MODERNA MÄNNISKAN	3
FYLOGEOGRAFISKA STUDIER	7
SLÄKTTRÄD	9
DATERING AV SLÄKTTRÄDET	11
POPULATIONSSSTATISTIK	12
GRUNDARANALYS	14
KARTLÄGGNING	16
Y-KROMOSOMEN	19
SLÄKTTRÄD	20
TEMATISKA KARTOR	23
EUROPAS DOMINERANDE HAPLOGRUPPER	34
MITOKONDRIE-DNA.....	42
SLÄKTTRÄD	42
TEMATISKA KARTOR	49
ÅLDERSBESTÄMNING OCH URSPRUNGSANALYS	76
KORRELATIONSANALYSER	82
GÅTAN SAMER OCH SKÅNINGAR	88
VARIFRÅN KOMMER HAPLOGRUPP V?	97
VARIFRÅN KOMMER DÅ SAMERNA?	103
SAMMANFATTANDE KARTOR	112
DISKUSSION: FÖRHISTORISKA FOLKVANDRINGAR	117
UT UR AFRIKA	119
HÖGISTID	126
NORDEUROPA ÅTERKOLONISERAS	133
MELLANÖSTERNGENER TILL EUROPA	136
EUROPAS STORA ÖAR.....	159
FLER PUSSELBITAR	170
ARVSANLAG SOM KITT MELLAN MYT OCH HISTORIA.....	178

Européernas DNA från en geografisk perspektiv

HUSDJUR	196
SLUTORD	201
APPENDIX: GEOSTATISTIK FÖR ANALYS AV DNA-DATA	205
RUMSLIG KORRELATION	206
ETT SIMULERAT EXEMPEL	211
SLUTSATS	219
LÄNKAR	220

Förord

Europas historia består av många pusselbitar, och kan studeras med hjälp av olika discipliner. Denna bok tar sin utgångspunkt i analyser av DNA (arvsanlagen) från både Y-kromosomen och mitokondrierna (mtDNA). Dessa gör det möjligt att se hur människor är släkt på fädernet respektive mödernet, i tidsperspektiv av tusentals till tiotusentals år.

Denna bok utgör ett försök att återskapa en översiktlig historia, inte bara över hur människan anlände till Europa, utan också över folkens förflyttningar inom kontinenten och i dess närområde (Mellanöstern, västra Sibirien och Centralasien). Tiden som behandlas är under och efter istiden. Även om det endast är i undantagsfall som DNA-resultaten kan bekräfta historiska folkvandringar, så kan de – och det är ju betydligt intressantare, om man tänker efter – belysa myter och sägner. Därmed kan man visa att dessa berättelser är historiska, vilket flyttar gränsen för förhistorien bakåt i tiden. Det visar sig att myterna ofta inträffat längre tillbaka i tiden än vad de själva vill göra gällande. Att så sker kanske är en generell regel i all muntlig tradition.

I denna bok läggs grunden för ett återskapande av Europas historia från istid till nutid. De myter som förklaras är dock bara ett urval, och de som är enklast att leda i bevis. Andra myter kan bara förstås med ett tvärvetenskapligt angreppssätt. Historien består nämligen av många parallella trådar. Det är naturhistorien, folkens arvsanlags historia, språkens historia, den politiska historien, krigshistorien, den materiella kulturens historia, folkvandringarna, naturkatastroferna, religionerna...

De är sammanvävda; för att se helheten måste man känna delarna, och för att förstå delarna måste man känna helheten.

En sak som jag vill poängtera är dock att människans intellektuella förmåga säkert inte förändrats nämnvärt inom den tidsrymd detta handlar om. Det som får äldre tider att se mera primitiva ut i det arkeologiska arkivet är till inte ringa del att föremål försvinner med tiden. Dels försvinner de därför att de multnar och rostar och vittrar bort. Dels blir det mer och mer osannolikt att hitta ett föremål ju äldre det är, av geologiska skäl. Från de äldsta tiderna är det bara sten som återstår idag. Och så guld, men det är ju värdefullt så det har säkert återanvänts redan.

Vi kallar den tiden Stenåldern. De gamla grekerna kallade den Guldåldern. Objektivt sett är nog det senare bättre.

Guldtillgången per capita var nog högre då, så guldet spelade nog en större roll i samhället än under de följande tiderna. Med undantag för vår egen tid; guld är ju en förutsättning för mycket av den avancerade elektroniken, som kontaktmetall. Under Guldåldern kände de till guld, silver, koppar och bly. Man kan göra mycket med de metallerna.

Vad jag vill komma till är att människans historia kan vara längre än vad vi i allmänhet anar. När man kombinerar fakta från olika discipliner bör man därför tillåta ganska mycket flexibilitet i kronologin. Detta sagt, så går vi väl över till människans DNA äntligen.

Inledning

Studiet av arvsanlagen

Den senaste källan till kunskap om människans historia kommer från människans gener, våra arvsanlag. De spelar samma roll för det levande, som källkoden i ett datorprogram; de gör inte jobbet, men de skapar de proteiner som gör jobbet. De flesta arvsanlag finns i kromosomer som är dubblerade, så att en kommer från modern och en från fadern. Dessutom kombineras generna om. Men det finns två uppsättningar arvsanlag som inte kombineras om: Y-kromosomen (som enbart män har), och mitokondrie-DNA (som ärvs enbart från modern). Med dessas hjälp kan man göra ett släkträd för varje kvinna, och två för varje man (hans anfader och anmoder).

Mitokondrie-DNA (mtDNA) är en liten ring på endast 16571 baspar som finns inne i mitokondrierna, alltså de organeller inne i cellerna där själva energiomsättningen sker. De bildades, får man väl anta, som följd av en symbios mellan en encellig organism och en bakterie för mer än en miljard år sedan. Mitokondrierna kommer helt från äggcellen, och därför ärvs mitokondrie-DNA på modernet, från mor till barn. År 2000 blev kartläggningen av hela sekvensen klar.¹

Även om dessa bitar DNA går i arv från släktled till släktled utan omkombinering, så förändras de ändå så sakteliga på grund av mutationer. En del mutationer påverkar förstås

¹ Ingman, M., Kaessmann, H., Pääbo, S., & Gyllenstein, U., 2000: Mitochondrial genome variation and the origin of modern humans. *Nature* 408 (6813), 708-713.

individens överlevnadsförmåga. Därför verkar det naturliga urvalet på dem, och deras frekvens ökas eller minskas i enlighet med det. Andra mutationer är däremot neutrala ur överlevnadssynpunkt. I mtDNA-molekylen används framför allt två hypervariabla regioner i den så kallade D-slingan, HVS1 och HVS2 (andra skrivsätt: HV1, HVR1, HVS-I). Mutationer i dessa beräknas inträffa mellan 1 gång per 77 till 1 gång per 1136 generationer (medel: 1 per 235 generationer). Det kan också uttryckas som en mutation per baspar per 3,1 miljon år. Eftersom det finns många hundra baspar, och många människor i en population, så blir det många mutationer även på ganska kort tid. Siffrorna är framtagna just genom att titta på ett antal människor på Island vars släktskap är känd, i flera generationer, och i det materialet fanns 3 mutationer av 705 möjliga generationsskiften (Sigurðardóttir *et al.* 2000)².

En enskild människa tillhör en viss *utvecklingslinje* när det gäller mtDNA (och, om det är en man, även Y-kromosomen). Om en grupp av människor har samma sekvens i det avsnitt som studerades kallas det en *haplotyp*. En grupp av haplotyper som är närliggande och förmodas ha utvecklats från samma ursprung kallas en *haplogrupp*. De inordnas i sin tur i överhaplogrupper, och så vidare.

Det är ju inte säkert att två individer med samma haplotyp är på samma linje, eftersom det dels kan förekomma mutationer också i de avsnitt som inte studerades, och dels kan samma mutation ha uppkommit flera gånger. Sannolikheten för det senare är minimal om bara slumpen spelar in, men om

² Sigurðardóttir, S., Helgason, A., Gulcher, J.R., Stefansson, K., & Donnelly, P., 2000: The Mutation Rate in the Human mtDNA Control Region. *American Journal of Human Genetics*, 66: 1599-1609.

mutationen har ett överlevnadsvärde så ökar sannolikheten betydligt.

Det finns olika typer av mutationer, med olika frekvens. Dessutom är mutationsfrekvensen enligt forskarrapporter olika på olika platser i arvsanlaget, och det förefaller som om vissa mutationer kan göra närliggande positioner instabila. När man börjar fördjupa sig i människans släktskap är det lätt att glömma bort, att arvsanlaget inte finns till för att kunna studera släktskap, utan för att koda de proteiner som behövs för individens grundläggande livsfunktioner. Det betyder, att segment där man observerar låg variation kanske inte nödvändigtvis har lägre mutationsfrekvens, utan de kanske istället är mera kritiska för individens överlevnadsförmåga.

Med andra ord, ett grundantagande som man ofta gör när man studerar släktskap med hjälp av mutationer, är att de mutationer man tittar på är neutrala i förhållande till det naturliga urvalet. Men ny forskning visar att en mutation som kan vara neutral under vissa förhållanden, kan ha ett överlevnadsvärde under andra förhållanden, till exempel ett annat klimat. Två folkgrupper som hade samma fördelning av haplotyper från början, men som har vistats i olika klimat under en längre tid, kan därför nu ha olika frekvens av haplotyperna.

Den moderna människan

Med ”den moderna människan” avser jag inte den post-industriella 1900-talsmänniskan, utan *Homo sapiens sapiens*, *Cro Magnon*, vår art och ras helt enkelt. Som det nu ser ut, har den moderna människan utvecklats i Afrika, från en anmoder som levde för ett par hundra tusen år sedan. Denna anatomiskt moderna människa (kallad *Cro Magnon*) kom till Europa under

den senaste istiden, och ersatte då den tidigare människan, av Neandertaltyp. Fortfarande pågår det dock forskning om det var två raser som blandades med varandra, eller om de uppträdde som två arter i förhållande till varandra. Det är nämligen inte nödvändigt att två grupper är så genetiskt olika att de inte *kan* fortplanta sig för att de ska låta bli – de kan också låta bli därför att de inte *vill*, därför att de inte är attraherade av varandra.

Från Afrika spreds den moderna människan till Mellanöstern. Därifrån tog hon sig vidare dels till Asien, dels till Europa. Senare spreds en grupp från Centralasien till både Amerika och Europa, och blev dominerande överallt utom i Afrika och Sydostasien. Till det senare området kom människan tidigt, och ättlingarna till de första invandrarna finns kvar i isolerade delar av världen. Minst två invandringsvågor har nått den Australiska kontinenten och världen norr därom före den europeiska invasionen, och förmodligen kom den moderna människan till Australien innan hon kom till Europa. Över havet, väl att märka. Vare sig det nu var i en människogjord farkost, eller flytande på drivved som förts till sjöss av en tyfon.

Med hjälp av mtDNA-analys har man kunnat visa att det finns ett stort hopp mellan de europeiska neandertalarna, och de samtida Cro Magnon-människorna. De senare ligger däremot helt inom den nutida variationen – två individer från södra Italien hade båda haplotyper som idag återfinns i trakten, och som är möjliga anmodrar till de flesta nutida européer (noll respektive en mutation från Cambridge Reference Sequence, CRS, den vanligaste i Europa). I Afrika finns det idag haplotyper som ligger mer än ett dussin mutationer från CRS,

men europeiska neandertalare däremot ligger ungefär två dussin mutationer från CRS.

Som exempel på denna forskning kan nämnas Comas *et al.* (1997)³, som jämförde mtDNA hos 9 europeiska och västasiatiska populationer och kom fram till slutsatsen att det var en gradvis och utdragen process att ersätta neandertalarna med moderna människor. De sista neandertalarna dog förmodligen ut då istiden gick mot sitt allra kallaste, för mellan 20 och 30 tusen år sedan, medan de första moderna människorna kom till Europa för si så där 50 tusen år sedan. Arkeologiska vittnesbörd placerar den första invandringen några tiotusentals år längre tillbaka i tiden. Det är ju inte säkert att några av deras mtDNA eller Y-kromosomlinjer överlevt, så uppgiften om mutationens ålder ger bara en minimiålder – och dessutom med stor osäkerhet.

Nu skall man komma ihåg, att även om inte en enda neandertal-mtDNA-linje eller dito Y-kromosom överlevt till nutid, så kunde ändå vissa andra gener ha tagits upp av den moderna människan, ifall de två grupperna hade blandats. Emellertid finns det inga skelettfynd som tyder på en sådan ”felande länk”. Visst finns det en modern folktro som vill göra gällande att det fortfarande finns ”snömän” (se till exempel www.bigfootencounters.com), men det finns inga handfasta bevis i form av kranier eller DNA-prov. Personligen tror jag därför att *yetin* har mera släktskap med *jättar* än med neandertalare. Som Hans Blix påpekade beträffande ABC-stridsmedel i Irak: Det är svårt att bevisa att det som inte

³ Comas, D., Calafell, F., Mateu, E., Perez-Lezaun, A., Bosch, E., & Bertranpetit, J., 1997: Mitochondrial DNA variation and the origin of the Europeans. *Human Genetics* 99 (4): 443-449.

existerar inte finns. Bättre då att basera sin verklighetsuppfattning på någorlunda objektiv kunskap om sådant som *kan* studeras, och acceptera att det finns olika typer av vetande. Bland det mest objektiva är människans DNA. Hur man tolkar data är mera subjektivt, så det skjuter jag upp till slutet av boken.

Fylogeografiska studier

Det finns en hel del man kan använda DNA-data till, kring det centrala temat att titta på släktskap. Men det finns också fallgropar, och det finns all anledning att komma ihåg den gamla sanningen att det finns tre grader av lögn: Lögn, förbannad lögn, och statistik. Annorlunda uttryckt, man måste hålla huvudet kallt och ha i åtanke vad data egentligen representerar, och vilka uttalande eller underförstådda antaganden man gjort. Som den vetenskapliga litteraturen de senaste 5 till 7 åren visar, så går det att komma fram till diametralt motsatta slutsatser för människans spridning, när man använder dessa data.

Man kan inte nog påpeka vikten av att som forskare (vare sig man är amatör eller yrkesforskare) göra sig själv medveten om sina egna undermedvetna antaganden. Oftast är det där, på det undermedvetna planet, som de grövsta felen uppstår. (Egentligen borde en formell logisk analys vara en del av all vetenskaplig slutledning, men det är väl att kräva för mycket av inledande studier i ett nytt ämnesområde.)

Det mest grundläggande som man måste göra klart för sig är emellertid, att det finns olika typer av kunskap och kunskapssökande. Ofta söker man det allmänna från det specifika. Det är då statistiken kommer in. Men det finns en annan sorts kunskap, som kräver att man behåller det specifika i fokus.

Låt mig visa med ett exempel. Människornas historia i Europa är som ett pussel. Genetikerna har försökt bringa ordning i oredan genom att söka efter *Principal Components*, de

'viktigaste komponenterna'. Vad man då vill åstadkomma är att finna de bakomliggande faktorer som orsakat den komplicerade bilden – till exempel invandring från Mellanöstern. Det är alltså underförstått att det finns några få faktorer som orsakat den komplicerade bilden. Men jämför nu med ett pussel. *Principal component analysis* ger oss gradienten i färg från topp till botten, och från vänster till höger. Men placerar vi in pusselbitarna efter deras genomsnittliga färg i förhållande till dessa gradienter, så får vi en nonsensbild som inte föreställer någonting. Slutsatsen blir att man måste studera varje pusselbit för sig. Likadant är det med Europas historia. Orsaken är att vår kontinents historia inte domineras av några få faktorer, utan förefaller vara summan av en stor mängd ungefär lika viktiga händelser: Folkvandringar, härnadståg, etnisk rensning, slavhandel, kvinnorov...

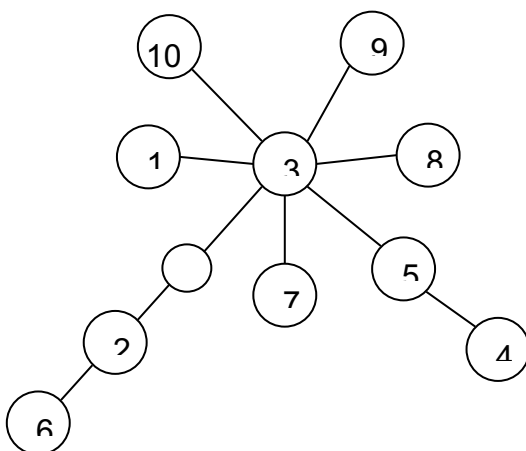
Om man låter bli att försöka generalisera, så kan man konstatera att det går att få fram mycket information om släktskap med genernas hjälp. Mig veterligen är denna bok den första gång någon tagit sig an att verkligen gå till botten med Europas DNA, och inte ge upp inför den synbart slumpvisa sammanblandningen av folken.

Resultaten uteblev inte. Den som är otålig att direkt komma till nyheterna kan hoppa till avsnittet "Hur nära släkt är egentligen samerna och skåningarna?", efter att ha ögnat igenom kartorna över de olika haplotyperna. De andra får här först en introduktion till studiet av arvsanlag, och en redogörelse för de olika haplogruppernas utbredning.

Släktträd

Koden i DNA består av en sekvens av fyra sorters heterocykliska kvävebaser. Det kan därför representeras av en rad bokstäver, initialerna för dessa fyra basers namn, på detta sätt: ACGGTCATAAG. För att minska datamängden presenterar man ofta bara de platser som är variabla, och anger deras läge i sekvensen med ett nummer. På första raden anges referenssekvensen (här nedan CRS, Cambridge Reference Sequence, referensen för mtDNA), och på följande rader de prov man analyserat. En punkt (.) anger att den stämde med referenssekvensen. Om den skiljde sig så sätter man ut basens initial. Resultatet blir som i tabellen i Figur 2-1 (positionen skrivs vertikalt; den första är alltså 16039):

1111111111	
6666666666	
0000000001	
3566788990	
9179912623	
GACCCCTTTT	CRS
.G.....	Haplotyp 1
A.....C..	Haplotyp 2
.....	Haplotyp 3
...T.C....	Haplotyp 4
...T.....	Haplotyp 5
A.....CG.	Haplotyp 6
..G.....	Haplotyp 7
....C.....	Haplotyp 8
.....T...	Haplotyp 9
.....A	Haplotyp 10



Figur 2-1. En hypotetisk analys av mtDNA och det resulterande släktträdet.

I detta påhittade exempel med 10 variabla platser, har 10 haplotyper identifierats. Haplotyp 3 är identisk med CRS. Haplotyperna 1, 5, samt 7 till 10 är direkta döttrar till 3. Haplotyperna 2 skiljer sig med två mutationer från CRS, och vi vet inte vilken av mutationerna (16039G→A eller 16092T→C) som kom först. Föregångaren till haplotyp 2 kan antingen finnas kvar men inte vara anträffad vid provtagningen, eller ha dött ut. Haplotyp 4 är en dotter till 5; och 6, slutligen, är en dotter till haplotyp 2.

En linje som stämmer med mutationen i typ 2 hänför vi till haplogrupp 2. Stämmer den dessutom med 6, så hänförs den till haplotyp 6. För att skilja *samtliga* i haplogrupp 2, från dem i haplogrupp 2 som *inte* tillhör haplotyp 6, kallar man de förra för 2, och de senare för 2* (med en asterisk efter). Eftersom det kan finnas flera haplotyper under 2 förutom 6, så är 2* potentiellt *flerfyligt*⁴, medan 2 och 6 är *enfyliga*. På samma sätt är 3* och 5* potentiellt flerfyliga (3* är de som tillhör 3 men inte någon av de identifierade underklanerna).

Observera att haplogrupp 3 i exemplet inte nödvändigtvis representerar den mest ursprungliga DNA-sekvensen. Vilken som helst av de identifierade typerna kan vara den mest ursprungliga – och även den icke identifierade typen mellan 2 och 3. För att få reda på vilken som är mest ursprunglig har man tillgripit två metoder: Att analysera DNA från nutida schimpanser, och att analysera DNA från skelett av utdöda människor av neandertaltyp. Det har visat sig att även om CRS är den i Europa vanligaste sekvensen, så är den långt ifrån den äldsta haplogruppen bland nutida människor.

⁴ Av grekiska φύλο [fylo], 'folkstam'

Detta illustrerar principen, men i verkligheten finns det ofta tvetydighet om hur olika haplotyper är släkt. De släktträd som presenteras är därför de statistiskt mest sannolika. Det är viktigt att ha det i åtanke, att även om det mesta nog är rätt, så är det också troligt att det finns vissa fel – som kanske spelar stor roll för en specifik tolkning. Alltså, man får inte ta detta för en absolut sanning. Finns det starka motargument så måste man väga in dem.

Datering av släktträdet

Släktträdet i Figur 2-1 är i stort sett stjärnformat runt 3. När så är fallet kan man beräkna statistik för hur länge sedan det var som mutationen som ligger till grund för haplogrupp 3 inträffade. Haplogruppen som CRS hör hemma i kallas H, och mutationen som bildade H har daterats till ca 26000 år före nutid. Osäkerheten i dessa dateringar är dock stor. Dels finns en möjlighet till ett systematiskt fel, ifall man har beräknat mutationsfrekvensen fel. Dels finns en stor statistisk osäkerhet, eftersom formeln bygger på att man har hittat samtliga mutationer som har inträffat efter att H bildades. Därför finns naturligtvis en stor osäkerhet på grund av att det trots allt är så få personer som har provtagits. Allt detta gör att felmarginalen på dateringarna ofta är tiotals procent, och ibland 50% – speciellt om släktträdet inte är stjärnformat.

Vad man daterar är naturligtvis inte själva mutationen, utan tidpunkten från vilken den haplotypen började differentieras genom nya, överlevande mutationer. Observera att om några av dessa nya mutationer inte återfinns i populationen så blir dateringen fel, åldern blir för låg. Det betyder, att om befolkningen nästan dog ut, men sedan började öka i antal igen, så ger dateringen inte åldern på mutationen utan på denna

flaskhals för populationen. Precis samma sak händer när en liten grupp människor isoleras och startar en ny population.

Om haplogruppen också återfinns i en annan folkgrupp, och har en högre ålder där, så kan man dra slutsatsen att det rör sig antingen om en flaskhals eller om en ”grundareffekt”. Endast genom att ta hjälp av andra discipliner kan man skilja mellan de två alternativen.

DNA-studier har visat att med stor sannolikhet uppstod den moderna människan i Afrika, och spreds ut över världen genom Mellanöstern för mellan 35 och 89 tusen år sedan. Därefter har dock kontakterna mellan Afrika söder om Sahara och resten av världen varit ganska svaga. Av den anledningen fokuseras detta kapitel på utvecklingen i Eurasien.

Populationsstatistik

Den grundläggande analys man kan göra är att beräkna hur många procent av de provtagna individerna som har respektive haplotyp. Man behöver inte ens göra något släktträd för att göra den statistiken. Provtar man till exempel 100 norrmän och 100 svenskar så kan man se om norrmän och svenskar är samma population eller ej. Om de visar sig *inte* tillhöra samma population, så kan man emellertid inte direkt se hur nära eller långt ifrån varandra de ligger, om man inte har ett släktträd. Skillnaden kan ju vara på kvistnivå i släktträdet, men det kan lika gärna vara olika stammar, även om bara en mutation skiljer. Vidare, en haplogrupp som man identifierat baserat på en del av DNA-sekvensen kan i verkligheten vara flerfyllig, alltså sammansatt av grenar som ligger långt från varandra på släktträdet. Även om de två populationerna förefaller vara lika så kan de ändå vara olika.

En mera filosofisk fråga är om det över huvud taget är meningsfullt att tala om populationer. DNA ärvs ju faktiskt på individnivå. Det är *individerna* som är mer eller mindre släkt, inte "populationerna". Enligt modernt synsätt är det *generna* själva som är utvecklingslärans subjekt, så att säga. Det är inte *arternas* kamp om överlevnad, utan *genernas* kamp om överlevnad. Vi är bara vandrare genbärare – ville man vara finurlig kunde man därför påstå att vi alla är "gengångare".

Populationerna är statistiska konstruktioner, och man kan tala om att de är "samma" med 95% sannolikhet, åtskiljda med 95% sannolikhet, eller vad som helst däremellan. Men individerna är ju aldrig "samma". Hur nära släkt måste individerna vara för att de ska räknas som "samma" i populationsstudien? Det är naturligtvis en bedömningsfråga, och det kan variera, från att de skall tillhöra samma haplogrupp till samma haplotyp.

Man kan också ange det genomsnittliga antalet mutationer som skiljer, men även det kan stöta på svårigheter. Om ett folk består av en blandning av två grenar som ligger långt ifrån varandra, så blir ju den inre olikheten stor. Skulle ett annat folk bestå av samma två grenar i blandning, så kommer skillnaden mellan folken att bli mindre än den inom folken. Detta är en av svårigheterna i Europa – ca 99% av variationen ligger inom folken.

Nästa steg är naturligtvis att försöka räkna ut hur och när de två populationerna fick de likheter de uppvisar. Det är det som kallas "founder analysis" på engelska, alltså 'grundaranalys' ungefär, studiet av vilka som grundade en population.

Grundaranalys

I denna analys försöker man räkna ut hur stor andel av en viss population som har tillförts utifrån, varifrån den tillfördes, och när. Man behöver släktträd, dateringar och populationsstatistik som underlag. Men det räcker inte.

Vad man försöker göra är ju att, utifrån kunskaper om gensammansättningen i nutida populationer, för det första försöka uppskatta en forntida populations gensammansättning, och för det andra beräkna hur många procent av den populationen som tillfördes det som sedermera blev den nutida populationen. Denna analys har gett upphov till många motsägelsefulla resultat, när den har använts för att försöka uppskatta varifrån européerna härstammar. Det vanligaste felet är att man tagit gensammansättningen i en nutida förment ursprungspopulation som direkt representativ för den forntida populationen.

Som exempel på detta fel kan nämnas att anta att jordbrukarna som kom till Europa med den neolitiska revolutionen kom från Mellanöstern, och kan representeras av de nutida innevånarna i den regionen. Några har kommit fram till att de flesta av Europas människor härstammar från den invandringen, efter att ha jämfört med befolkningen i Levanten (Libanon, Syrien, Irak). Andra har kommit fram till att väldigt få kom i den vågen, efter jämförelse med beduinerna i den saudiska öknen. Bägge studierna gjorde felaktiga antaganden – den första genom att bortse från alla de invandringsvågor som gått från Europa till Levanten i historisk tid, den andra genom att jämföra med en nomadisk herdebefolkning som genetiskt sett inte är samma population som bönderna i regionen.

Att använda dagens befolkning i Mellanöstern som närmevärde för den forntida för mer än 8000 år sedan, utan någon diskussion om senare förändringar, är oklokt, och att det har kommit i tryck i en vetenskaplig tidskrift gör inte saken bättre. Det finns ju flera folk som har invandrat dit de senaste 5000 åren, en del med okänt ursprung, andra med känt europeiskt ursprung. Inte undra på att man kom fram till att Europas befolkning till nästan 80% överensstämmer med Mellanösterns. Problemet är alltså att forskarna valde att testa en modell för folkvandringar som inte är förenlig med historiska fakta. Därmed saknar analysen bevisvärde. Men detta får väl hänföras till kategorin ungdomssynder för forskningsgrenen ifråga.

Senare har ett fullgott forskningsarbete gjorts, och problemen i de tidiga studierna påvisats. Även flera av de forskare som själva gjort misstag har senare bidragit till att korrigera dem. Detta är ett utmärkt exempel på många saker, till exempel att forskningen går framåt, att forskare strävar efter perfektion, att man inte skall ta några resultat för de slutgiltiga, och att konkurrensen är så knivskarp att forskare kan frestas att ta genvägar för att snabbt få ut resultaten även om forskningen inte riktigt är mogen för det. Sens moral: Läs forskningsresultat kritiskt. Tänk! Är det rimligt? Gjordes de rätta antagandena? Artikelns början är speciellt viktig att lusläsa. Felen ligger kanske inte i de kemiska analyserna, utan i tillämpningen av resultaten inom fält där genetikerna kanske inte var specialister då de påbörjade arbetet?

I det följande skall vi återkomma till själva resultaten, och även diskutera hur frågeställningen bör formuleras.

Kartläggning

När man läser vetenskapliga artiklar om ”fylogeografi”, alltså studiet av folkstammarnas geografi, baserat på genanalys, stöter man i huvudsak på kartor av tre typer: Sådana som visar var proverna tagits (med punkter eller polygoner för att ange en lokaliserad respektive utspridd provtagning), sådana som visar populationsstatistik med hjälp av cirkeldiagram ovanpå en karta, samt kartor med pilar som visar antagna folkvandringar. Endast någon enstaka studie har redovisat tematiska kartor över haplogruppernas fördelning.

Cirkeldiagrammen ger en hyfsad bild av respektive folks genfördelning, men det är inte möjligt att visuellt få en god överblick över en viss haplogrups utbredning. För att få denna överblick presenteras här nedan tematiska kartor, med en karta för varje haplogrupp, för varje förgrening på släktträdet (i mån av tillgång till data). Kartorna redovisas sida vid sida på planscher (Plansch 2-1 och 2-2), och dessutom finns många av dem som figurer i texten i samband med att de diskuteras.

Själva DNA-data finns deponerade på databaser åtkomliga via Internet. Det som ofta inte finns är uppgifter om provets ursprung – för att få det måste man gå till källan, den artikel där undersökningen presenterades. Tyvärr varierar metadata (data om data) från undersökning till undersökning. Oftast anges landet, ibland folkgruppen (stammen), ibland språket, ibland vilken del av landet personen kom ifrån. Graden av geografisk ortbestämning varierar alltså kraftigt, men gemensamt är att ett antal prov tagits från samma population. Det beror givetvis på att man använder den statistiska metoden: Identifiera en population och gör ett urval från den.

I denna metod utgår man från en definition av populationer, för att sedan kontrollera om man hade rätt i att de var distinkta. ”Som man frågar får man svar”, heter det. Vore det inte möjligt, undrar vän av geografi, att istället förutsättningslöst söka efter populationerna bland rådata? Det vill säga koordinatsätta de personer som provtagits (inte alltför exakt, av hänsyn till den personliga integriteten), och sedan analysera data på olika sätt för att hitta gränser och andra strukturer i befolkningsfördelningen? Naturligtvis vore denna geostatistiska metod ett intressant alternativ, och man får väl hoppas att genetikerna tar hjälp av *geostatistik* och inte bara *statistik* i framtida studier.

På många platser är förstås den rumsliga fördelningen av folkgrupper uppenbar, och frågan är bara hur de olika grupperna är släkt, och med vilka. Men på andra platser, som i Skandinavien, är istället frågan i vilken mån det finns genetisk variation som motsvarar de skillnader i dialekt och andra karaktärer som landsbygdsbefolkningen själv ofta är medveten om. I Sverige, Norge, Danmark och Finland skulle ett finmaskigt nät av provtagning av folk ute i bygderna säkert vara den metod som skulle ha störst möjlighet att ge ett meningsfullt resultat. Som vi skall se i det följande kan det mycket väl finnas strukturer i data som dolts av den statistiska metoden, med dess definition av population som liktydigt med invånarna i Sverige. Om man istället jämförde härad för härad skulle resultatet säkerligen bli ett annat, men varför använda sådana indelningar över huvud taget? Varför inte använda de geografiska koordinaterna direkt, som i geostatistiken? Kanske en metod som Kriging kan vara lämplig?

Vid författandet av denna bok var önskemålet att prova att använda Kriging på genetiska data, men dessvärre var det inte

möjligt att få tag i användbara data. Den kartläggning som har gjorts har därför måst baseras på data per land eller region. I slutet av boken skisserar jag ändå hur Kriging skulle kunna användas i framtida studier.⁵

⁵ Kriging har använts i en studie, men då med populationsdata som rådata, alltså "Sverige 12%, Danmark 14%" till exempel; vad jag föreslår är istället att använda de enskilda proven, individerna, som rådata.

Y-kromosomen

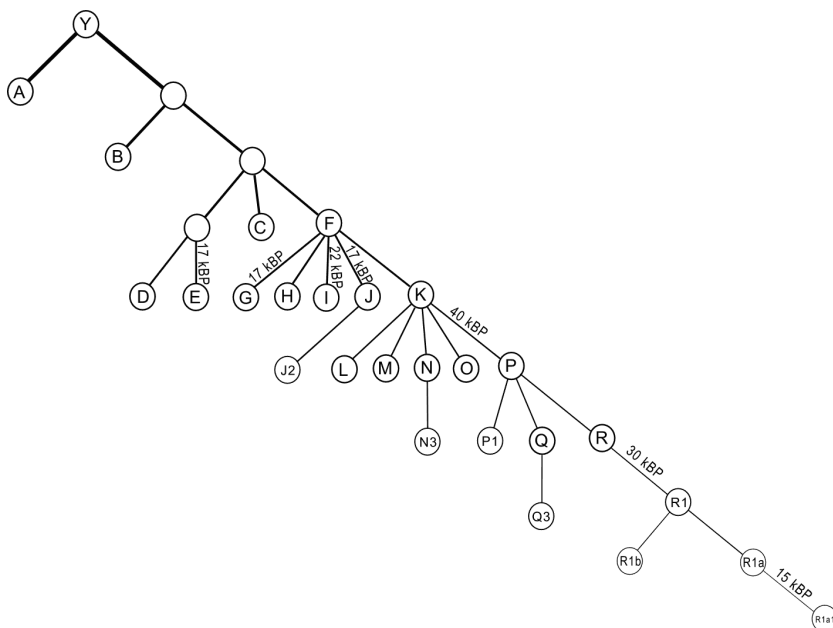
Vi ska först se på männens förhistoria, sedan på kvinnornas. Det beror inte på någon könsdiskriminering, utan på att Y-kromosomen muterar långsammare än mtDNA, och därför berättar om utvecklingen i ett längre tidsperspektiv än den senare. Och kanske med mindre ambivalens, eftersom det visar sig att mtDNA ofta har muterat flera gånger på samma plats i sekvensen, varför släktträdets utseende är mera osäkert.

Dessutom måste man ha i åtanke att de två DNA-sekvenserna inte nödvändigtvis berättar *samma* historia – man kan inte *utgå* ifrån att männens och kvinnornas historia är sammanfallande, utan man måste leda i bevis att män och kvinnor har spritt sig på samma sätt ifall man vill använda det i ett senare skede av argumentationen. Utgångspunkten måste vara att de två typerna av DNA mycket väl kan ha spritt sig på delvis olika sätt och olika vägar, vid olika tidpunkter – inom vissa ramar och gränser.

Som exempel på detta kan nämnas att befolkningen i Belém i Brasilien idag till 59% är ättlingar till indiankvinnor, men samtidigt är de till mindre än 5% ättlingar till indianmän. Detta verkar för övrigt bekräfta studier som kommit fram till att kvinnor från låga socialgrupper, och män från höga socialgrupper, har störst chanser att föra släktet vidare. Liknande sociala och kulturella faktorer måste oundvikligen vägas in vid tolkningen av resultaten.

Släkträd

Ett släkträd för Y-kromosomen publicerades i februari 2002 av The Y Chromosome Consortium (2002)⁶, härnäst förkortat YCC. Förutom att ange ett enhetligt system jämförs det nya systemet med 7 tidigare publicerade, ofullständiga eller tvetydiga system. Grunddragen i släkträdet visas i Figur 2-2, och hela diagrammet i Figur 2-3.



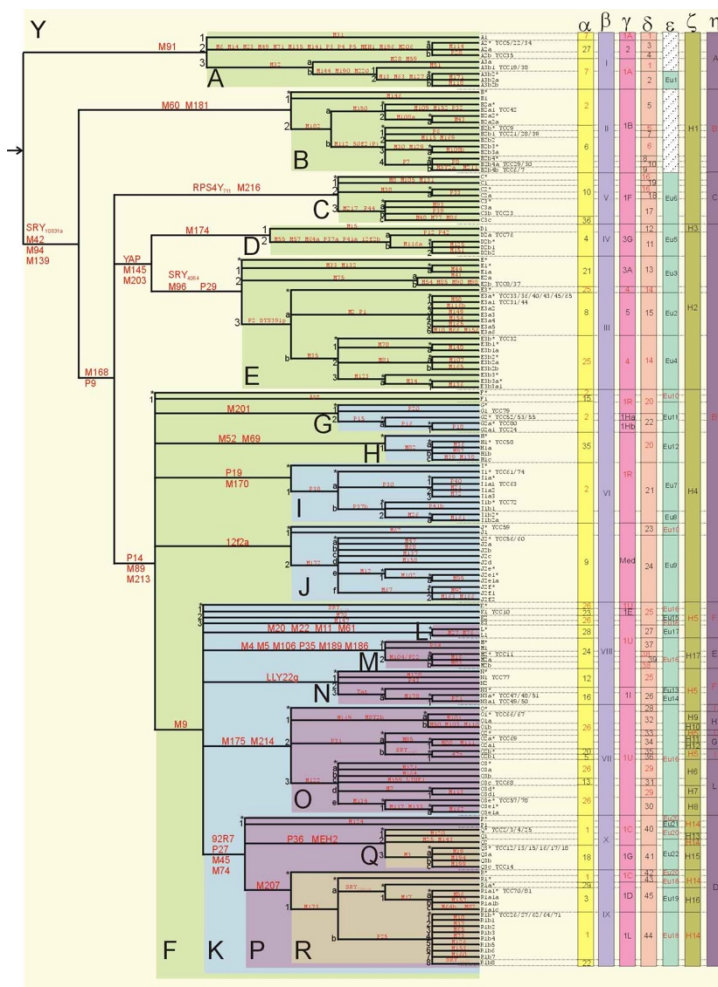
Figur 2-2. Grunddragen, samt vissa för Europa speciellt relevanta grenar, i Y-kromosomens släkträd. Siffrorna anger

⁶ The Y Chromosome Consortium, 2002: A Nomenclature System for the Tree of Human Y-Chromosomal Binary Haplogroups. *Genome*, 12(2): 339-348. (Artikel kan läsas on-line på <http://www.genome.org/cgi/content/full/12/2/339>)

beräknad tidpunkt för mutationen – eller rättare, för den begynnande expansionen av den följande haplogruppen. Utbredningen av de flesta av dessa haplogrupper i Eurasien redovisas i kartform på Plansch 2-1. Data är kompillerade från flera av de i texten citerade artiklarna.

Haplogrupp Y inkluderar samtliga kända linjer. F är en övergrupp som inkluderar flera stora haplogrupper, samt övergruppen K, som i sin tur inkluderar flera stora haplogrupper samt övergruppen P. Störst inom P är R, som dominerar västra Eurasien, samt Q3 som endast finns bland Amerikas indianer. N3 har hög frekvens hos samer (förr: lappar) och andra finsk-ugriska folk. R1b är dominerande i Västeuropa, och R1a1 i Östeuropa; den senare har associerats till indoeuropéernas utbredning och Ukrainas kurgan-kultur. I dominerar i Skandinavien och är även vanlig i Tyskland, medan E, G, H, J och L hör hemma i området Mellanöstern – Kaukasus – Indien. C hör till Sibirien, D till Tibet, M till Oceanien och O till Kina. Detta är naturligtvis en förenkling, men den ger en första grov kartbild.

Européernas DNA från en geografisk perspektiv



Figur 2-3. Släkträd och nomenklatur för människans Y-kromosom enligt YCC (2002)⁶. Huvudhaplogrupperna anges med kapitäl. De röda koderna vid förgreningarna avser mutationer (t.ex. M9). De sju kolumnerna längst till höger visar hur systemet hänger ihop med tidigare system.

Tematiska kartor

I en serie kartor över Eurasien (Plansch 2-1) återges frekvensen av respektive haplogrupp. Fördelen med denna kartläggningssätt är att man snabbt får en överblick över en haplogrups utbredning. Förutsättningen för att det skall vara meningsfullt är givetvis att varje karta endast återger en enda enfylig haplogrupp. Det vill säga, R är meningsfullt eftersom det visar "en släkt", medan en karta över R* visar en del av samma släkt, med vissa delar uteslagna – med andra ord, det är ett okänt antal släkter som samredovisas på en karta.

Med tanke på detta summerades haplogruppdata ihop, så att så många enfyliga haplogrupper som möjligt skapades. Dessa redovisades sedan på en karta över Eurasien. Framställningen av kartan består av två huvudsteg: Att skapa tabellen med haplogruppdata (denna tabell kallas attributdata i GIS-sammanhang – där GIS står för geografiska informationssystem), samt att avgränsa de geografiska områden (så kallade polygoner) som respektive post i attributdatatabellen skall kopplas till.

Visserligen kom den moderna människan från Afrika enligt så gott som samstämmiga forskningsresultat, men ändå redovisas inte Afrika på dessa kartor. Anledningen är dels praktisk (brist på data), dels att Afrika söder om Sahara och Eurasien är relativt isolerade från varandra, jämfört med Eurasien inbördes. Det är just folkrörelserna *inom* Eurasien som är temat.

Attributdata

Data hämtades från följande fem studier:

Helgason *et al.* (2000)⁷: Svenskar, norrmän, danskar, tyskar, islänningar, briter, irländare, skottar, ryssar, italienare, greker. Indelningen i haplogrupper är tyvärr ganska grov, och antalet provtagna personer varierar kraftigt, mellan 12 danskar och 332 italienare, med 106 som medeltal (110 svenskar deltog). Den största nackdelen med det använda systemet för haplogrupper (α i YCC; se Figur 2-3) var att det inte skiljde mellan G och I, och därmed inte kunde skilja mellan neolitiska invandrare till Europa, och Europas äldre ursprungsbefolkning. Man kan heller inte plocka ut vare sig R, R1, R1a, eller R1b.

Karafet *et al.* (2001)⁸: Analyserade tjugofyra folkslag från Öst- och Centralasien, plus att han-kineser ("äktade" kineser) delats upp i en nordlig och en sydlig grupp. Mellan 13 och 147 personer analyserades, i medeltal 55. De använde klassifikationssystem δ enligt YCC. Ingen information om haplogrupp G, H, I eller R1a1.

Qamar *et al.* (2002)⁹: Undersökte tolv folkslag från Pakistan och den av Pakistan ockuperade delen av Kashmir. Antalet

⁷ Helgason, A., Sigurðardóttir, S., Nicholson, J., Sykes, B., Emmeline W. Hill, E.W., Bradley, D.G., Bosnes, V., Gulcher, J.R., Ward, R., & Stefánsson, K., 2000: Estimating Scandinavian and Gaelic Ancestry in the male Settlers of Iceland. *American Journal of Human Genetics*, 67(3): 697-717. (URL: <http://www.journals.uchicago.edu/AJHG/journal/issues/v67n3/001900/001900.html>)

⁸ Karafet, T., Xu, L., Du, R., Wang, W., Feng, S., Wells, R.S., Redd, A.J., Zegura, S.L., & Hammer, M.F., 2001: Paternal Population History of East Asia: Sources, Patterns, and Microevolutionary Processes. *American Journal of Human Genetics*, 69(3): 615-628. (URL: <http://www.journals.uchicago.edu/AJHG/journal/issues/v69n3/013052/013052.html>)

⁹ Qamar, R., Ayub, Q., Mohyuddin, A., Helgason, A., Mazhar, K., Mansoor, A., Zerjal, T., Tyler-Smith, C., & Mehdi, S.Q., 2002: Y-Chromosomal DNA Variation in Pakistan. *American Journal of Human*

individer som analyserades per folk varierade mellan 12 och 122, i medeltal 60. Liksom Helgason *et al.* (2000) använde de system α för klassificeringen.

Semino *et al.* (2000)¹⁰: Analyserade tjugofem grupper från kontinentala Europa och Mellanöstern, ibland per land, men ofta från en del av ett land (Baskien, Sardinien, Udmurt). Mellan 16 och 77 personer per grupp, i genomsnitt 40. Klassificerade i system ε . Systemet ger värden för G, H, I, R1 och R1a1, men inte för R, R1a eller R1b.

Wells *et al.* (2001)¹¹: Dessa analyserade 49 grupper från Eurasien; från Orkneyöarna i väster till Korea i öster, från Norra Ishavet i norr till Indiens sydspets i söder. Fokus låg på Centralasien, och syftet var att ta reda på hur centralasiaterna var besläktade med omkringboende folk. Därför har vissa folk delats upp i regioner, ända upp till 7 geografiska enheter för uzbekerna i Uzbekistan. På andra platser med en multietnisk befolkning, till exempel Samarkand, finns flera populationer

Genetics, 70(5): 1107-1124. (URL <http://www.journals.uchicago.edu/AJHG/journal/contents/v70n5.html>)

¹⁰ Semino, O., Passarino, G., Oefner, P.J., Lin, A.A., Arbuzova, S., Beckman, L.E., de Benedictis, G., Francalacci, P., Kouvatsi, A., Limborska, S., Marcikiae, M., Mika, A., Mika, B., Primorac, D., Santachiara-Benerecetti, A.S., Cavalli-Sforza, L.L., Underhill, P.A., 2000: The Genetic Legacy of Paleolithic *Homo sapiens sapiens* in Extant Europeans: A Y Chromosome Perspective. *Science*, 290: 1155-1159. (URL: <http://www.sciencemag.org>)

¹¹ Wells, R.S., Yuldasheva, N., Ruzibakiev, R., Underhill, P.A., Evseeva, I., Blue-Smith, J., Jin, L., Su, B., Pitchappan, R., Shanmugalakshmi, S., Balakrishnan, K., Read, M., Pearson, N.M., Zerjal, T., Webster, M.T., Zholoshvili, I., Jamarjashvili, E., Gambarov, S., Nikbin, B., Dostiev, A., Aknazarov, O., Zalloua, P., Tsoy, I., Kitaev, M., Mirrakhimov, M., Chariev, A., & Bodmer, W.F., 2001: The Eurasian Heartland: A continental perspective on Y-Chromosome diversity. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 98(18): 10244-10249. (URL <http://www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.171305098>)

från samma plats. I vissa av dessa fall har den utländska befolkningen strukits från kartdatabasen, i andra fall har den fått en liten cirkel eller liknande för att resultatet skall kunna synliggöras. Totalt delade författarna in proven i 49 grupper, med mellan 12 och 129 personer per grupp, i genomsnitt 40. Indelningen i haplogrupper gjordes inte med något av de system som beaktades av YCC, utan genom att ange mutationen (t.ex. "M96"). I de flesta fall kunde denna mutation identifieras på släktträdet, och haplogruppen klassificeras i samma system som de övriga. Liksom i de andra fallen kunde inte vissa haplogrupper särskiljas, till exempel G, J, R och R1a.

Samtliga data sammanställdes i en tabell med procenttal, med klassificering enligt YCC (jämför Figur 2-3). I de fall (Mongoliet, Korea, Tyskland, Storbritannien) då data fanns från två studier, valdes den studie som hade störst statistiskt urval, utom för de haplogrupper som bara hade identifierats i den andra studien. Det uppstod naturligtvis luckor i tabellen för många kombinationer av plats och haplogrupp.

Nyckelkarta

Utgångspunkten var en vektorkarta över världens länder (en generalisering av WDB II). Data som hänförde sig till hela länder kopplades helt enkelt till dessa i det geografiska informationssystemet (GIS). Länder varifrån det fanns flera urval delades upp, och data kopplades till respektive del. Om dessa detaljerade data inte täckte hela landytan, och det fanns andra data som representerade landet som helhet, så användes dessa senare data för restytan.

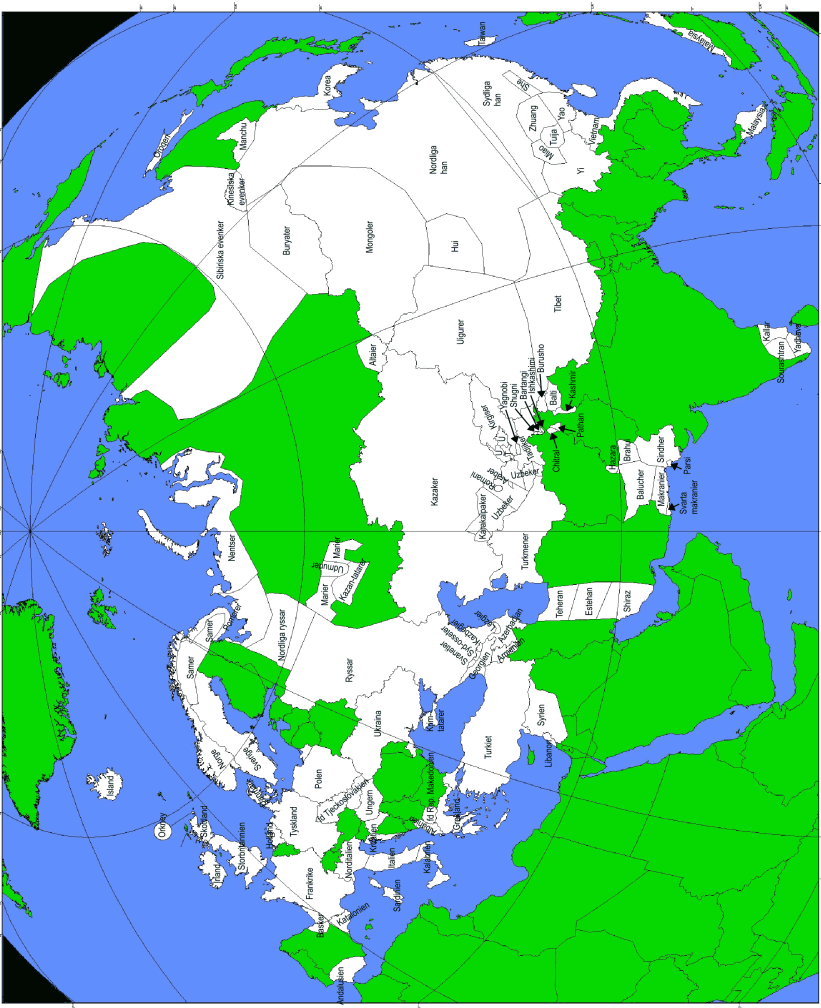
I de fall då urvalet representerade ett folk och inte en namngiven geografisk region, blev det nödvändigt att söka finna en karta över detta folks utbredning (inom det land det gällde; vissa folk finns ju i flera länder, men i data var det

alltid angivet inom vilket land folket provtagits). I de flesta fallen hade folket sitt eget språk, och kunde därför återfinnas i en databas över all världens språk (URL: <http://www.ethnologue.com/>; den listar de 6800 huvudspråken samt 41000 alternativa namn och dialekter).

I några fall, exemplifierat av hui i Kina, rörde det sig om en minoritet av annan etnisk bakgrund som dock talade majoritetsfolkets språk. I dessa fall är det sällan fråga om en territoriell minoritet ("stamfolk"), utan om en etnisk minoritet som är mer eller mindre uppblandad med majoritetsbefolkningen. De lokalisades så gott möjligt med hjälp av sökningar på Internet, och placerades på kartan genom att området där de fanns delades rumsligt med en slumpvis avgränsning mellan de olika folk som delar på området. Till exempel är uigurerna kopplade till provinsen Xinjiang i västligaste Kina, och hui till en del av Kina omedelbart öster om dem, trots att det numera även bor han-kineser i hela det området.

Figur 2-4 visar polygonernas läge och vilket folk de representerar. Observera att en cirkel har lagts till väster om Orkney för att göra det möjligt att se färgen på den ögruppen.

Européernas DNA från en geografiskt perspektiv



Figur 2-4. Nyckelkarta för Y-kromosomdata (gäller även Plansch 2-1). Eftersom data är tagna från flera olika studier, är det lite varierande vad de representerar. Vissa representerar ett slumpvis urval från ett land, men de flesta av

proven representerar ett folk. Många av dessa har ett eget territorium, men inte alla – i det senare fallet är denna karta nödvändig som nyckel för att se vilken polygon som har kopplats till vilket folk. Ortografisk projektion med centrum 45° N, 60° O.

De fylogeografiska kartorna över haplogruppernas fördelning i Eurasien redovisas på Plansch 2-1. Den första raden visar haplogrupperna A, C, D, E och F. Tillsammans med B (som förefaller saknas i Eurasien) representerar de samtliga haplogrupper. A och B är afrikanska haplogrupper, även om det inte framgår av kartorna.

Kommentarer till utbredningskartorna

Haplogrupp C förekommer i ansevärd mängd hos Sibiens jakuter, samt hos kazakerna och mongolerna. På ön Sakhalin öster om Sibirien och norr om Japan finns ett litet folk, Oroqen, som hade 91% haplogrupp C i provet. Med tanke på hur nära släkträdets stam C ligger, kan man gissa att det handlar om en mycket gammal invandring, från långt före istidens maximum. Så hur klarade de istiden i Sibirien? Eftersom frekvensen är högst på Sakhalin kan man hypotetisera att de levde i isolation i ett refugium på den kusten, norr om Korea, och därifrån spred sig västerut då klimatet förbättrades igen. Således hade sibiriska evenker 68%, buryater 60%, mongoler 52% - 59%, och kazaker 40% - 66% beroende på studie. Samtliga dessa talar altaiska språk. Altaerna däremot hade bara 24% – istället hade de en för Asien hög frekvens av R1a (se nedan). Och uigurerna hade inte mer än 7% haplogrupp C, trots att de också talar altaiska språk. Där de ligger på sidenvägen i västligaste Kina är de en blandning av ett flertal folk, men den dominerande haplogruppen är den europeiska R1. Tills för bara ett årtusende sedan talades det där ett indoeuropeiskt språk, men så tog ett turkiskt folk och språk överhanden.

Haplogrupp D har högst värden i Tibet, men har också spritts till angränsande områden i mindre mån. Den ligger på samma gren som följande grupp.

Haplogrupp E har synbarligen sitt centrum i Mellanöstern, i Levanten. Högst frekvens uppvisar Libanon (29% och 32% hos Semino respektive Wells), men samma storleksordning förekommer i Grekland (24% hos Semino, 33% hos Helgason¹²). Aningen lägre frekvens förekommer i norra och centrala Iran (21% - 25%) och i Albanien (21%). Turkiet uppvisar 13%, Sardinien 12%, och Andalusien 10%, medan resten av kontinentala Europa varierar mellan sådär 2% och 8%. Detta är uppenbart en haplogrupp som kommit till Europa efter istiden, från Mellanöstern. Den kan ha kommit dels med den neolitiska revolutionen, dels med handel (fenicierna bodde som bekant i dagens Libanon), dels med de muslimer som ockuperade delar av Spanien under nästan tusen år.

Haplogrupp F har frekvenser på långt över 50% hos de flesta provtagna folk i Eurasien. Enda undantaget är de där C eller D dominerar (altaiska respektive tibetanska folk). Det betyder att F dominerar över hela Europa och över ungefär halva Asien till ytan räknat. Räknat i folkmängd är dock F totalt dominerande även i Asien. Den kartbild vi ser för F är resultatet av många tiotusentals år av befolkningsutveckling, med expansion över stora områden. Hur denna expansion gått till går inte att säga utan mera detaljerade analyser. Som ett första steg går vi därför in och tittar på undergrupperna till F, vilka återfinns i nästa rad av planschen.

Haplogrupp G kan bara identifieras i en av de nämnda studierna, och i den har G högst frekvens i Georgien med 30%. Därefter följer Sardinien med 14%, centrala norra Italien med 10%, Katalonien och Kalabrien båda med 8%, samt Turkiet med 7%. Inga data fanns från Iran, men å andra sidan fanns där uppgifter för H, I och J2, förutom F och K. Det

¹² Visserligen för haplogruppen DE, men D förekommer ju inte annars i Europa så det kan nog med stor sannolikhet föras helt till E.

betyder att frekvensen av G + J1 (samt J*) kan beräknas, och den visar sig vara kring 40%. Nu finns förmodligen J1 i Iran, men man kan ändå gissa att andelen G är avsevärd också. Andelen i Grekland låg, under 3%. Semino *et al.* (2000) tolkade G (jämför E, F1 och J) som indikatorer på invandring från Mellanöstern under neolitikum.

Haplogrupp H har högst frekvens hos yadhava (ett dravidiskt folk) i södra Indien, 19%. Därefter följer de andra två sydindiska folken (ett av vilka är nyligen indoeuropeiska invandrare), och därefter romani (förr: zigenare) i Uzbekistan och tadjiker i Dusjanbe i Tadjikistan; bägge de senare har 13% H. Däremot hade tadjikerna i Khoiant 0% H. Man kan gissa att haplogruppen kommer från Indien eller Sydostasien (från det senare området fanns inga data).

Haplogrupp I uppvisar högst frekvens hos kroaterna, 45%, tätt följda av samerna (förr: lappar) med 42% enligt samma studie (Semino *et al.* 2000). Tyskland och Sardinien låg båda kring 38%, medan Kalabrien hade exakt 0%. Samernas språkfränder udmurterna (förr: votjaker) och marierna (förr: tjeremisser), som bor kring Volgakröken, hade endast 7% respektive 4%. Från Skandinavien fanns inga data, men åter om detta senare.

Haplogrupp J fanns endast redovisat från undersökningar i Asien. Därför presenteras istället J2 på Plansch 2-1, för att få lite europeiska data. Den i särklass högsta frekvensen återfanns hos det sydkaukasiska folket kazbegi i norra Georgien, vilka uppvisade 72% J2. Grannfolket svaneterna hade 0%. Näst högst var istället azererna i Azerbajdzjan med 48%, och folk i Turkiet med 40%. Även i Libanon var talen höga, kring 30%, liksom i Tadjikistan. Detta placerar J i ungefär samma del av världen som haplogrupp G.

Haplogrupp K, slutligen, är den i särklass största undergruppen till F. Fördelningen av K i Eurasien uppvisar flera lokala centra, vars tillblivelse kan bero på flera faktorer. Dessa centra – som de framgår av de tillgängliga data – är Kina, Tadjikistan, folken kring Uralbergen, Baskien, samt gaelerna på Brittiska Öarna. Liksom fallet var med F måste

man se på underhaplogrupperna för att upptäcka något meningsfullt mönster i kartbilden. Men först en sammanfattning av F.

F inhyser som sagt haplogrupperna G, H, I, J och K. Tyvärr finns endast data för F och K från Skandinavien. Dessa data visar att majoriteten av de provtagna personerna tillhörde F men inte K. Denna differens har plottats som "F minus K" på Plansch 2-1. Detta är det enda undantaget, den enda karta som är flerfyllig. Orsaken till undantaget är att det är det enda sättet att åskådliggöra den haplogrupp som dominerar i Sverige. Logiskt sett är det en okänd blandning av F*, G, H, I och J, men eftersom vi ser att svenskarnas grannar (tyskar, samer...) av dessa haplogrupper endast har I, så kan vi förmoda att nästan hela den andelen om 54% för Sveriges del representerar I (i Norge 51%). Kartans andra mörka område, Mindre Asien, representerar en blandning av G, I och J, med betoning på J.

Därmed över till haplogrupperna under K.

Haplogrupp L har sitt högsta värde hos de dravidisktalande kallarerna i delstaten Tamil Nadu i södra Indien, med 48%. Eftersom även balucherna i Pakistan har höga värden (29%) får man förmoda att haplogruppen har sitt ursprung hos de dravidiska folken i Indien. Endast i Kalabrien, Andalusien, Ungern och Grekland påträffades personer med denna haplogrupp i Europa (frekvens 5%, 3%, 2%, respektive 1%).

Eftersom inga data fanns från haplogrupp M i Europa, och alla data från östra Asien hade värdet 0 (noll) utom Malaysia med 3%, så visas inte denna karta. Enligt Su et al. (1999)¹³ är detta en exklusivt Oceanisk haplogrupp.

¹³ Su, B., Xiao, J., Underhill, P., Deka, R., Zhang, W., Akey, J., Huang, W., Shen, D., Lu, D., Luo, J., Chu, J., Tan, J., Shen, P., Davis, R., Cavalli-Sforza, L., Chakraborty, R., Xiong, M., Du, R., Oefner, P., Chen, Z., & Jin, L., 1999: Y-Chromosome Evidence for a Northward Migration of Modern

Även haplogruppen N led av brist på data, medan däremot dess undergrupp N3 var bättre representerad. Eftersom N3 är karaktärshaplogrupp för samerna (ca 40%) visas den kartan istället. Allra högst frekvens hade N3 hos marierna vid Volga, med 70%. Även buryaterna i Sibirien hade ganska höga värden, 28%.

Haplogruppen O är av allt att döma centrerad i södra Kina, där frekvensen når 100% hos folken zhuang och she. På Taiwan och i Korea är frekvenserna över 80%, hos kineser, vietnameser och malaysier mellan 70 och 80%. Man kan uppskatta att uppåt en miljard människor har denna haplogrupp.

Den sista haplogruppen under K är P, bildad för cirka fyrtio tusen år sedan. Det är också den sista fullständiga kartan i serien. Det högsta värdet för P noterades från Orkneyöarna: 92%. Nästan lika höga värden noterades i spanska Baskien, med 89%. Därefter följer dels Skottland och Irland, dels Kashmir, med ca 83%. Denna haplogrupp har en vidsträckt utbredning, med höga frekvenser från Brittiska Öarna i väster till Amerikas indianer i öster.

Underhaplogruppen P1 har däremot en mycket begränsad spridning. Endast hos romani i Uzbekistan dominerar den, med 53% (av det undersökta materialet; som alltid måste man reservera sig för att man kan ha missat en verklig "hot spot"). Bartangi i Tadzjikistan har 17%, de dravidisktalande yadhava i Tamil Nadu samt tadjjiker i Khoiant i Tadzjikistan följer med 9% (de senare har 64% R1a1). Haplotypen förefaller höra hemma i Centralasien (antikens Baktrien och Sogdiana), eller – troligare – i det icke provtagna området i norra Indien.

Haplogrupp Q är intressant framför allt genom sin undergrupp Q3, vilken dominerar bland Amerikas indianer. I Eurasien har Q en östlig utbredning, och låga frekvenser.

Huvuddelen av P utgörs av R, och eftersom data för R saknas från många platser kan man därför tjuvtitta på kartan för P istället. Därför har heller inte någon karta gjorts för R.

R domineras dessutom helt av sin underhaplogrupp R1, vilken beräknas ha bildats för cirka trettio tusen år sedan. R1 består i sin tur av R1a och R1b, vilka dominerar i Östeuropa respektive Västeuropa. R1a i sin tur är i huvudsak representerad av R1a1, och det är denna som har kopplats samman med indoeuropeernas expansion österut.

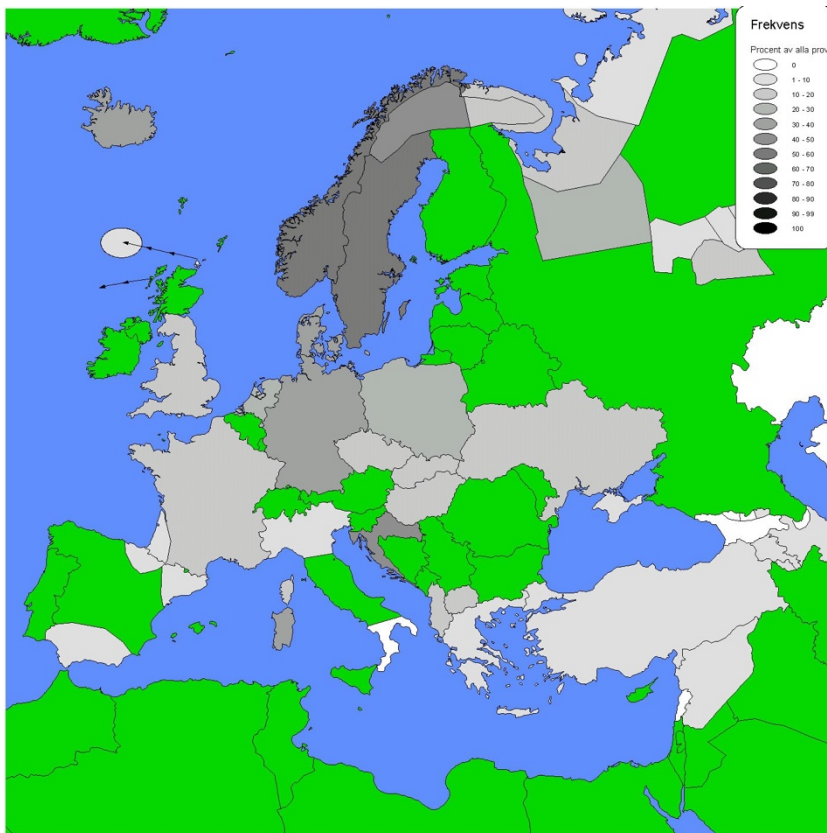
Europas dominerande haplogrupper

Tre haplogrupper dominerar i Europa, och samtliga kom till kontinenten före nedisningsmaximat (det var som kallast för ca 25000-15000 år sedan). Figur 2-5 visar haplogrupp I, den som dominerar i Skandinavien.

Även om I dominerar i nordligaste Europa, så dominerar en annan haplogrupp på "kontinenten", nämligen R1. Den är emellertid uppdelad på två typer, R1b och R1a1, med klart olika utbredning (Figur 2-6 respektive 2-7).

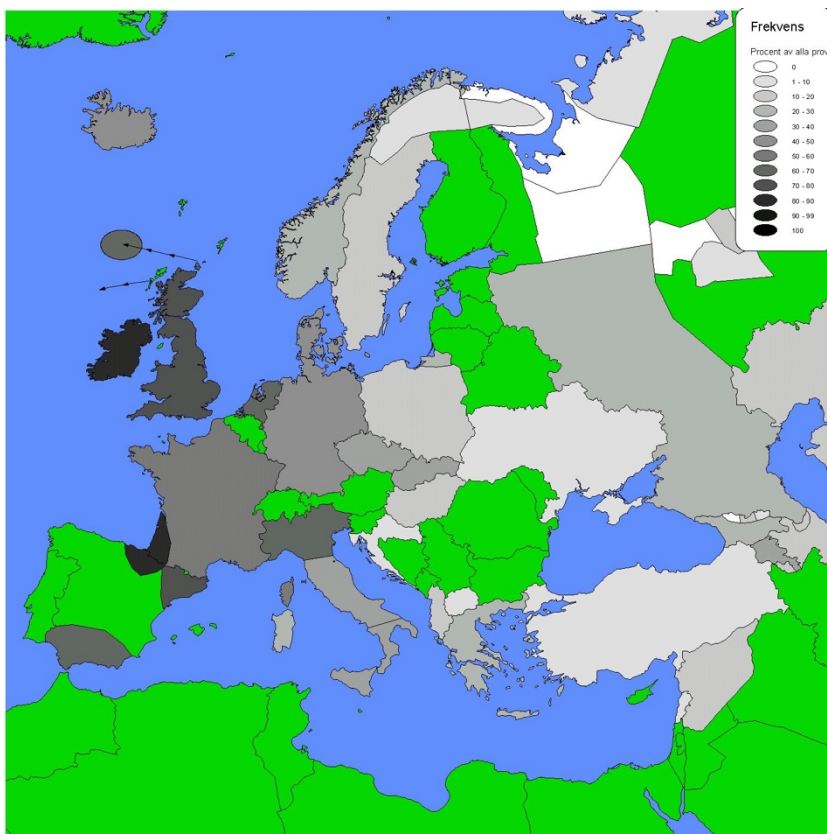
Frekvenserna av R1b i Figur 2-6 är beräknade genom att subtrahera R1a1 från P. Eftersom ingen Q verkar finnas i Europa, så motsvarar det ungefär att subtrahera R1a1 från R (jämför Figur 2-2). Frekvensen av R1* och R1a* är låga men inte noll. De mörkare tonerna i Ryssland och Armenien kan orsakas av dessa, snarare än av R1b. Därför kan man inte enbart utifrån denna karta dra några slutsatser om att västeuropeer dragit till Asien. Dock finns det direkta mätningar från Centralasien, som visar att Kinas uigurer har 17% R1b. Eftersom uigurererna assimilerat den tidigare indoeuropeiska befolkningen (nu kallade tokharer), och tokhariskan är släkt med armeniskan (och germanska språk), så kan man dock med

visst fog misstänka att den mörka gråtonen i Armenien också verkligen orsakas – åtminstone delvis – av R1b.



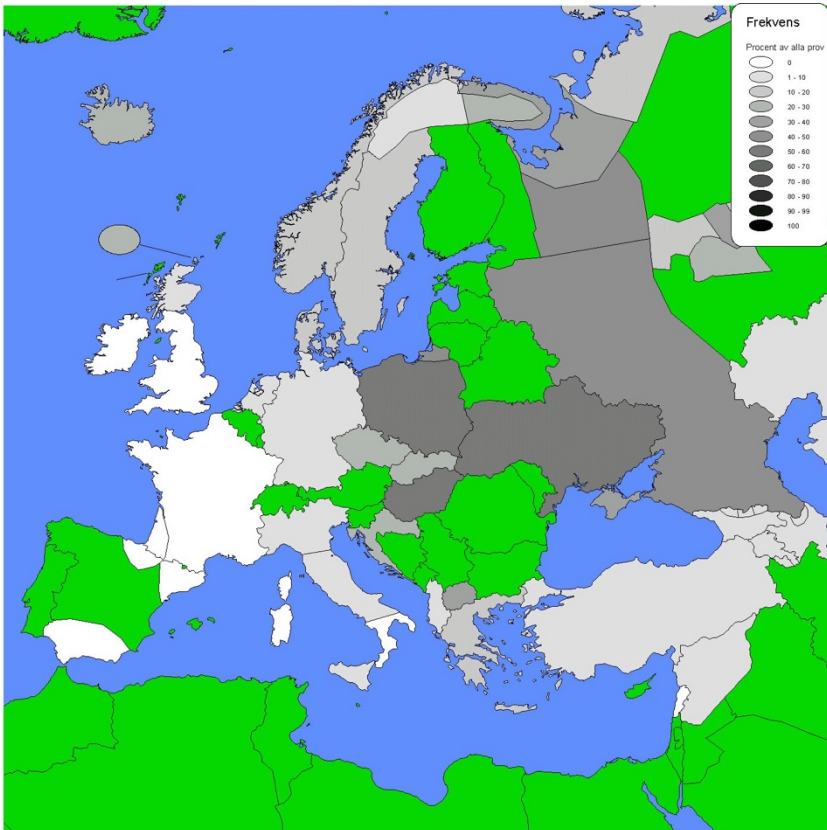
Figur 2-5. Frekvensen av haplogrupp I i Europa och Mindre Asien. För de nordiska länderna redovisas alla haplotyper av typ F som inte är typ K, eftersom data antyder att frekvensen av F1, G, H och J är försumbar ($I \approx F - K$). Högst frekvens har Sverige med 53%, följt av Norge, Kroatien, skandinaviska samer, Sardinien och Tyskland. Sardinien domineras dock helt av haplotyp I1b2, vilken de delar endast med Baskien.

Kalabrien har 0% I. Ortografisk projektion med centrum 45° N, 15° O.



Figur 2-6. En approximation av utbredningen av haplogrupp R1b (se texten för beskrivning). Högst frekvens återfinns hos baskerna, följt av Irland.

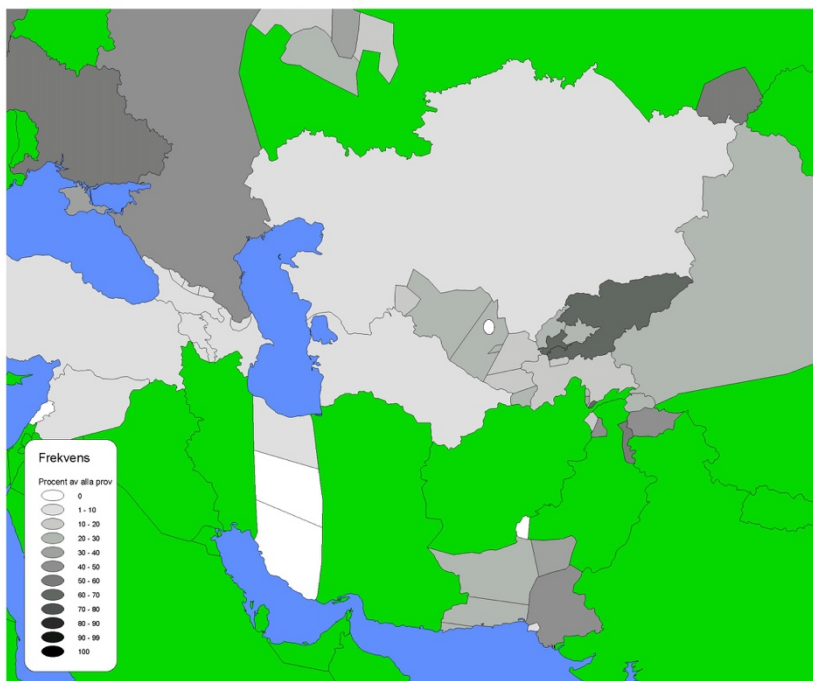
Européernas DNA från en geografiskt perspektiv



Figur 2-7. Frekvensen av R1a1. Högst andel på denna kartbild har Ungern med 60%, följt av Polen med 56% och Ukraina med 54%. Jämför också nästa figur.

Trots att frekvensen av R1a1 är något högre bland vissa folk i Centralasien än i Östeuropa, menade forskarna bakom studien ändå att Ukraina var detta folks urhem, eftersom flest varianter av R1a1 fanns där. Centralasien var dels den väg

indoeuropeerna kom in i Indien, på den tiden då Indus-kulturen¹⁴ florerade i det som nu är södra Pakistan. Det nordligaste dravidisktalande folket finns i denna trakt. Dessa brahuier har uppåt 39% av R1a1. Det är lika mycket som det sydligaste indoeuropeisktalande folket i södra Indien, sourashtran. Siffrorna visar hur folken blandats upp med sina grannar på respektive plats.



Figur 2-8. Frekvensen av R1a1 i Centralasien. Ishkashimi i Tadjikistan (en liten folkspillra på gränsen till Afghanistan)

¹⁴ Den kallas även "Sarasvati-Sindhu-kulturen". Sarasvati är en numera uttorkad flod, och Sindhu är hindi-namnet för Indus.

har hela 68%, vilket kan vara en följd av genetisk drift. De är dock tätt följda av tadzjiker i distriktet Khoiant med 64%, och kirgiser i hela Kirgistan med 63%. I Pakistan har kashmirerna 58% och sindhi 49% – och, anmärkningsvärt, det tibetisktalande folket balti högt i Himalaya har 46%.

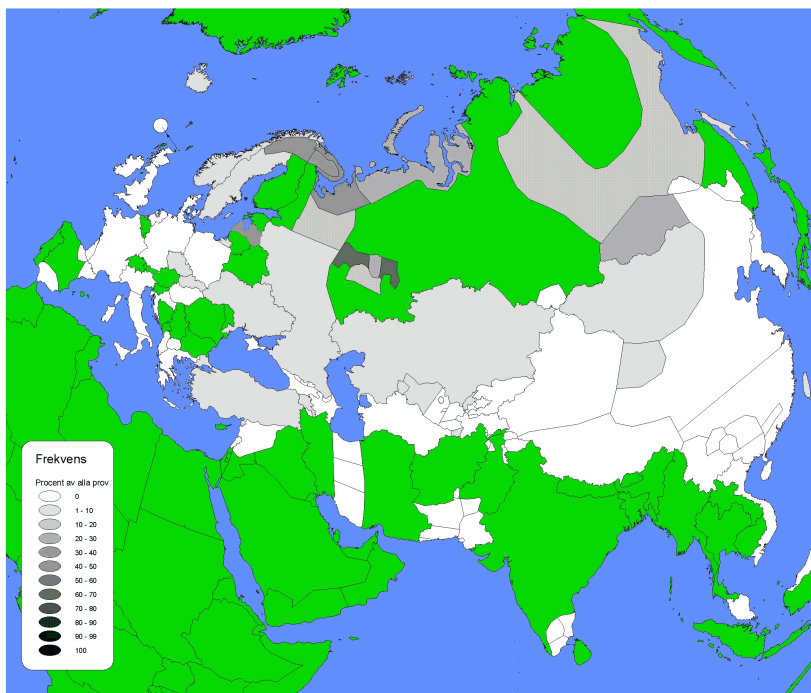
Samtidigt som de dravidisktalande brahuierna har 39% R1a1, har de indoeuropeisktalande hazarerna i Pakistan 0%. Deras egen mytologi säger att de härstammar från Djingis khans armé, och det faktum att de har 30% C antyder att det är möjligt. Vad det visar är hur lite språket säger om ett folks ursprung.

En nykomling från Sibirien: N3

Av kartan i Figur 2-9 framgår att haplotyp N3 är koncentrerad till samma område där finsk-ugriska och besläktade språk talas.

Lahermo *et al.* (1999)¹⁵, kom fram till att N3-mutationen (*Tat polymorfism*) är ca 4440 år gammal (95% konfidensintervall är 3140 – 6200 år). De fann att den saknas hos ungrarna, och är vanligast hos khanterna (som bor i västra Sibirien, kring nedre – alltså norra – Ob). Hos letterna finns N3 med 30%. På kartan i figuren är frekvensen högst hos marierna (förr tjeremisser; vid Volga), med 70%.

¹⁵ Lahermo, P., Savontaus, M.L., Sistonen, P., Beres, J., de Knijff, P., Aula, P., & Sajantila, A., 1999: Y chromosomal polymorphisms reveal founding lineages in the Finns and the Saami. *European Journal of Human Genetics*, 7(4): 447-458.



Figur 2-9. Frekvens av Y-haplogrupp N3.

Utbredningsmönstret i kombination med mutationens ringa ålder talar för att vi här står inför en tydlig expansion i relativt sen förhistorisk tid.

Samerna (förmodligen avses de skandinaviska) har knappt 42% N3 enligt Semino *et al.* (2000), alltså inte så hemskt mycket mer än letterna. Man kan förvänta att esterna borde ha lika mycket eller mer N3 än letterna, med tanke på att esterna är rent finskugrisktalande, medan Lettland historiskt består av

en blandning av diverse finsk-ugriska grupper (liver, kurer, etc.) och de baltiska letterna (latgaller, semgaller, etc.).

I Sverige finns N3 med dryga 7%, i Norge med under 3%, enligt Helgason *et al.* (2000). Dessa värden avser med all sannolikhet majoritetsbefolkningen i den södra halvan av respektive land. Varför skulle Sverige ha så mycket mer N3 än Norge, om källan var samerna? Vi kan nog lugnt anta att det inte är från samerna som svenskarna har fått N3-haplotypen, utan från andra sidan Östersjön.

Emellertid, låt oss inte gå resonemangen i förväg nu. Senare i boken skall vi se lite på hur haplogrupperna kan ha spridits, och hur landet kan ha befolkats. Detta kommer att ligga till grund för ett försök att göra en förhistorisk historieskrivning i senare böcker. Men här och nu skall vi titta på släktskap på mödernet, som det återspeglas av mtDNA.

Mitokondrie-DNA

Mutationshastigheten för mtDNA är hög, vilket har resulterat i att en lång rad neutrala variationer i koden har ackumulerats. Det genomsnittliga antalet skillnader i mtDNA mellan två individer har uppskattats vara mellan 9,5 och 66. De neutrala variationerna varierar med befolkningsgrupp, och kan därför användas för att studera släktskap. Variationerna har ackumulerats i olika serier längs olika grenar av släktträdet från en gemensam anmoder. Samtidigt som den genetiska koden har förgrenats på detta sätt, har folkgrupperna avskiljts från varandra genom folkvandringar till andra delar av världen – eller därför att en skiftande natur har separerat dem med inlandsisar, hav, öknar och så vidare. De kvinnor som var grundare av en ny population gav det folket en viss uppsättning ursprungliga mtDNA-haplotyper, som nu återspeglas i form av grupper av besläktade mtDNA-haplotyper. Är dessa grupper närbesläktade så är det troligt att de respektive anmödrarna var från samma population; är de däremot väldigt olika, så kan de återspegla olika invandringsvågor till samma trakt. Men samma situation kan uppkomma om det invandrade folket i sig var en blandning av två grupper från olika delar av släktträdet.

Släktträd

Den mest variabla regionen i människans mitokondrie-DNA är D-slingan, och de flesta polymorfa ('mångformade') ställen i denna slinga är koncentrerade i två så kallade hypervariabla segment, HVS1 och HVS2, som nämndes inledningsvis. Den övervägande delen av DNA-sekvensdata som har publicerats

är begränsade till HVS1. Dessutom har analyser av släktskap gjorts genom att dela upp DNA-molekylen i fragment och se hur dessas längd varierar (RFLP, restriction fragment length polymorphisms).¹⁶

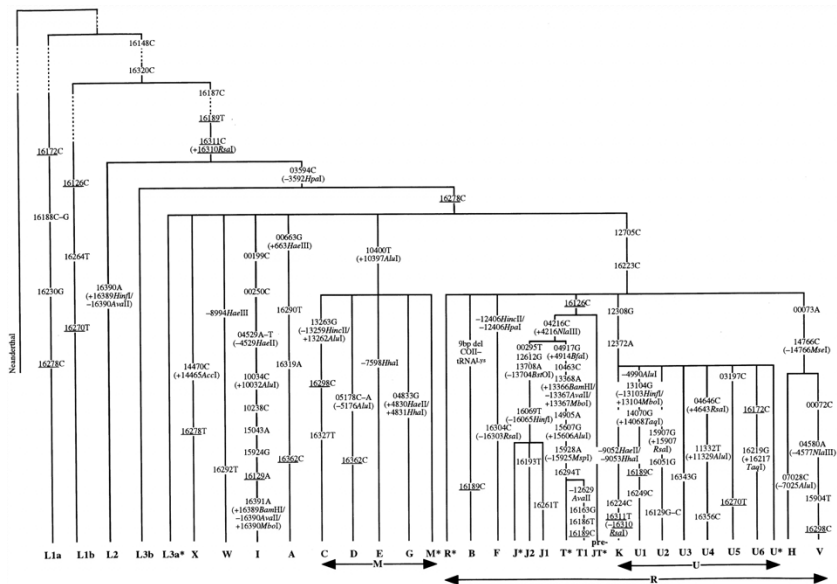
Kodnings- och klassifikationssystemet för mtDNA-haplogrupper bygger på kapitäler som betecknar grupper av närbesläktade haplotyper. Systemet är liknande som för Y-haplogrupper, men de har inget med varandra att göra, och när det gäller mtDNA finns det ingen logisk ordning i systemet. Det har växt fram beroende på slumpen. Att A, B, C och D är haplogrupper hos Amerikas indianer är till exempel en effekt av att systemet skapades i en undersökning i USA. Först senare har det klarlagts hur dessa är släkt med varandra. Systemet vidareutvecklades i en europeisk studie på svenskar, finnar och italienare, och då lades till exempel T, U, V, W och X till.

¹⁶ En bra källa till vidare referenser är Kap. 2 i: Finnilä, S., 2000: *Phylogenetic analysis of mitochondrial DNA – Detection of mutations in patients with occipital stroke*. Oulu Universitet, Uleåborg. ISBN 951-42-5567-4. (Länk: <http://herkules.oulu.fi/isbn9514255674/html/x367.html>)

[illegible]

44

Tio haplogrupper stod för nästan alla varianter av mtDNA bland dessa folk. Ungefär 99% av variationen representerades av haplogrupperna H, I, J, K, M, T, U, V, W och X, enligt Torroni *et al.* (1996).¹⁷ Som framgår av Figur 2-10 har dock forskarnas syn på släktträdet förändrats en hel del sedan dess, och vi kan säkert förvänta oss ytterligare förändringar inom de närmaste åren. Till exempel är K nu en undergrupp till U, som delats upp i många varianter som skiljs med en siffra.



Figur 2-11. Haplotyper för mtDNA förankrat i en neandertalsekvens. De flesta data som trädet baseras på är från européer, varför de afrikanska grenarna (L) är väldigt

¹⁷ Torroni, A., Huoponen, K., Francalacci, P., Petrozzi, M., Morelli, L., Scozzari, R., Obinu, D., Savontaus, M.L., & Wallace, D.C., 1996: Classification of European mtDNAs from an analysis of three European populations. *Genetics* 144: 1835-1850.

förenklade – i verkligheten finns mycket mer variation i Afrika än i Europa. Från Macaulay et al. (1999).¹⁸

I Europa är haplogrupp H i särklass vanligast – hälften av alla européer har den. Även J, T, K och U är vanliga, och representerade hos samtliga europeiska folk. De övriga (I, V, W och X) är vitt spridda i låga frekvenser, men med lokala koncentrationer.

Ungefär 76% av alla afrikanska mtDNA-sekvenser hör till haplogrupp L1 eller L2 (se Figur 2-11). Omkring 55% av östasiaterna och sibirierarna hör till övergrupp M (som inkluderar undergrupperna C, D, E, G), medan de flesta övriga har A, B eller F. I stort sett alla indianers mtDNA faller in i någon av haplogrupperna A, B, C, eller D, men i Nordamerika finns även några procent av X.

Brasklappar beträffande användningen av mtDNA

Mitokondrie-DNA muterar snabbt, och antalet baspar i HVS1 är ganska litet. Det har lett till att vissa positioner har muterat flera gånger i människans senare historia (de senaste 50 tusen åren eller så). Det leder i sin tur till att det kan vara svårt att veta hur släkträdets ser ut, eftersom en viss haplotyp ibland lika väl kan vara en kvist på den ena grenen som på den andra grenen. Eftersom kartorna baseras på ett antal olika artiklar, så kan det dessutom hända att vissa haplotyper också har klassificerats olika i olika studier.

¹⁸ Macaulay, V., Richards, M., Hickey, E., Vega, E., Cruciani, F., Guida, V., Scozzari, R., Bonn -Tamir, B., Sykes, B., Torroni, A., 1999: The Emerging Tree of West Eurasian mtDNAs: A Synthesis of Control-Region Sequences and RFLPs. *American Journal of Human Genetics*, 64:232-249.

Vissa haplotyper som är helt lika i HVS1, hör ändå inte till samma gren och kvist på släktträdet. De kan skilja sig i andra delar, och slumpen kan ha gjort att mutationerna lett till samma haplotyp via olika vägar. I sådana fall måste man göra ytterligare analyser för att kunna tilldela en otvetydig haplogrupp.

Det är också något osäkert, när det gäller mtDNA, hur olika haplotyper och haplogrupper är besläktade med varandra. Huvuddragen är förmodligen riktiga, men lika sannolikt är det att detaljerna kommer att måsta ritas om många gånger framöver.

Ett annat antagande som ligger bakom användandet av mtDNA för att studera människans släktskap är att de variationer man tittar på inte påverkats av det naturliga urvalet. En nyligen publicerad artikel påstår emellertid att det antagandet inte är riktigt riktigt, så att säga (se faktaruta).

Naturligt urval av mtDNA Mitokondrie-DNA kodar 13 polypeptider som behövs i ämnesomsättningen, alltså omvandlingen av kalorier i födan till ATP, musklernas "drivmedel". Eftersom vi är varmblodiga så måste en del kalorier också gå till att upprätthålla kroppstemperaturen. Om verkningsgraden är låg i omsättningen av kalorier till ATP, så går mera av födan till att höja kroppstemperaturen. Det är en fördel för folk i kalla klimat. Om en mutation uppstår som ökar individens överlevnadsvärde, så kommer den haplogrupp i vilken mutationen skedde att öka i frekvens, eftersom ingen omkombinering sker av mtDNA. Och eftersom mtDNA förmodligen är den viktigaste metoden för att anpassa sig genetiskt till ändringar i klimat eller föda, så följer det att man borde kunna förvänta sig en samvariation av haplotyp och klimat som ett resultat av det naturliga urvalet, även om man klassificerar haplotyperna efter de neutrala mutationerna.

Detta har påpekats helt nyligen av Mishmar *et al.* (2003)¹⁹. De visade även att det fanns klara globala skillnader i mutationsfrekvens. Till exempel har arktiska folk hög frekvens av icke-neutrale mutationer i genen för aminosyran ATP6, medan europeiska folk har hög mutationsfrekvens i genen för Cytb, och tropiska folk i genen för ND3. Detta betyder att en hel del av den storskaliga variationen i haplogrupperfrekvens kan bero på klimatet. Det finns redan bevis för att de olika haplogrupperna är funktionellt olika. Haplogrupp T är associerad med minskad spermierörlighet hos europeiska män, och J är associerad med högre livslängd i Europa. Det följer också av detta, att om folk byter klimat och eller diet, så kan en "missanpassad mitokondrie" ge upphov till fenomen som övervikt och hjärt-kärlsjukdomar enligt forskarrapporten. De utfärdar också en varningsflagga för att denna effekt kan göra att tidigare beräkningar av tidpunkten för människans spridning kan behöva revideras. Eftersom inga nya data framkommit som tagit denna rapport i beaktande, så redovisas här de tidigare beräkningarna, dock med denna brasklapp.

Nå, om urvalet verkar så faller ju hela premissen för att använda DNA. Hela? Nej, inte riktigt, för fortfarande kan man kartera skillnaderna. Beräkningar av befolkningstäthet i forntiden och liknande kanske man skall akta sig för, men att objektivt kartera släktskap i nutiden kan man naturligtvis fortfarande göra. Och fortfarande kan det ge upplysningar om folkförflyttningar i nära förhistorisk tid, på kortare sikt än det naturliga urvalet hinner verka effektivt.

¹⁹ Mishmar, D., Ruiz-Pesini, E., Golik, P., Macaulay, V., Clark, A.G., Hesseini, S., Brandon, M., Easley, K., Chen, E., Brown, M.D., Sukernik, R.I., Olckers, A. & Wallace, D.C., 2003: Natural selection shaped regional mtDNA variation in humans. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 100(1): 171-176. Online på <http://www.pnas.org/cgi/content/full/100/1/171>

Tematiska kartor

För att få en bättre rumslig bild av utbredningen av haplogrupper förfors på samma sätt som med Y-kromosomdata. En databas sammanställdes från olika studier, och tematiska kartor framställdes.

Attributdata

Följande artiklar har använts som källor för mtDNA-data:

Helgason *et al.* (2001)²⁰ undersökte varifrån Islands kvinnor kommit. De rapporterade dels data från små områden som Orkney och Hebriderna, dels sammanslagna data från stora områden som Skandinavien, Bulgarien plus Turkiet, Frankrike plus Italien, etc. Sammanlagt hade de data från 15 geografiska områden av mycket varierande storlek och heterogenitet, och med mellan 102 och 891 personer per område, i genomsnitt 331.

Torroni *et al.* (1996)²¹ analyserade DNA från 49 finnar, 37 svenskar och 48 italienare från Toscana, den region där etruskerna levde.

Finnilä *et al.* (2001)²² undersökte 480 personer hemmahörande i norra Österbotten, mellersta Österbotten,

²⁰ Helgason, A., Hickey, E., Goodacre, S., Bosnes, V., Stefánsson, K., Ward, R., & Sykes, B., 2001: mtDNA and the Islands of the North Atlantic: Estimating the Proportions of Norse and Gaelic Ancestry. *American Journal of Human Genetics*, 68(3): 723-737.

²¹ Torroni, A., Huoponen, K., Francalacci, P., Petrozzi, M., Morelli, L., Scozzari, R., Obinu, D., Savontaus, M.-L., & Wallace, D.C., 1996: Classification of European mtDNAs From an Analysis of Three European Populations. *Genetics*, 144: 1835-1850.

²² Finnilä, S., Lehtonen, M.S., & Majamaa, K., 2001: Phylogenetic Network for European mtDNA. *American Journal of Human Genetics*, 68(6): 1475-1484.

Kajanaland (Kainuu) och norra Savolax (Savo). På kartan visas de som "N Finland".

Pereira *et al.* (2000)²³ undersökte 100 personer från norra Portugal, 82 från mellersta, samt 59 från södra delen av landet. I databasen slogs de ihop till 241 personer från Portugal (med undantag för kartan över T1).

Macaulay *et al.* (1999)¹⁸ undersökte 50 adygier, ett nordkaukasiskt folk i sydligaste Ryssland, samt 45 druser samplade i norra delen av nuvarande Israel. Eftersom de flesta druser bor i södra Libanon (och en del i Syrien) placerades deras data på Libanon snarare än på Israel (dessa data är endast med på några av kartorna).

Richards *et al.* (2000)²⁴ undersökte ett antal folkgrupper i nordöstra Afrika och i Mellanöstern, och jämförde dem med geografiskt sammanslagna data från olika geografiska regioner i Europa. Bland folkgrupperna som undersökts kan nämnas nubier, beduiner (de som egyptierna kallar "araber"), egyptier, palestinier, syrier, irakier, jemeniter, kurder och turkar. Somliga data är kompillerade från andra studier. Antalet individer per population som undersökts varierar mellan 29 och 456, med ett medel av 171. Dessutom var Iran med, men med endast 12 undersökta individer måste data därifrån betraktas som exempel, inte som ett statistiskt urval (det enda som kan sägas om Iran är att haplogrupp H sannolikt dominerar).

²³ Pereira, L., Prata, M.J., & Amorim, A., 2000: Diversity of mtDNA lineages in Portugal: not a genetic edge of European variation. *Annals of Human Genetics*, 64: 491-506.

²⁴ Richards, M., Macaulay, V., Hickey, E., *et al.*, 2000: Tracing European Founder Lineages in the Near Eastern mtDNA Pool. *American Journal of Human Genetics*, 67: 1251-1276. (Se också: Richards, M., Macaulay, V., Torroni, A., Bandelt, H-J., 2002: In Search of Geographical Patterns in European Mitochondrial DNA. *American Journal of Human Genetics*, 71: 1168-1174.)

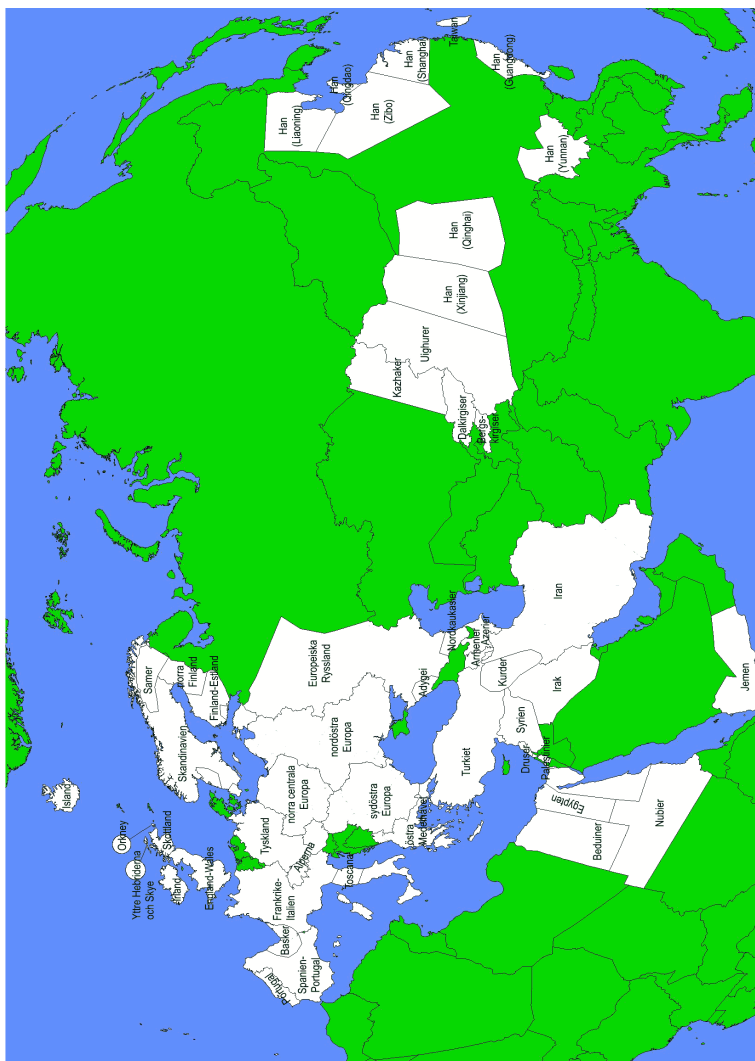
Kittles *et al.* (1999)²⁵ redovisade en undersökning av både NRY och mtDNA från finnar, från skåningar från Lund, från vita amerikaner, samt från två indianstammar i USA. Från deras appendix gick det att få fram haplogruppfördelningen för mtDNA för skåningarna, och dessa data har använts (28 individer). Det skall påpekas att det finns några tryckfel i artikeln (muntlig uppgift från Rick A. Kittles); deras position 19 motsvarar position 16042 i Cambridge Reference Sequence, inte 16043 som det står i artikeln. Vidare var det 45 skåningar som provtogs totalt (och 39 cheyenner), men bara 28 av analyserna lyckades. Trots det ringa statistiska underlaget är ändå detta en mycket intressant studie, eftersom den behandlar ett så geografiskt och etnografiskt välavgränsat område: Den skånska slätten.

Nyckelkarta

Av Figur 2-12 framgår vilket folk som är återgivet var på de följande kartorna.

²⁵ Kittles, R.A., Bergen, A.W., Urbanek, M., Virkkunen, M., Linnoila, M., Goldman, D., & Long, J.C., 1999: Autosomal, mitochondrial, and Y chromosome DNA variation in Finland: Evidence for a male-specific bottleneck. *American Journal of Physical Anthropology*, 108(4): 381-399.

Européernas DNA från en geografisk perspektiv



Figur 2-12. Nyckelkarta för de följande figurerna med kartor över utbredningen av haplotyper för mitokondrie-DNA (gäller även plansch 2-2). I flera fall fanns dels en studie med

sammanslagna data (t.ex. Finland-Estland), dels data för en mindre del av detta område (N Finland). Den mindre delen är då visad på rätt plats, och de sammanslagna data visas för resten av området. "S Finland" avser data som ursprungligen endast kallades "Finland", men eftersom proven togs i Helsingforsområdet visas data där. Likadant avser "V Götaland" data som ursprungligen kallades "Sverige", men alla prov togs på medicinstudenter i Göteborg, varför data visas på Göteborgs universitets huvudsakliga upptagningsområde.

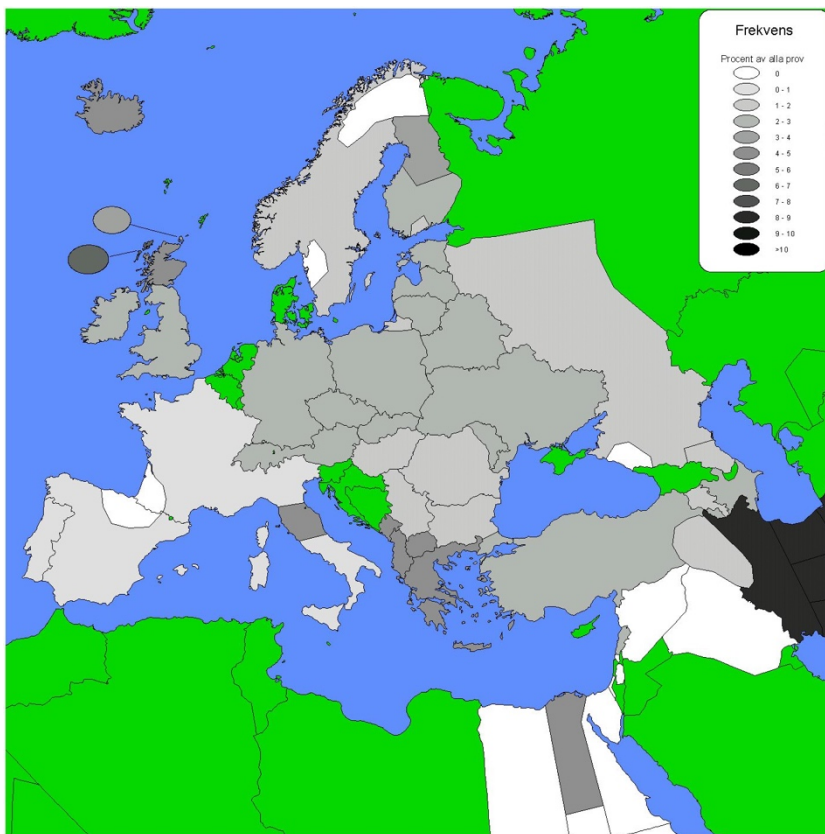
Utbredningen av mtDNA-haplogrupper i Eurasien

Den moderna människan, *Homo sapiens sapiens*, anses allmänt härstamma från Afrika. En av de afrikanska grenarna, L3a, spreds via Mellanöstern till Eurasien. Haplogrupp M finns huvudsakligen i Östasien, medan N finns i hela Eurasien. Från haplogrupp M finns i stort sett endast Z (en undergrupp till M8) representerad i Europa, med några procent hos bland annat samerna.

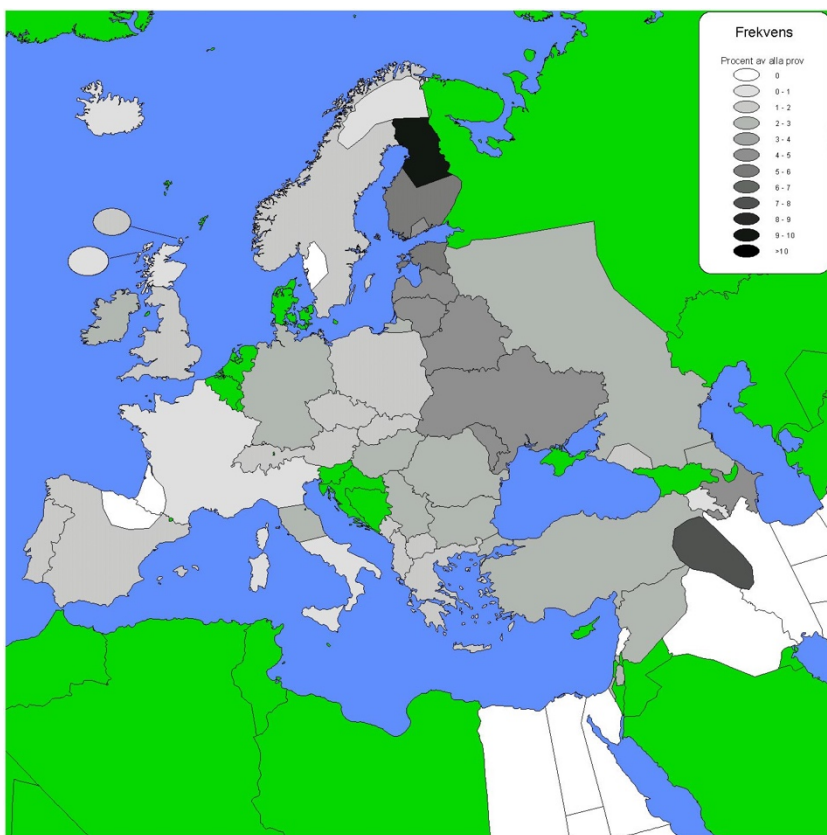
Haplogrupp N förgrenas i ett antal grenar med olika skenbar ålder. N9 och A förekommer huvudsakligen i Östasien. R är den dominerande grenen till utbredning och frekvens. De huvudsakligen europeiska haplogrupperna I, W och X förekommer i låga frekvenser över i stort sett hela kontinenten, med karaktäristiska lokala toppar i koncentrationen (Figur 2-13 till 2-15).

Genom att studera släkträdets utseende i Europa och Mellanöstern, försökte Richards *et al.* (2000)²⁴ att avgöra vilka haplogrupper som utvecklats var. Just när det gäller dessa tre (I, W och X) var det emellertid inte möjligt att avgöra om de

hade sitt ursprung i Europa eller Mellanöstern (en tredje möjlighet är förstås att de inte kommer från någonting av de studerade områdena).



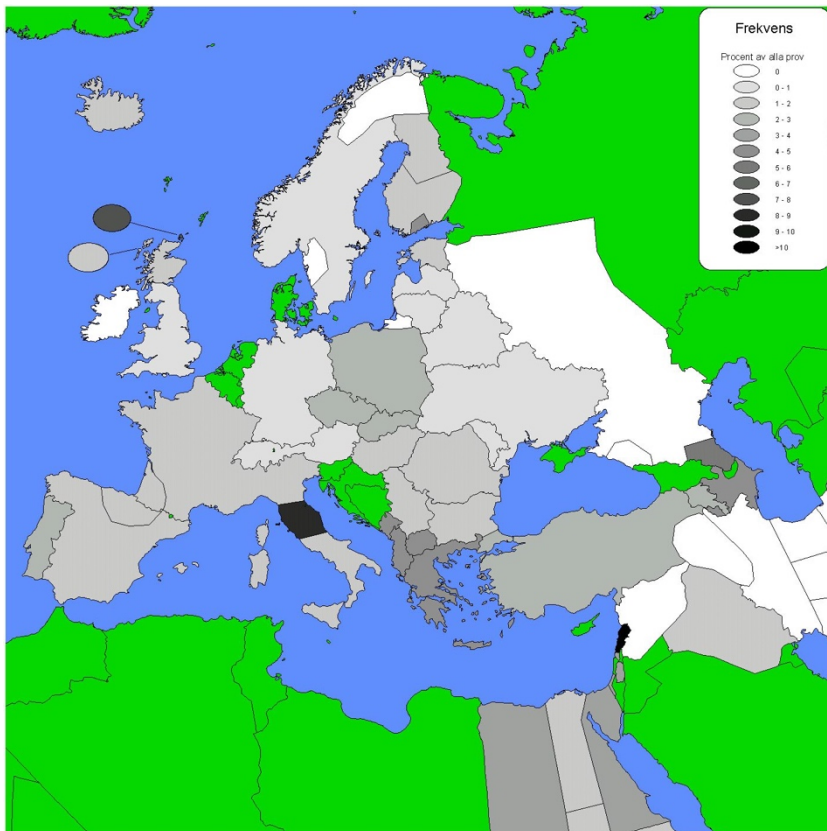
Figur 2-13. Frekvensen av mtDNA-haplogrupp I (svart betyder >10%). Värdet i Iran bör vi bortse ifrån; det var en person av 12 som hade I. Yttre Hebriderna hade 6,5%, därefter följer en rad områden med mellan 4 och 5%, bland annat Egypten, Balkan och Toscana.



Figur 2-14. Fördelning av haplogrupp W. Norra Finland har högst frekvens med 9,5%, följt av kurder med 7,5%.

Haplogrupp X är en kuriositet (Figur 2-15), eftersom det är den enda som finns både i Europa och hos Nordamerikas indianer (frekvens: 3%) men inte i östra Asien. Högst frekvens har den hos druserna (data från Macaulay *et al.* 1999)¹⁸, enligt Nationalencyklopedin en shiitisk religiös sekt som

huvudsakligen finns i Syrien och Libanon, dit de flydde från Egypten år 1017 e.Kr.²⁶



Figur 2-15. Fördelning av haplogrupp X. Högst frekvens har druserna med hela 27%, följt av etruskernas efterföljare i Toscana med 8,3%, och orkneyborna med 7,2%. Notera att

²⁶ Källa: Nationalencyklopedin. En mindre grupp finns i nuvarande Israel, varifrån proverna för nämnda analys togs. Edit 2025: Enligt en bekant som är drus har de dock sin egen religion och de är inte alls muslimer.

redan 10% ger svart färg, så skillnaden i frekvens mellan Toscana och druserna är mycket större än vad kartan antyder.

Druserna bor nära där fenicierna förr bodde. Det vore väl märkligt om druserna inte hade beblandat sig med dem som bodde där tidigare, varför man kan undra om inte haplogrupp X var vanlig hos fenicierna.

Näst högst frekvens uppmättes i Toscana, där etruskerna förr bodde. Och därefter kom Orkneyöarna i Nordatlanten. Det allra mest spännande med X är emellertid att den också finns hos Nordamerikas indianer, men inte i Asien. Så hur kom den dit?

Det svårt att *inte* komma till slutsatsen att den måste ha kommit till Amerika över Atlanten. Med tanke på hur spridd X är i Nordamerika – uppenbarligen en följd av att också indianstammarna där migrerat lite slumpvis – så ligger det närmast till hands att misstänka att drusernas anfäder seglade till Amerika någon gång för bra länge sedan. Frågan är däremot vilka dessa anfäder var – som vi skall se senare verkar de inte ha bott i Mellanöstern.

Den största mtDNA-grenen: R

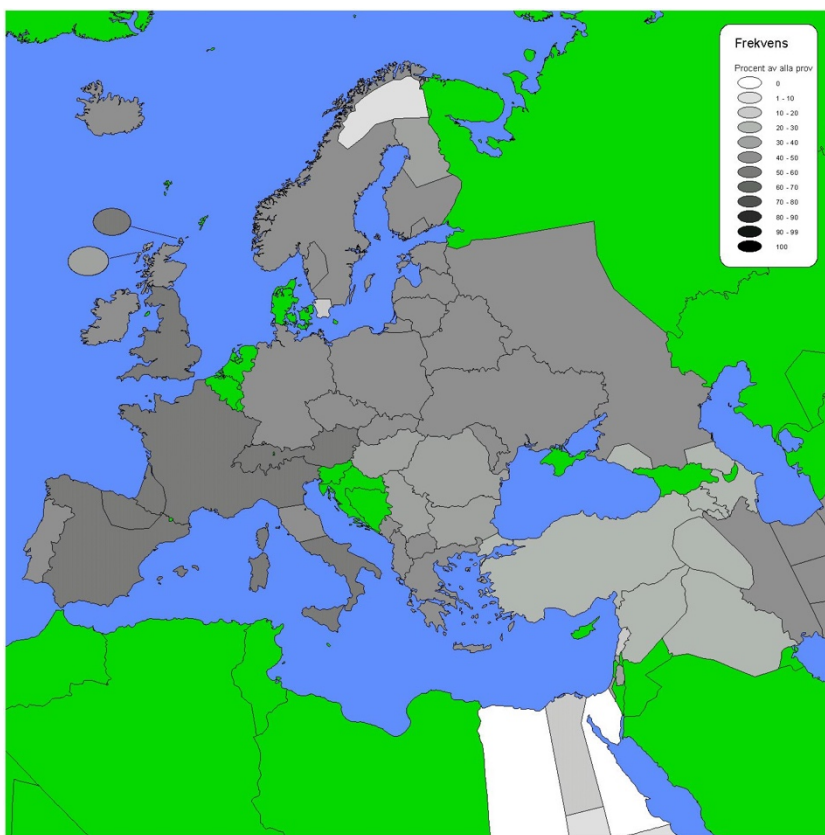
Haplogrupp R delas upp i ett antal grenar, där R9 och B huvudsakligen förekommer i Östasien (liksom de tidigare nämnda N9 och A). Dessa två asiatiska grenar har hög ålder (81 respektive 75 tusen år), medan de europeiska grenarna förefaller yngre. Detta behöver dock inte betyda att de verkligen är yngre. Det kan lika väl bero på det faktum att Europa blev en mycket ogästvänlig plats under istiden, med relativt små och isolerade områden lämpliga för mänsklig bosättning.

Av ”döttrarna” till R är det HV, JT och U som är av intresse i Europa. Den förra förefaller exklusivt europeisk och har låg skenbar ålder (26 tusen år), de övriga finns även i Mellanöstern och har högre ålder. Men det finns en föregångare till HV i Mellanöstern, kallad pre-HV. Den förekommer med 26% i Jemen, och 17% hos beduiner. Detta visar att även HV har nått Europa från det hållet.

Haplogrupp U har daterats till 56 kBP (tusentals år före nutid) i Europa, och samma ålder i Skandinavien – Finland. Det antyder att den skandinaviska befolkningen inte är skild från den kontinentala via någon flaskhals orsakad till exempel av en folkvandring till ett nytt område, och heller inte av någon befolkningskris orsakad av till exempel högstiden kring 25 – 15 kBP. Dessa haplogrupper finns återgivna på Plansch 2-2. Kartbilden är emellertid ganska ointressant och jämngrå när man ser på denna nivå. Det är först när man kommer in på mera specifika kluster av haplotyper som kartbilden klarnar. Så låt oss gå vidare till nästa nivå.

Haplogrupp HV delar sig i H och V. Haplogrupp H är totalt dominerande i Europa (Figur 2-16).

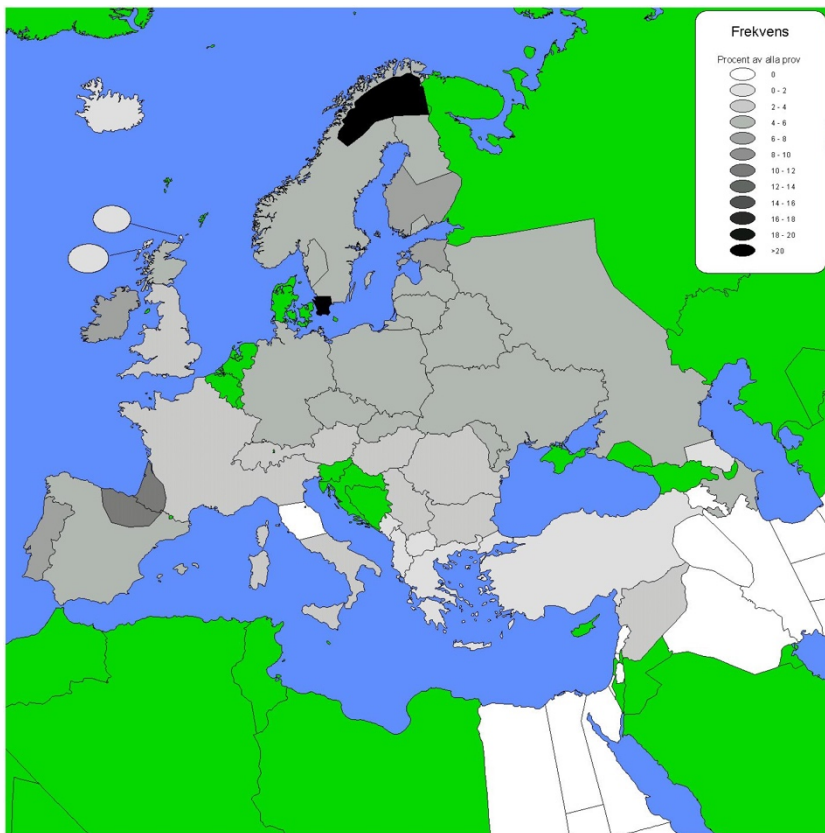
Européernas DNA från en geografiskt perspektiv



Figur 2-16. Frekvens av haplogrupp H (notera att svart = 100%). Allra högst är frekvensen kring Biscayabukten, med 59% hos baskerna. Data från Iran har stor osäkerhetsmarginal.

En av anledningarna till att det sagts att Europa är så homogen vad gäller mtDNA är just att haplogrupp H är såpass jämnt spridd. Men som siffrorna från Skåne visar, så kan denna

homogenitet vara skenbar; en artefakt orsakad av bristande rumslig upplösning i data. Vi har tidigare sett ett annat exempel på detta: Den höga frekvensen av W i norra Finland, i relation till omgivande landskap.



Figur 2-17. Frekvens av haplogrupp V (svart betyder >20%). Skåne har 43% (av 28 personer), samerna 40% (av 176 personer), följt av baskerna med knappt 11%, samt Portugal och Irland med dryga 7%. Skillnaden mellan samer och skåningar å ena sidan, och basker med flera å andra, är alltså

mycket större än vad kartan antyder, eftersom gråskalan bara går till 20%.

Åldern på haplogrupp H har uppskattats till 26 tusen år, och i Skandinavien erhöles samma ålder. Med andra ord, ingen flaskhals förekom vid eller efter kolonisationen av Sverige vad gäller den haplogruppen. Däremot kan åldern vara en skenbar effekt av en befolkningskris orsakad av istidens maximum (den skenbara åldern bör bli ett antal tusen år högre än då flaskhalsen inträffade, och den bör ha inträffat någon gång under intervallet 25 – 15 kBP).

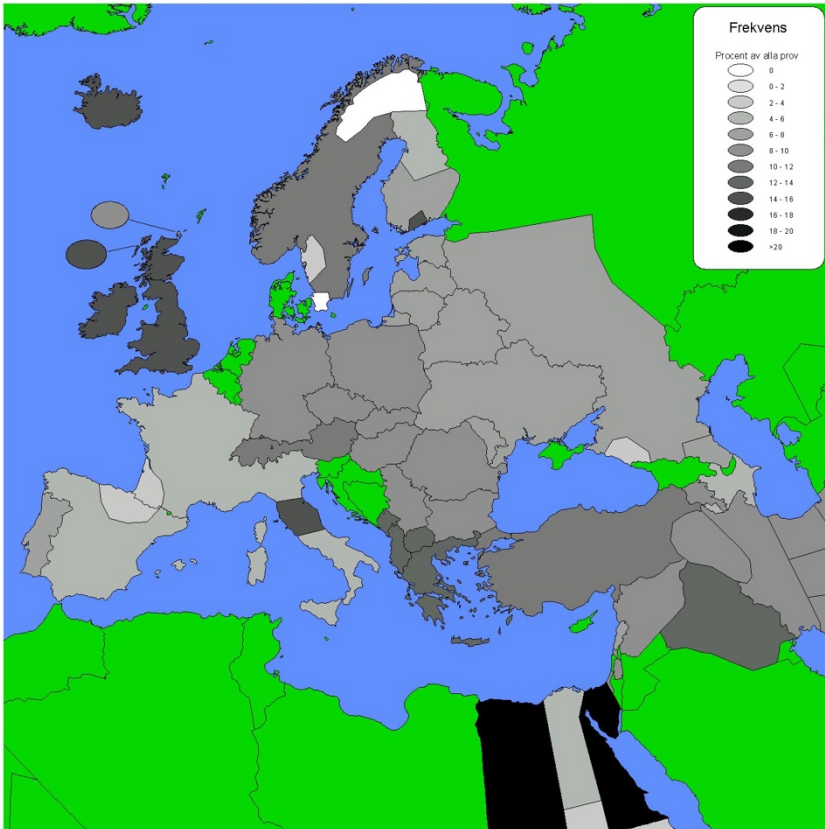
Endast två grupper i Europa har högre frekvens V än H, nämligen skåningarna och samerna (Figur 2-17). Åldern på haplogrupp V har uppskattats till 14 tusen år på kontinenten, men 19 tusen år i Skandinavien. Skillnaden antyder var V har uppstått, fast andra har dragit slutsatsen att V är från Baskien. Frågan diskuteras ingående senare i boken.

Haplogrupp JT delar sig i J och T. Richards *et al.* (1996)²⁷ antog att haplogrupp J spreds till Europa under den neolitiska revolutionen. Kartan visar att den är vanlig hos beduiner (araber), se Figur 2-18.

Haplogrupp T är spridd över i stort sett samma allmänna område som J, men den är ändå helt annorlunda i detaljerna (Figur 2-19). Detta är ännu ett exempel på att om man slår ihop

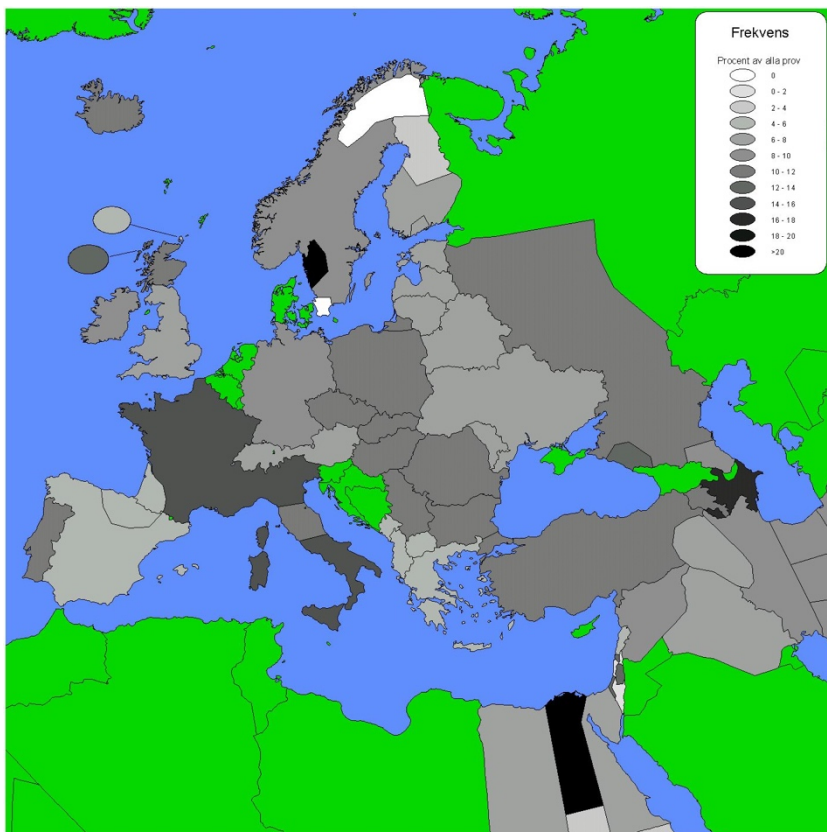
²⁷ Richards, M., Côté-Real, H., Forster, P., Macaulay, V., Wilkinson-Herbots, H., Demaine, A., Papiha, S., Hedges, R., Bandelt, H.J. & Sykes, B., 1996: Paleolithic and Neolithic lineages in the European mitochondrial gene pool. *American Journal of Human Genetics*, 59(1): 185–203.

data över för stora områden så tappar man information, och kartbilden blir jämngrå.



Figur 2-18. Frekvens av haplogrupp J. Svart betyder >20%. Högst frekvens har uppmätts i Jemen (utanför kartbilden) med 28%, följt av beduiner (här placerade i Egypten, men deras hemland är nog Saudiarabien) med 21%. Därefter följer en rad områden med mellan 14 och 15%: Storbritannien, Skottland, Irland, Yttre Hebriderna, Island, södra Finland, Toscana, Bulgarien + Turkiet (på denna karta återger dock

Bulgarien och Turkiet aggregerade data från andra studier, med lägre frekvens av J).



Figur 2-19. Frekvens av haplogrupp T. Svart betyder >20%. Egyptierna hade dryga 22%, medicinstudenterna i Göteborg knappa 22%, och azerierna kom trea med 17%. Skåningar och samer hade 0%, och ashkenazi-judar 1,3% (jämför Figur 2-21 nedan, över haplogrupp K). Notera hur vanlig T är i

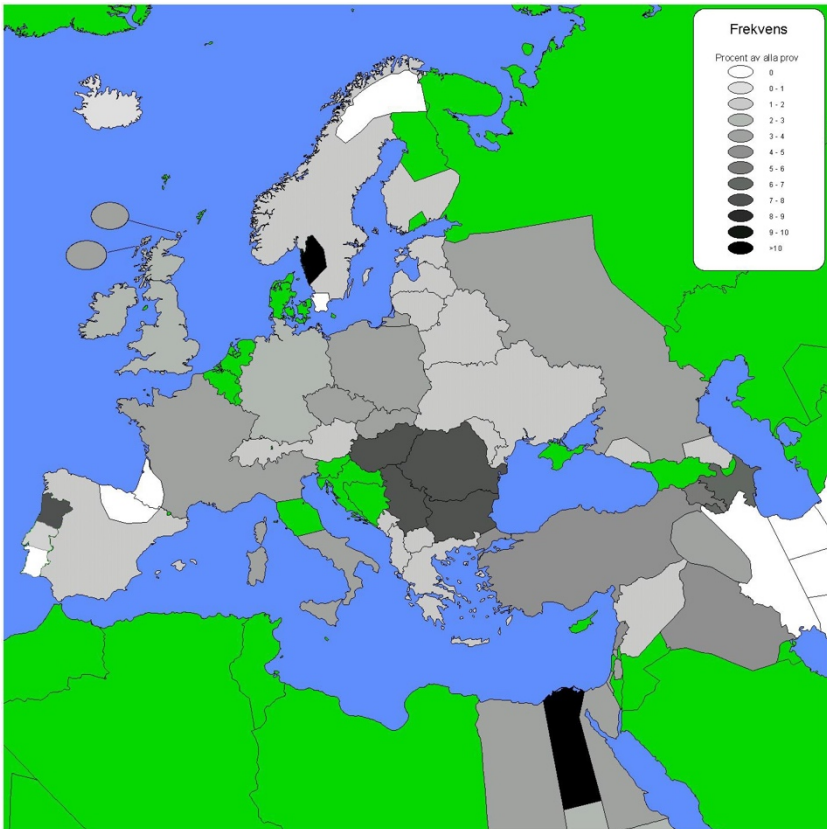
Frankrike-Italien, medan J är vanlig på de Brittiska Öarna. På samma sätt står de i kontrast mot varandra mellan egyptierna och beduinerna (araberna).

Man kan nog leda i bevis att utbredningen av haplogrupp J och T i Europa hänger ihop med jordbrukets spridning, på ett eller annat sätt. Den betydligt lägre skenbara åldern i Skandinavien stödjer en sådan tolkning.

Den höga frekvensen av T i Göteborgsområdet är uppseendeväckande. Det kan bero på slumpen i provtagningen – det var ju bara 37 personer som undersöktes. En annan möjlighet är genetisk drift – alltså att slumpen gjort så att denna haplogrupp anrikats i den trakten. Vidare har vi möjligheter som klassificeringsfel, eller att det som ser ut som samma haplogrupp egentligen är två olika grenar på släktträdet (därför att inte hela DNA-kedjan undersökts). Men dessa mycket höga frekvenser på två så avlägsna platser som i Göteborgstrakten och Egypten kan man bara inte gå förbi utan att försöka få klarhet i. Är det samma haplotyp inom T som dominerar, eller är det olika grenar på de två platserna?

De egyptiska data (Richards *et al.* 2000)²⁴ är underindelade i T1 till och med T5 samt T*, med den första som helt dominerande (11,9%). Göteborgsundersökningen var så tidig (Torroni *et al.* 1996) att ingen underindelning till T ännu fanns – det var faktiskt den studien som definierade haplogruppen T (liksom U, V, W och X). Genom att jämföra DNA-data i Appendix A hos Torroni *et al.* (1996), med data från Finnilä *et al.* (2001), kan man dock dra den tentativa slutsatsen att de förras haplotyp 19 motsvarar T1. Frekvensen av den i Göteborgsdata var 4/37, dvs. 10,8%.

Frekvensen av T1 visas i kartform i Figur 2-20.



Figur 2-20. Frekvensen av T1. Svart betyder >10%. Högst frekvens har egyptierna, 12%, följt av Göteborgsstudenterna med 11% (dock lite osäker kodning), sydöstra Europa med 7,3%, och norra Portugal med 7%. Till skillnad från de övriga kartorna redovisas här data från Portugal uppdelat på tre regioner, vilket illustrerar att de rumsliga variationerna är stora när man kommer ner på enskilda haplotyper.

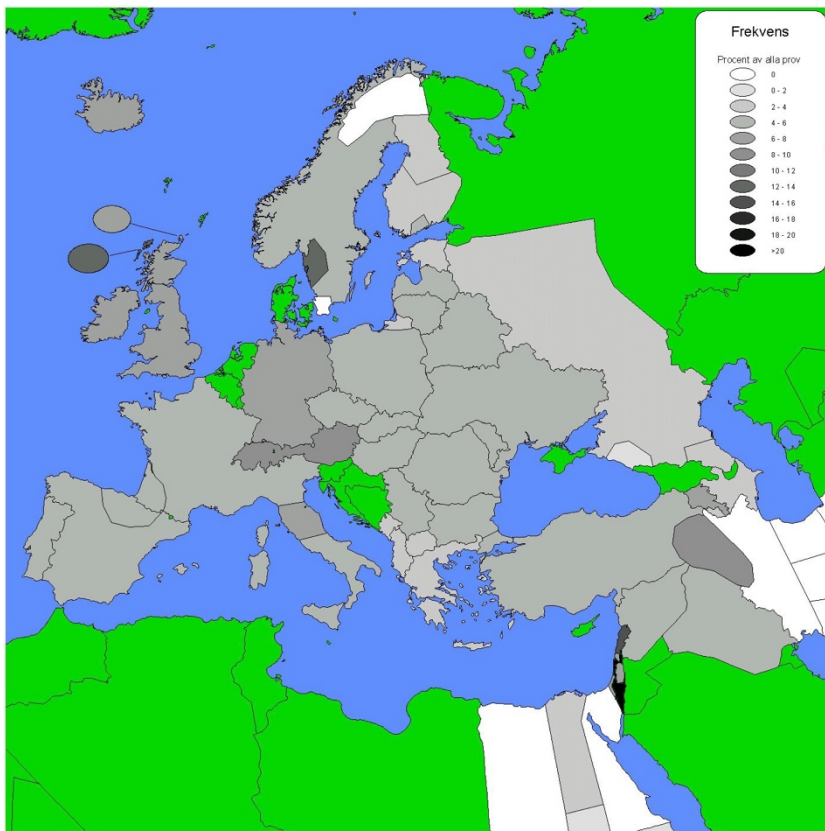
En rumslig struktur som för J, T och T1, skulle vara precis det förhållande man kunde förvänta sig på en kontinent där det var legio att anlägga kolonier på avlägsna platser, liksom greker och fenicier och romare senare gjorde. För att inte nämna de germanska folkvandringarna, som förflyttade ett folk från en trakt till en helt annan trakt, kanske hundratals mil bort. Många av Europas folk var invandrare i de domäner där de befann sig när förhistoriens rullgardin gick upp, enligt bevarade myter.

Det förefaller redan nu uppenbart att den europeiska förhistorien kännetecknades av långkolonisation, lika väl som den kända historien. Det ställer högre krav på rumslig upplösning i fylogeografiska DNA-studier än vad som gäller på andra kontinenter. Men åter till presentationen av data.

Haplogrupp U förekommer huvudsakligen i Europa, men har också hittats i låga frekvenser hos japaner, etiopier och senegaleser. Dess ålder är 57 – 67 tusen år enligt Torroni *et al.* (1996), vilket gör det möjligt att den har uppstått i Afrika och därifrån spritts till Mellanöstern och Europa.

Haplogrupp U delas in i U1 till och med U7, samt K. Denna senare (Figur 2-21) är allra vanligast hos ashkenazi-judar, medan frekvensen däremot bara var 1,3% hos palestinska araber (Torroni *et al.* 1996, och referenser däri). Den så kallade ismannen, som hittades djupfryst i Alperna efter att ha blivit skjuten i ryggen för 5000 år sedan, tillhörde också haplogrupp K. Det har förmodats att den höga frekvensen hos ashkenazi-judar är ett resultat av en ”grundareffekt”, men en hastig blick på kartan visar att höga frekvenser också finns på två andra platser nära Nordsjön: Yttre Hebriderna och Göteborgsområdet. Eftersom data saknas från Danmark och Benelux kan man inte utesluta att haplogrupp K har sitt ursprung i Nordsjöområdet eller i Rhendeltat. Om

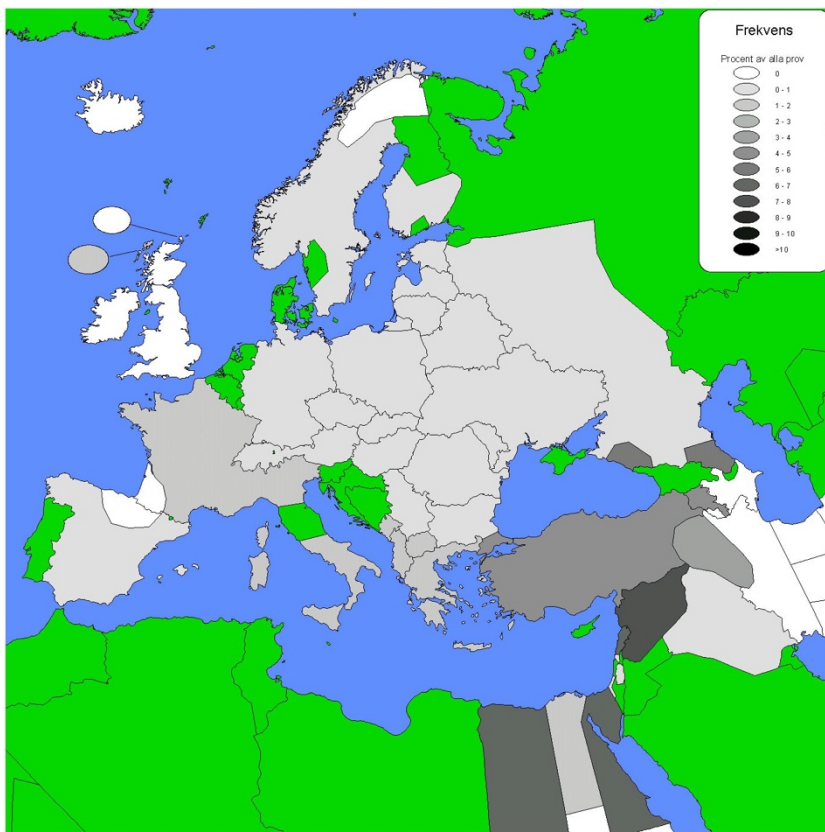
haplogruppen är koncentrerad till kusttrakter med sjöfart så skulle det kunna förklara att den inte syns i nationella genomsnitt, som i England, Skottland, Tyskland, Sverige och Norge.



Figur 2-21. Frekvensen av haplogrupp K. Svart betyder >20%. Högst frekvens har uppmätts hos ashkenazi-judar, vilka förr bodde i ett sammanhängande område längs Rhen: 29% (här markerade inom Israel med gränser enligt FN:s

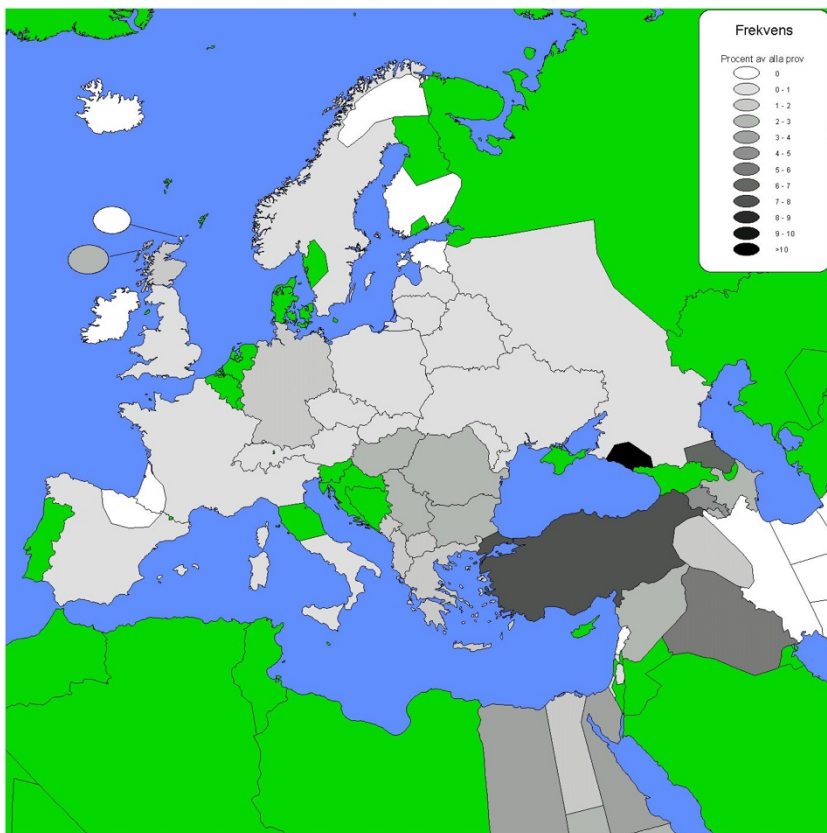
resolution 181). Därefter följer druser med 16%, Göteborgsområdet med 14%, och Yttre Hebriderna med 13%.

Haplogrupp U1 (Figur 2-22) är helt klart hemmahörande i Mellanöstern.



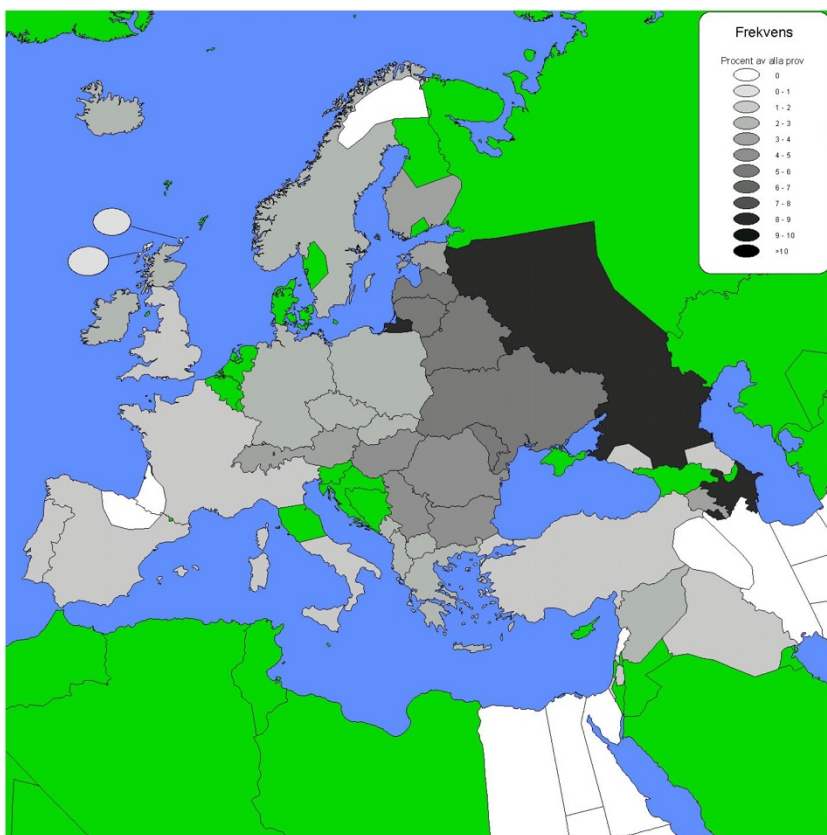
Figur 2-22. Fördelning av haplogrupp U1. Svart betyder >10%. Syrier har drygt 7%, beduiner knappt 7 %, enligt dessa data.

Haplogrupp U3 är något nordligare i sin utbredning, Mindre Asien och Kaukasus (Figur 2-23).



Figur 2-23. Utbredning av haplogrupp U3. Svart betyder >10%. Högst frekvens, 14%, uppmättes hos adygierna, ett nordkaukasiskt folk.

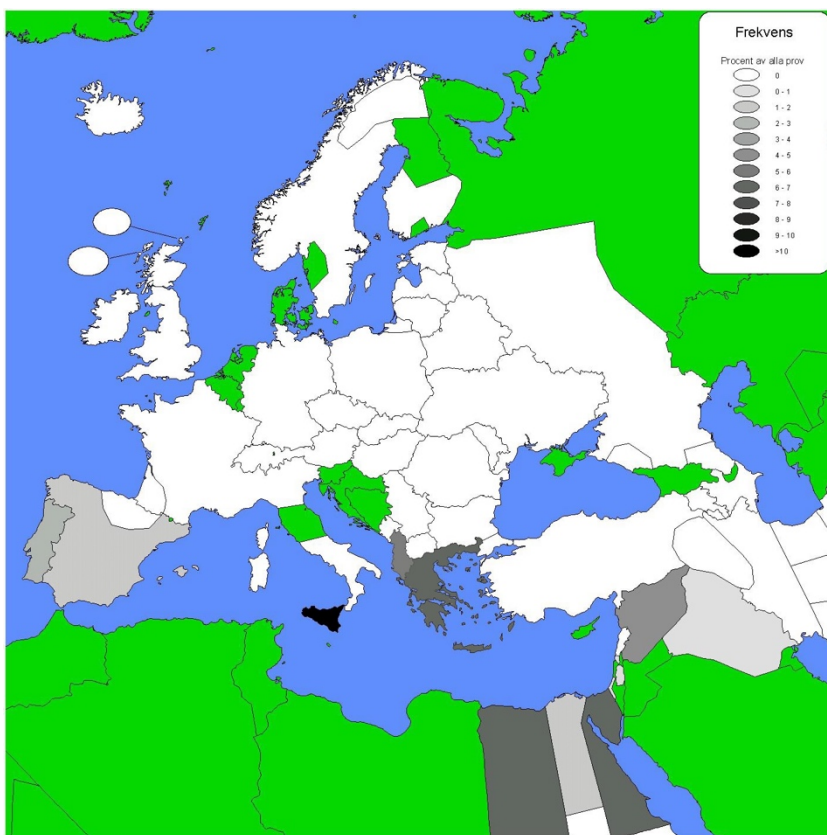
Haplogrupp U4 (Figur 2-24) har sin högsta frekvens i Östeuropa.



Figur 2-24. Frekvens av haplogrupp U4. Högst frekvens rapporterades hos ryssar och azerier, båda drygt 8%.

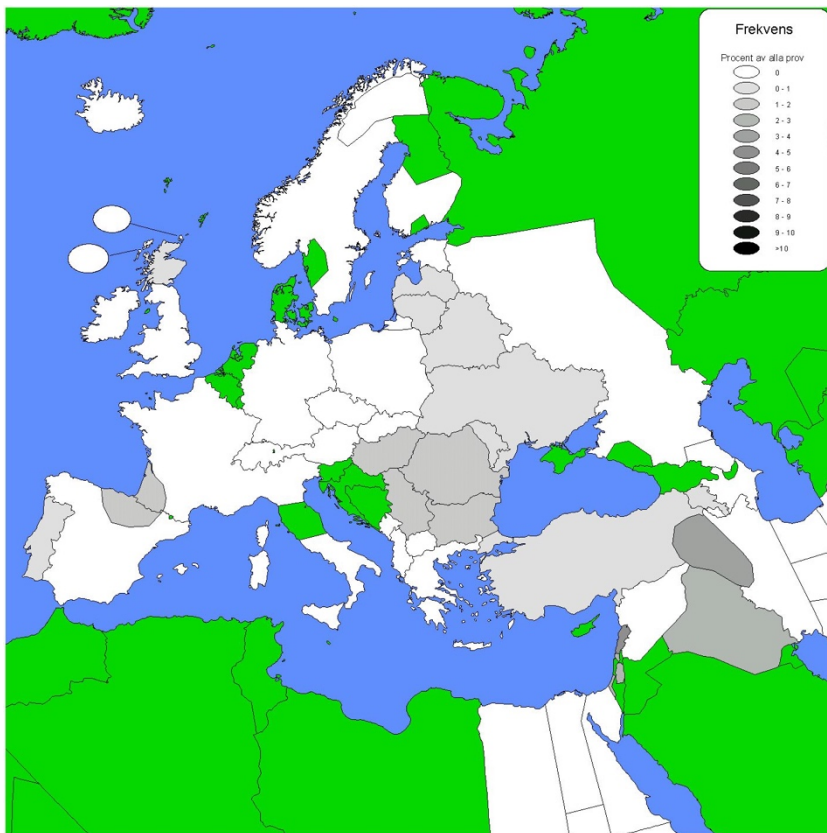
Haplogrupp U5 är den intressantaste för Nordeuropas vidkommande, av dem som återstår, så vi tar den sist. Haplogrupp U6 är sydöstlig från europeisk horisont sett (Figur 2-25).

Européernas DNA från en geografiskt perspektiv



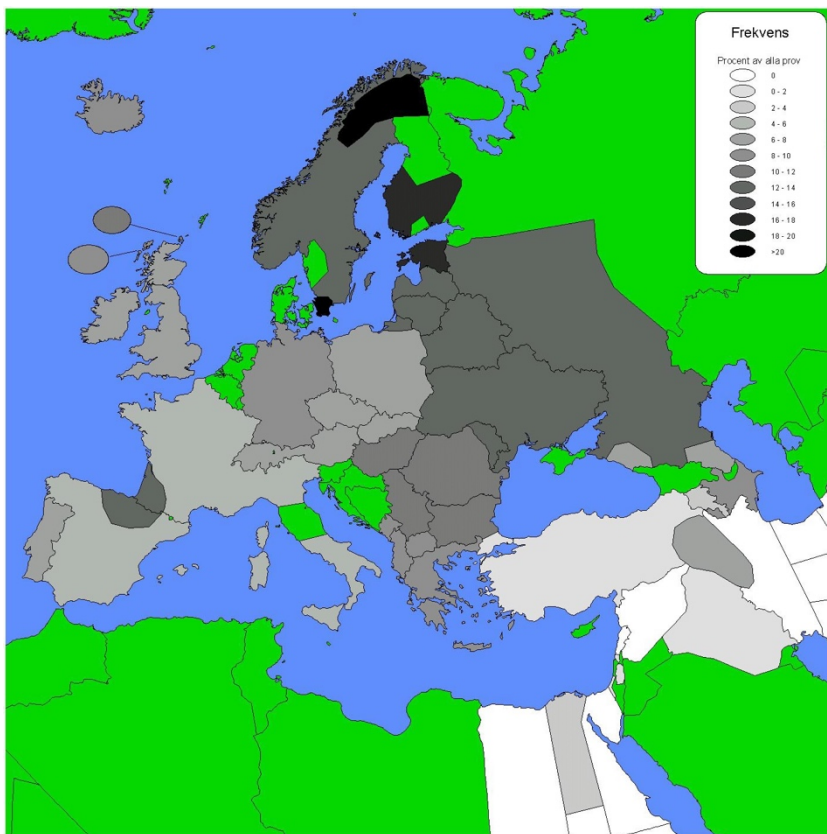
Figur 2-25. Frekvens av haplogrupp U6. Bland de använda källorna var frekvensen högst hos beduiner med knappt 7%, men från andra, indirekta källor kommer uppgifterna att frekvensen är ca 12% på Sicilien, knappt 7% i Grekland, 6% i Albanien, samt 8% bland jemenitiska judar (utanför kartan). Det har hävdats att förekomsten på Iberiska halvön är ett resultat av den moriska närvaron där.

Haplogrupp U7 (Figur 2-26) fanns i låga frekvenser hos druser och kurder, och i mycket låga frekvenser hos basker och i Sydösteuropa. Dessutom räknade jag till 5,5% hos uigurer, med hemvist i västligaste Kina, men där måste jag reservera mig för risken av en felaktig inplacering på släktträdet av de aktuella haplotyperna.



Figur 2-26. Frekvens av haplogrupp U7. Svart betyder >10%. Högst var frekvensen hos druserna med 4,4% och kurderna med 3,8%. I Baskien och i sydöstra Europa fanns det en dryg

procent, men på resten av kontinenten var halterna som högst några tiondedelar.



Figur 2-27. Frekvens av haplogrupp U5. Svart betyder här >20%. Frekvensen hos samerna är 45%, och hos skåningarna 36%. Därefter följer Finland-Estland med 17%, stora delar av nordöstra Europa och Skandinavien med 13%, Baskien med 12%, och Orkney med 11%.

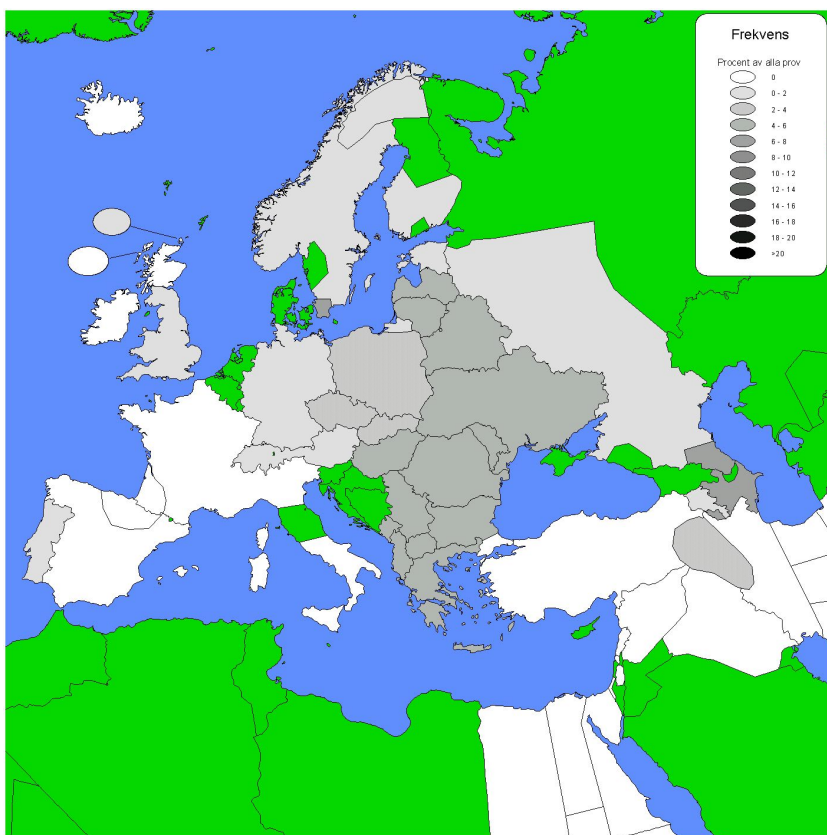
Den underhaplogrupp till U som nu återstår, är den som har i särklass högst frekvenser, nämligen U5 (Figur 2-27). Det är också den äldsta enligt dateringarna, med sina 49 tusen år. Till skillnad från de övriga (med viss reservation för U4) så har denna en klart nordlig utbredning. Högst frekvens någon stans är observerat hos samerna, följt av – intressant nog – skåningarna. Detta påminner om haplogrupp V som vi såg tidigare, där skåningarna och samerna båda hade kring 40%, och baskerna på tredje plats bara hade 11%.

U5 har också har gamla underhaplogrupper. Plansch 2-2 visar kartor över U5a och dess underhaplogrupp U5a1 (Figur 2-28), samt U5b och dess undergrupp U5b1. Den senare visas i Figur 2-29.

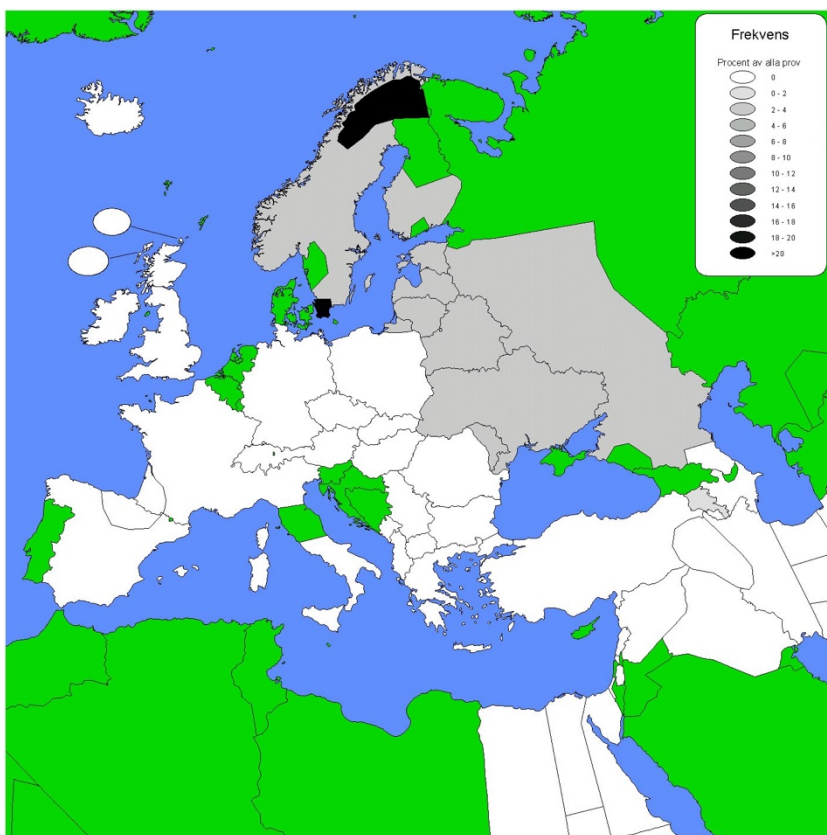
Medan skåningar har både U5a1 och U5b1 i nämnvärda frekvenser, har samerna i stort sett enbart U5b1 (Figur 2-29).

Den stora likheten mellan skåningar och samer, i förhållande till samtliga övriga populationer, är högst anmärkningsvärd. Vi ska titta närmre på det senare, men först några ord om ålder och ursprung för de olika haplogrupperna, enligt en stor studie gjord härom året.

Européernas DNA från en geografiskt perspektiv



Figur 2-28. Frekvens av haplogrupp U5a1. Svart är >20%. Högst frekvens finns i Skåne, 7%, medan azerier och nordkaukasierna har dryga 6%, och stora delar av Östeuropa ligger kring 5% som ett rumsligt utjämnat medeltal.



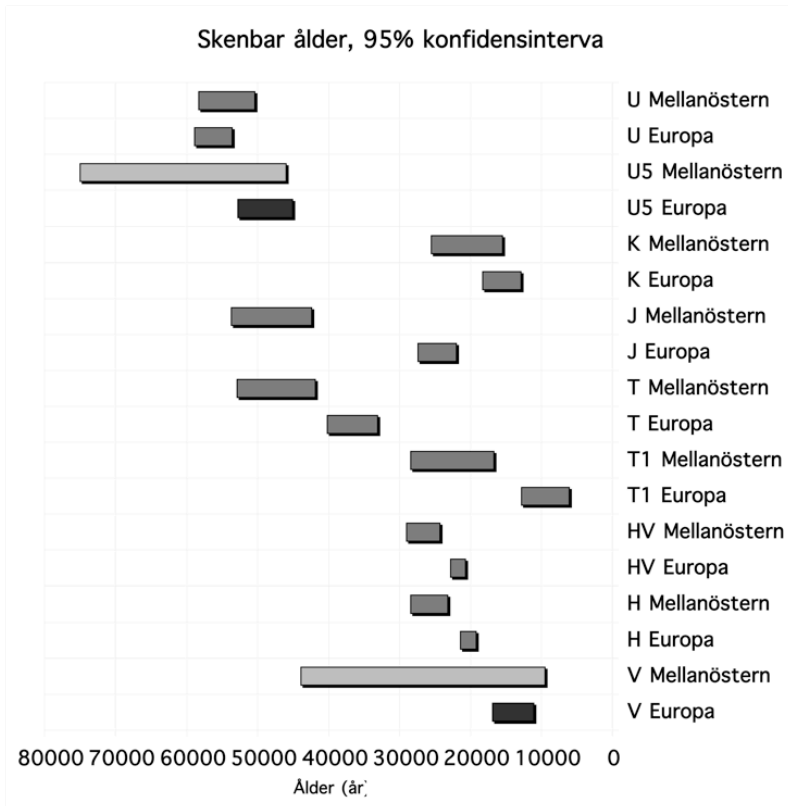
Figur 2-29. Frekvens av haplogrupp U5b1. Svart betyder >20%. Samerna har nästan 43%, skåningarna 29%, medan ingen annan grupp ens når upp till 3%.

Åldersbestämning och ursprungsanalys

För att kunna tolka den nutida fördelningen av haplogrupper måste man försöka ta reda på hur gamla de olika grenarna på släktträdet är, och var de uppstått. Åldern bestäms genom att se

hur många mutationer som har uppstått efter en viss förgrening. Som en första approximation kan man anta att den plats där de flesta av de följande mutationerna finns – utan några luckor i sekvenserna – är den där mutationen uppstått. Inom Europa – Mellanöstern, vilket nog bäst kan beskrivas som en enda sammanhängande befolkningsregion, har emellertid folkvandringar på kors och tvärs genom tiderna gjort att situationen är närmast kaosartad. Tidiga studier, som gjorde grova förenklingar och antaganden utan stöd, kunde komma fram till diametralt motsatta resultat beträffande till exempel invandringen till Europa i samband med jordbrukets införande. Mera förfinade studier visar hur komplex bilden i verkligheten är – och att en stor del av Europas befolkning härstammar från folk som övervintrade istiden här, inte från sentida invandring från Främre Orienten eller Nordafrika.

Européernas DNA från en geografiskt perspektiv



Figur 2-30. Beräknad ålder för några utvalda mtDNA-haplogrupper. Data från Richards et al. (2000)³⁴. Ett antal haplogrupper är signifikant äldre i Mellanöstern (J, T, T1, HV, H). Några har åldrar som överlappar (U, U5, K, V). Två av dessa (U5, V) har så mycket större variation i Europa att författarna bedömde att de uppstått där och sedan spritts till Mellanöstern (den stora osäkerheten i åldern för dessa i Mellanöstern beror på ett litet antal individer, 22 respektive 6).

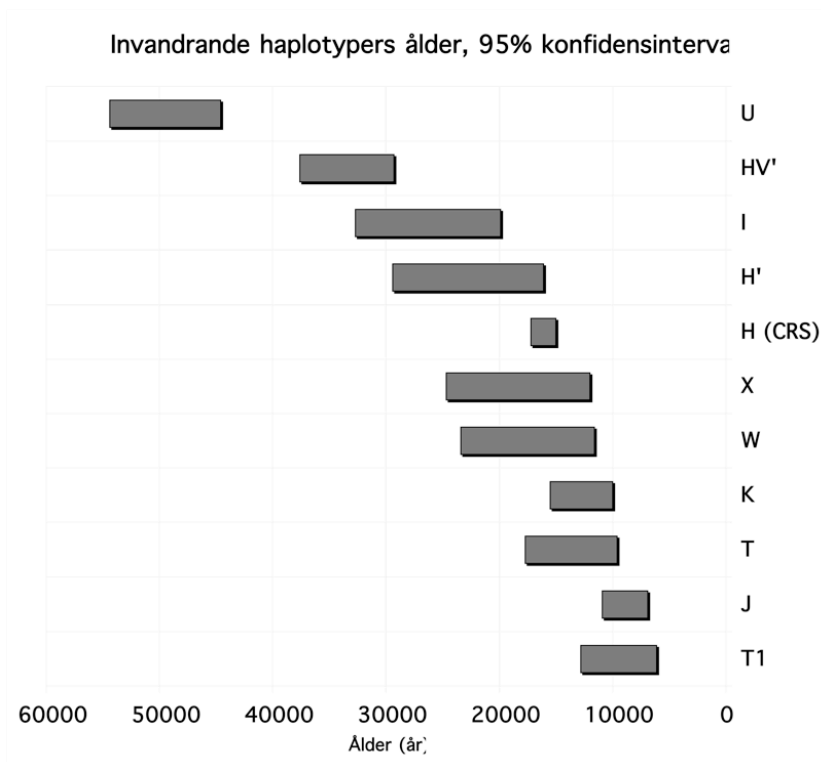
Baserat dels på åldersbestämningarna i Figur 2-30, dels på antalet förgreningar i släktträdet i Mellanöstern respektive Europa, drog Richards *et al.* (2000)²⁴ slutsatsen att samtliga betydande haplogrupper i Europa hade kommit in från Mellanöstern eller möjligen från en tredje region, *utom* U5 och V som definitivt uppstått i Europa, och I, W samt X, vilka möjligen hade uppstått i Europa.

Notera hur många haplogrupper som har åldrar i intervallet 15000 – 25000 år. Det motsvarar den delen av senaste istiden då isen stod som långs i söder, som värst ända nere i norra Tyskland och Polen, då det var som kallast. Därför finns möjligheten att dessa åldersbestämningar återspeglar en flaskhals i befolkningens storlek i Europa, som orsakat att man får för låg skenbar ålder.

Den i Europa dominerande haplogruppen, H, finns inte alls hos beduiner. Däremot finns 3,4% HV, och, vad mera är, hela 17,2% av pre-HV (mellan R och HV). Endast i Jemen är frekvensen av denna högre, med 25,6%. I Europa finns pre-HV bara sporadiskt och framför allt i sydöst (med 1,7%), men den har anträffats så långt norrut som i Finland.

Richards *et al.* (2000)²⁴ försökte beräkna vilka haplotyper som kommit till Europa från Mellanöstern, och när. De provade olika kriterier för att identifiera “grundare”, och för att avskilja sådana haplotyper som kommit till Mellanöstern från Europa i senare tid. Några utvalda data med det mest rimliga kriteriet (*fs*) redovisas i Figur 2-31.

Européernas DNA från en geografisk perspektiv



Figur 2-31. Ålder för de viktigaste haplotyper som kan utgöra anmödrarna till den europeiska befolkningen, enligt Richards et al. (2000)²⁴. De haplotyper som inte förgrenar sig stjärnlikt runt grundaren har markerats med en apostrof (HV', H'). Dessa åldrar har större osäkerhet än de övriga, och släkträdets utseende kan vara en effekt av en senare befolkningskris. (CRS = Cambridge Reference Sequence)

Den äldsta invandringsvågen av moderna människor till Europa förde med sig haplotypen U (lika med CRS i HVS1)

från Mellanöstern. Efter en inledande kall period (en stadial) under istiden blev det under en tid mildare (en interstadial), och det var under denna isfritt så långt norrut som Jämtland. Tidpunkten för denna stadial stämmer väl överens med dateringen av invandringen av haplogrupp U. Alla underhaplotyper till U kom in med senare invandringsvågor, utom U5 vilken uppstod i Europa, som tidigare nämnts.

Haplotyp I (karaktäriserad av 16129 och 16223 i HVS1) kom möjligen till Europa strax före det senaste nedisningsmaximat.

I samma veva kom haplogrupp HV (CRS i HVS1) och H (16293-16311). Eftersom dessa inte uppvisar ett stjärnlikt mönster i släktträdet är det svårt att datera dem med någon precision. Framför allt är den reella osäkerheten större än den matematiskt framräknade, som visas i Figur 2-31 – något som inte minst illustreras av att åldern för HV i Figur 2-30 är mycket lägre än den i Figur 2-31! Vi får nöja oss med att anta att de kom från Mellanöstern strax före högistiden.

Haplogrupp H (CRS) har däremot sannolikt kommit in i samband med en begynnande klimatförbättring, och genomgått en så snabb befolkningsexpansion, att denna enda haplotyp kommit att bli den i särklass största i Europa. Haplotypen kan ha kommit in från Mellanöstern, men man kanske skall reservera sig för att den också kan ha kommit över Gibraltarsund. Den är ju vanligast på den Iberiska halvön, och bland till exempel araber är H mycket ovanlig. Ett folk som inte var med i någon av de nämnda undersökningarna kan ha varit den förmedlande länken. Forskarna bakom studien höll det också för möjligt att H(CRS) kan ha kommit in i flera omgångar.

Osäkerheten i åldersbestämningen för X (16189-16223-16278) och W (16223-16292) är så stor, att man inte kan säga om de

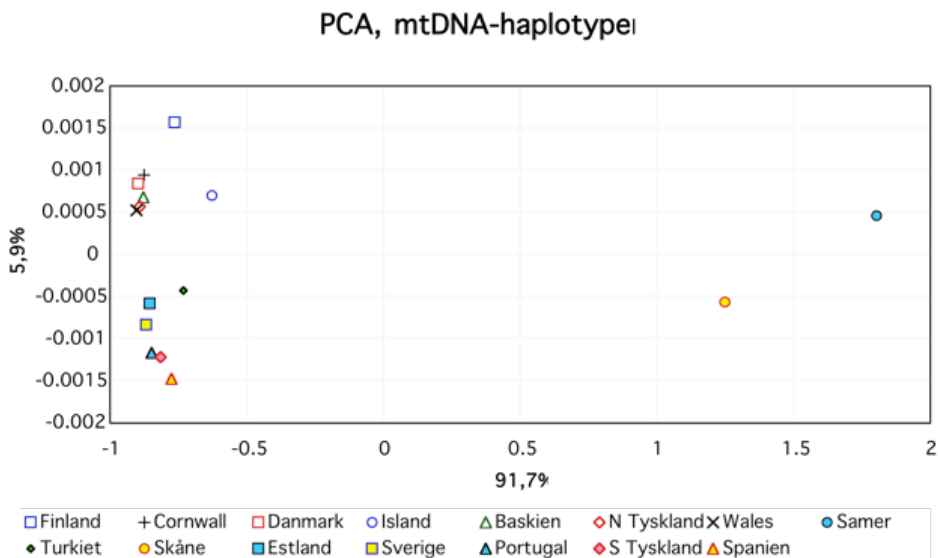
kom före eller efter högistiden. Kom också ihåg att det inte är säkert att I, W eller X ens kom från Mellanöstern, utan att det är möjligt, baserat på det som nu är känt, att de skulle kunna ha ett europeiskt ursprung – i så fall troligen i något ganska isolerat istidsrefugium.

Haplotyp K (16224-16311) och möjligen T (16126-16294) är däremot förmodligen lite senare invandrare, möjligen sammanhängande med den drastiska klimatförbättring som satte in efter Yngre Dryas. Ytterligare en grupp, här representerad av J (16069-16126) och T1 (16126-16163-16186-16189-16294), är så ung i Europa att man måste misstänka att de kom in med den så kallade neolitiska revolutionen, alltså i samband med jordbrukets införande.

Korrelationsanalyser

För att få ett grepp om hur lika eller olika skåningar och samer är i förhållande till andra folk, har jag gjort ett par olika sorters korrelationsanalys. Den första, på engelska kallad *principal component analysis* (PCA), vrider ”molnet” av punkter så att ”molnets” längsta axel blir x-axel, och dess näst längsta axel blir y-axel. Dessutom får man reda på hur mycket av variationen som förklaras av respektive axel.

Normalt när denna analys görs för Europa så utesluter man samerna. Det är nämligen så, att alla europeiska folk tillhör samma stora genpool, i en salig blandning, med ett enda undantag: Samerna. Så låt oss nu se hur data faller om man inkluderar samerna – samt, förstås, skåningarna (Figur 2-32).



Figur 2-32. "Principal Component"-analys av haplotyper i 15 europeiska populationer. Analysen utgick från en matris av korrelationskoefficienter mellan respektive folks haplogruppfrekvens, beräknad på 46 olika haplogrupper. Data: 28 skåningar från Lund (Kittles et al. 1996)²⁵, 32 svenskar, antagligen från Stockholm eller Uppland (Sajantila et al. 1996)²⁸, 20 ester (samma källa), samt 61 samer från Finnmark i Norge, både från inlandet och från kusten (Delghandi et al. 1998)²⁹. Övriga (33 danskar, 28 finnar, 14

²⁵ Sajantila, A., Salem, A.H., Savolainen, P., Bauer, K., Gierig, C. & Pääbo, S., 1996: Paternal and maternal DNA lineages reveal a bottleneck in the founding of the Finnish population. *Proceeding of the National Academy of Sciences, U.S.A.*, 93(21): 12035-12039.

²⁹ Delghandi, M., Utsi, E. & Krauss, S., 1998: Saami Mitochondrial DNA Reveals Deep Maternal Lineage Clusters. *Human Heredity*, 48: 108-114.

islänningar, 60 basker, 49 bavarer, 107 nordtyskar, 93 walesare, 69 cornwallingar, 31 portugaller, 29 spanjorer och 22 turkar) är från Richards et al. (1996)²⁷, hämtade från GenBank³⁰. Observera att skillnaden i skala mellan de två axlarna är enorm (ca 1:3000).

Den helt övervägande delen av variationen finns som väntat mellan samer å ena sidan, och övriga europeiska folk å andra sidan. Det märkliga är emellertid att skåningarna inte faller till vänster bland danskar och svenskar med flera, utan ca 80% över åt samernas håll. Det bekräftar vad kartorna tidigare visade, att skåningar och samer verkar ha mycket gemensamt på mödernet (jag har däremot inga data om skåningarnas Y-haplogrupper).

För att kontrollera om dessa märkliga data från Skåne var pålitliga sökte jag i Genbank efter "Scania". En enda mtDNA-sekvens fanns (nr X93334). Den var visserligen komplett, men jag nöjde mig med att analysera HVS1. Resultat? Den tillhör haplogrupp U5a1a, eftersom den har mutationerna [16093 16153 16256 16270 16311 16399]. Haplogrupp U5a1 finns i både Skåne, Sverige och Danmark, så resultatet av detta prov blev "oavgjort" – det kan varken användas som argument för eller emot att de märkliga data är riktiga.

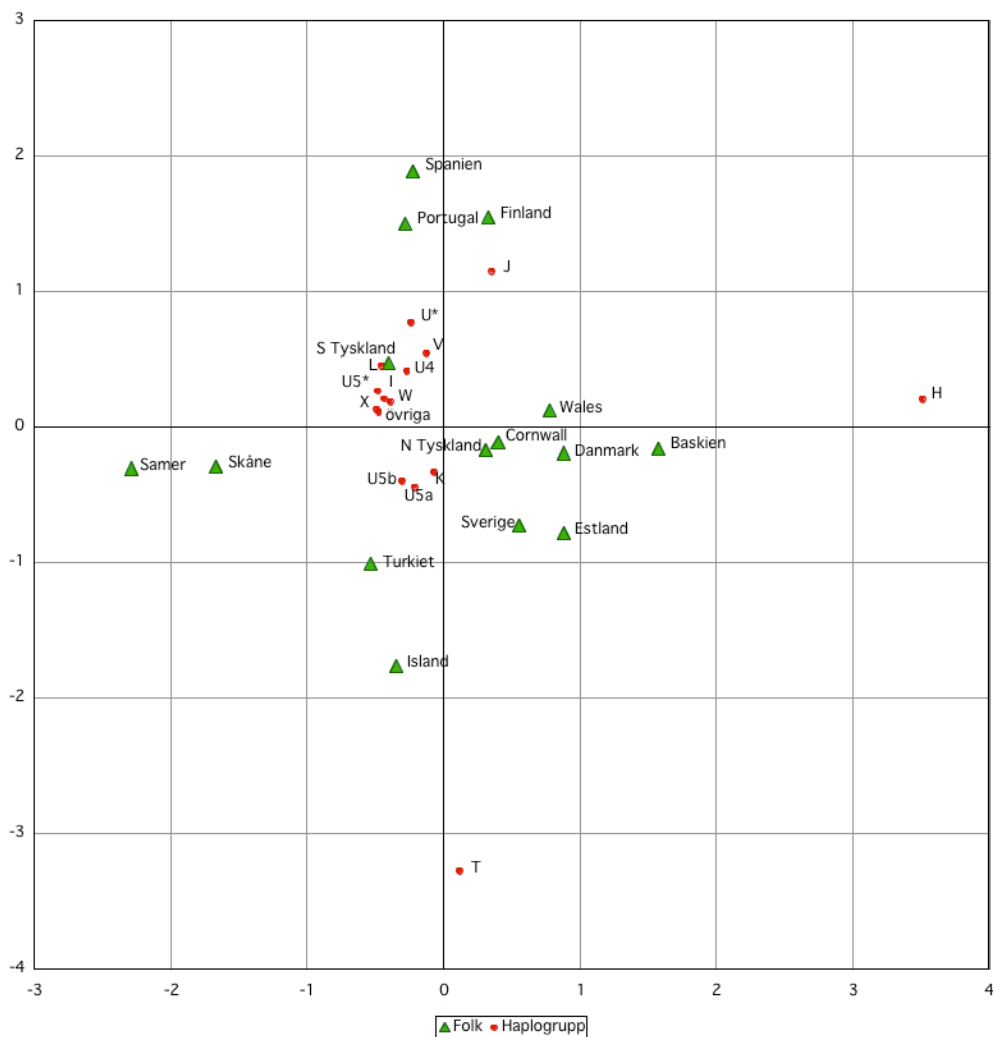
Den andra axeln i PCAn i Figur 2-32 står endast för knappa 6% av variationen, och med tanke på det ringa urvalet skall man nog inte ta för högtidligt på variationerna längs y-axeln.

³⁰ Online på <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>. Välj "Nucleotide" och skriv till exempel "Sweden mitochondri* control region", så får du upp ett antal analyser av mtDNA-data. Sedan är det en annan sak att det är rena gallimatiasen om man inte vet hur man skall hantera data.

Dock är det slående hur nära varandra Danmark, norra Tyskland, Baskien, Cornwall och Wales faller – och även Island, vars punkt dock är dragen en bit åt Skåne till. Det är lite kuriöst hur nära varandra Sverige och Estland hamnar, och hur långt bort från dessa Finland ligger. Som sagt var skall man inte ta för allvarligt på detta, men var och en kan ju roa sig med att fundera över om denna fördelning av punkterna är ett resultat av det naturliga urvalet snarare än av folkvandringar – även om de två faktorerna naturligtvis inte kan frikopplas från varandra, eftersom folk som har till exempel fiske som näringsfång ju främst tenderar att kolonisera kuster, om ni förstår vad jag menar.

Den andra typ av analys som har gjorts kallas just korrelationsanalys, eftersom den maximerar korreleringen av – i detta fall – haplogrupper med folk. Om ett folk karaktäriseras av en viss haplogrupp, så kommer det folket och den haplogruppen att falla intill varandra. Resultatet (Figur 2-33) var emellertid inte så enkelt att tolka. Dock är folkens placering längs x-axeln nästan hundra procentigt korrelerad till deras frekvens av haplogrupp H, vilken har antagits ha baskerna som sitt ursprung.

Européernas DNA från en geografiskt perspektiv



Figur 2-33. Korrelationsanalys av folk och haplogrupp (x är den viktigaste axeln, y den näst viktigaste). Haplogrupperna är grupperade i 15 grupper, samma som antalet folk. Av diagrammet framgår att den viktigaste faktorn är frekvensen

av haplogrupp H, och folken fördelar sig längs x-axeln efter hur mycket eller lite H de har. Baskerna har mest, 72%, samerna minst, 8%. Flera folk faller annorlunda än i förra analysen, men åter igen kan man notera att svenskar och ester hamnar nära varandra, medan finnarna hamnar långt borta.

Korrelationsanalysen har en tendens att trycka ihop extrema värden in mot mitten. Mycket riktigt så framstår inte skillnaden mellan samer och övriga folk som lika markant i denna graf. Man får också komma ihåg att antalet personer i de olika folken är mycket lågt, speciellt för Island (14 pers),

Läser man Helgason *et al.* (2000)⁷, så fanns det bland 325 islänningar hela 11,7% av T, och den näst största haplotypen var till och med en variant av T som inte hade anträffats någon annan stans. I detta urval av 14 personer fanns det dock ingen med T – men 3 personer med J, vilket är en stark överrepresentation.

Y-axeln förefaller vara förknippad med frekvensen av både J och T hos folken. I detta urval har Finland och Island relativt mycket av dessa haplogrupper tillsammans, och hamnar därför längre från x-axeln än Sverige med flera.

Sammanfattningsvis antyder grafen att basker och samer förefaller vara ändpunkter i en skala. Det är allmänt accepterat att baskerna bidragit mycket till genpoolen i stora delar av Europa. Samerna betraktas som en anomali, som inte hör till den europeiska genpoolen. När vi nu hittar samma haplogrupper i Skåne så ställer det den åsikten på huvudet. Därför bör vi försöka gå vidare och försöka se hur långt likheten verkligen sträcker sig.

Gåtan samer och skåningar

Kartorna talar sitt tydliga språk, korrelationsanalyserna ovan säger samma sak, men till *syvende og sidst* så är de ju faktiskt allihop baserade på haplogrupper, inte haplotyper. Det kan ju vara så, att de två folken delar samma haplogrupp, men inte har exakt samma mutationer för det. För att kontrollera hur nära släkt de egentligen är måste man titta på individ för individ, och se vilka mutationer de har. Det är minst sagt svårt att få någon visuell överblick över en sådan tabell (en som jag visade tabellen för sa att det såg ”psykedeliskt” ut). Därför är det bättre att redovisa data grafiskt i ett släktträd. Dessutom innehåller faktiskt släktträdet mer information än tabellen.

Om man skulle ge sig på att analysera mtDNA-sekvensen för samtliga personer i en trakt så skulle naturligtvis många ha exakt likadant mtDNA. Tar man ett urval av personer så missar man vissa haplotyper, men man kan ändå få en idé om huvuddragen i släktträdet. I en finsk studie med 480 personer från norra Finland (Finnilä *et al.* 2001), fanns det till exempel 192 olika mtDNA-sekvenser.

Denna grupp människor hade den högsta frekvensen av W av alla studier som jag stött på. Eftersom W1 är stjärnformad kan man förmoda att detta folk är källan för den haplogruppen. Det betyder i sin tur att det i norra Finland med viss sannolikhet finns resterna av ett tidigare unikt folk, som nu blandats upp med omgivningen. Historiska källor ger vid handen att det bör vara antingen kvänerna eller bjärnerna som döljer sig bakom

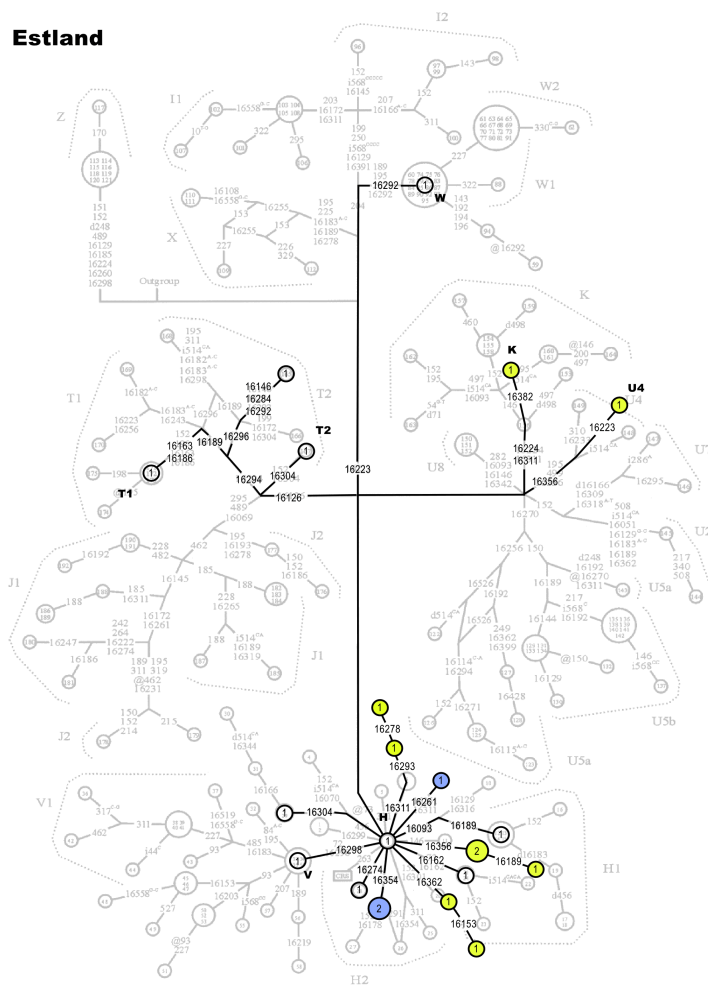
W, eller både och (de hade besläktade språk enligt vikingatida källor).

Detta släktträd från norra Finland (Kajanaland, norra Savolax, del av Österbotten) har jag använt som bakgrund för att plotta data från några betydligt mindre studier. Innan vi kommer till samer och skåningar vill jag visa några andra, ”normala” europeiska populationer som jämförelse. I de följande figurerna visas släktträd framställda med samma data som användes i korrelationsanalyserna ovan. Vi börjar med Estland, Sverige och Danmark (Figurer 2-34 till 2-36).

En hastig blick på släktträden för ester, svenskar och danskar visar att de ser i stort sett likadana ut: En ganska stjärnformig H-haplogrupp runt CRS, en låg halt av V, och lite spridda representanter för T, J, K och U (U4 i Sverige och Estland, U5a i Sverige och Danmark). Dessutom har både Danmark och Estland en vardera av W.

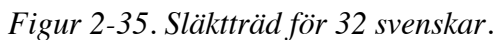
Jämför nu med skåningarna (Figur 2-37) och samerna i Finnmark (Figur 2-38). Bägge dessa urval saknar helt T, J och K. Grundhaplotypen för V är den dominerande hos dem bägge – exakt samma haplotyp. Näst vanligast är U5b1, också där exakt samma. På tredje plats kommer en haplotyp med hela 5 mutationer i HVS1, lika hos bägge folken. Vad mera är, vid mina genomgångar av data för ett par tusen individer från hela Europa och västra Asien inklusive Mellanöstern, har jag inte anträffat *en enda* individ med denna kombination, som inte var skåning eller same!

Estland

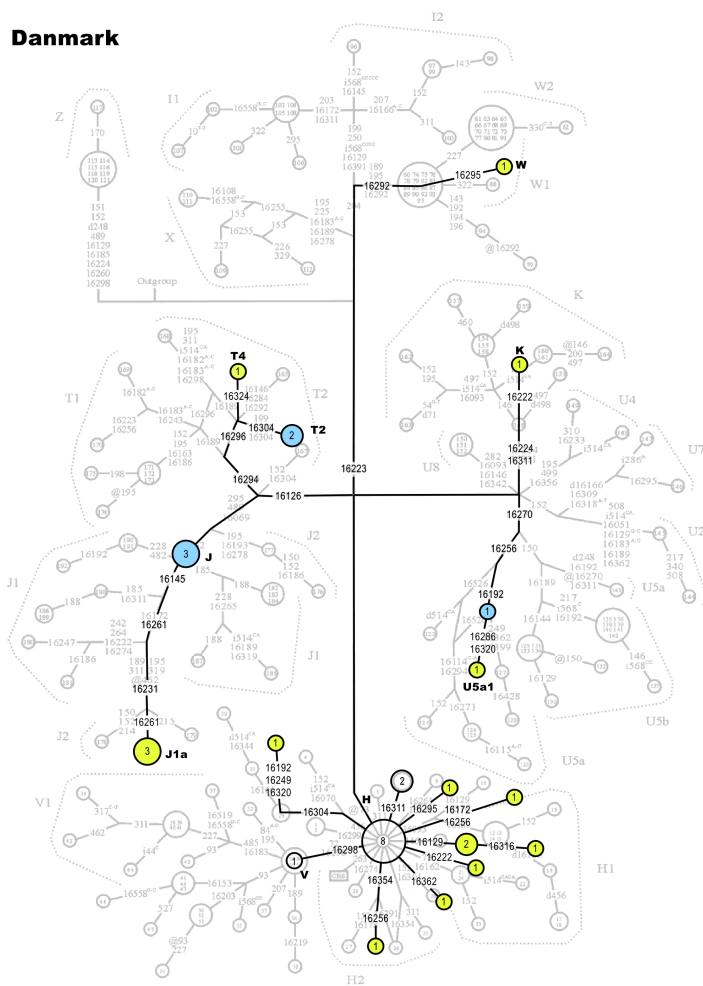


Figur 2-34. Släkträd för 20 ester, ovanpå ett nedtonat släkträd från norra Finland. Siffrorna på linjerna avser vilken mutation som inträffat. Numren i cirkklarna avser antalet individer (de finska siffrorna anger individernas löpnummer). Gul färg avser en haplotyp som anträffades hos esterna men ej

hos finnarna. Blå färg avser detsamma, med tillägget att en dotterhaplotyp till den anträffades hos finnarna.



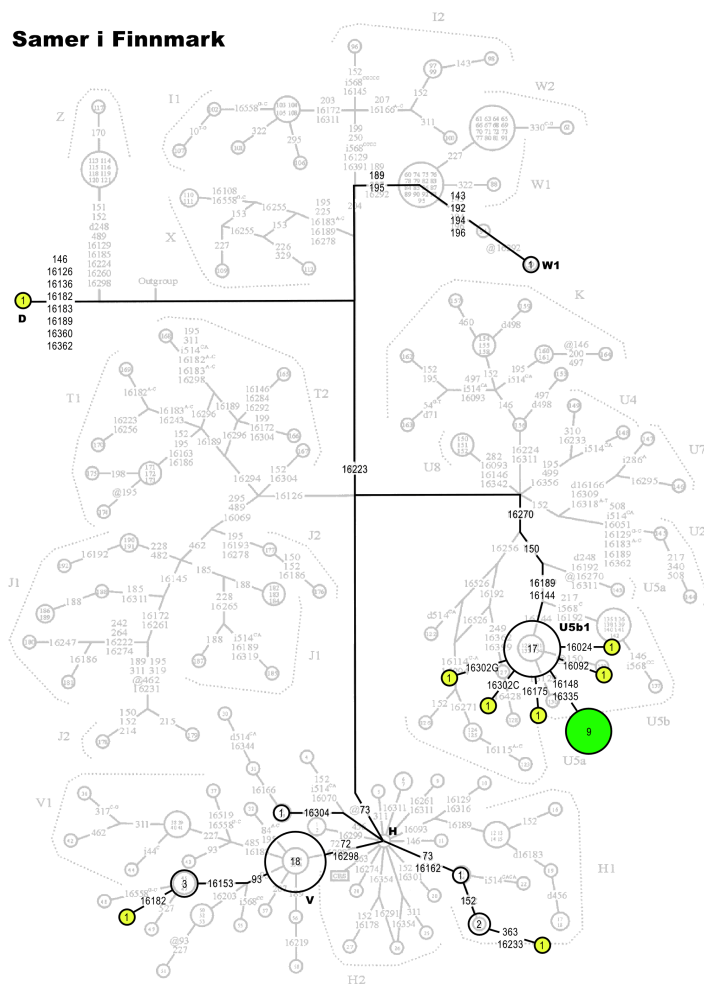
Danmark



Figur 2-36. Släktträd för 33 danskar.

Européernas DNA från en geografisk perspektiv

Samer i Finnmark



Figur 2-38. Släktträd för 61 samer i norska Finnmark. Även HVS2 har här analyserats.

Som framgår av bakgrunden till grafen anträffades den heller inte i norra Finland, trots att hela 480 personer provtogs där. Och, som grädden på moset, även en V-haplotyp hos skåningarna som ligger tre mutationer från grundvarianten, har anträffats hos samer i en annan studie (Torroni *et al.* 1998³¹ och referenser däri).

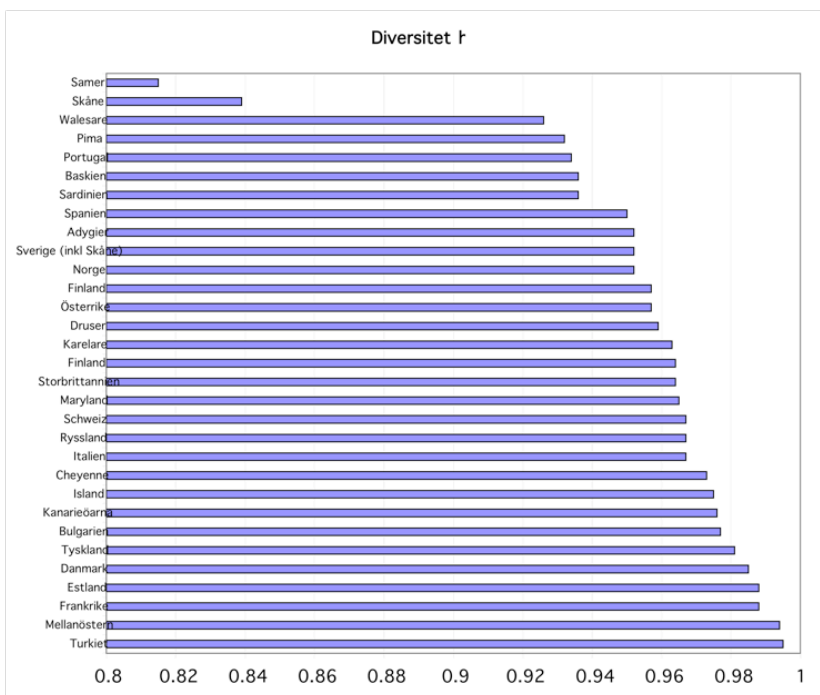
Dessa släkträd visar att skåningarna och samerna som deltog i dessa undersökningar är mycket nära släkt. De tre dominerande haplotyperna hos samerna fanns också hos skåningarna – och de var även de tre dominerande där (med en delad tredje plats). Det är en häpnadsväckande likhet! Man undrar nästan om proverna i Skåne togs på medlemmar av ”Samiska Studentföreningen”, eller om laboratoriet blandat ihop proverna...³² Det är naturligtvis angeläget att utöka dataunderlaget från Skåne genom att analysera fler personer.

Inte nog med att samer och skåningar har samma haplotyper, de har också nästan lika lite heterogenitet – det vill säga, de är lika genetiskt homogena på mödernet. Figur 2-39 visar heterogeniteten i mtDNA, med data från flera källor. Notera hur extrema samerna och skåningarna är.

³¹ Torroni, A., Bandelt, H.J., Durbano, L., Lahermo, P., Moral, P., Selitto, D., Rengo, C., et al., 1998: mtDNA analysis reveals a major late paleolithic population expansion from southwestern to northeastern Europe. *American Journal of Human Genetics*, 62: 1137-1152.

³² Allvarligt talat så har ett flertal andra forskare använt dessa resultat, alltid sammanslagna med andra prov, och ingen har mig veterligen ifrågasatt deras riktighet.

Européernas DNA från en geografiskt perspektiv



Figur 2-39. Haplotypdiversitet för mtDNA.

Den dominerande haplotypen i Skåne är alltså V. Tendensen hos Finnmarkssamerna är att H endast finns hos kustsamer, V är vanligare på kusten än i inlandet, och U5b1 dominerar starkt i inlandet (speciellt mot svenska gränsen, i Kautokeino, i övre delen av Altas dräneringsområde). Det antyder att V och H kan ha kommit samma väg – längs kusten – och att U5b1 är den mest ”ursamiska” haplogruppen.

Varifrån kommer haplogrupp V?

Låt oss först se vad forskarna har kommit fram till om ursprunget för V.

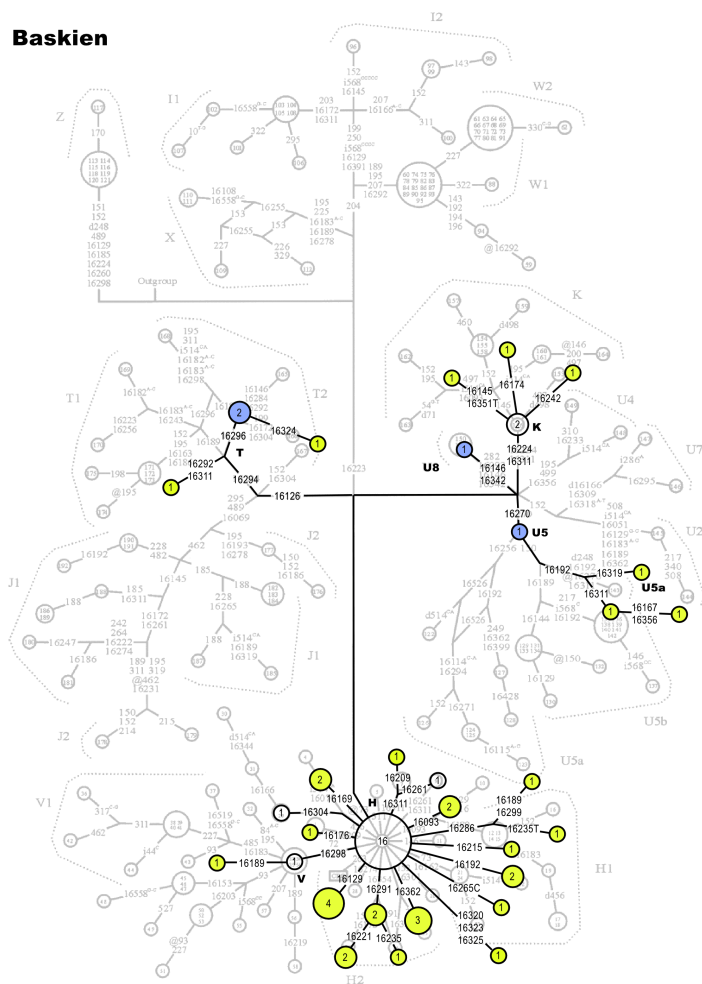
Torroni *et al.* (1998)³¹ kom fram till att haplogrupp V uppstått i trakten av Baskien för omkring 13000 år sedan. De drog slutsatsen att Europa återbefolkats från den Iberiska halvön efter istiden, eftersom H och V verkar följas åt. Haplogrupp V finns i hela nordvästra Europa med några få procent, samt på norra Sardinien och hos Nordafrikas berber. Högst frekvens har den hos samerna.³³

Störst diversitet (antal efterföljande mutationer) har emellertid V på Iberiska halvön ($0,77 \pm 0,19$), följt av berberna ($0,56 \pm 0,25$). Samerna har endast $0,09 \pm 0,04$ som medelantal mutationer från grundversionen (grundversionen är ju dominerande i frekvens, liksom hos skåningarna). Resterande europeiska folk sammantaget får värde $0,63 \pm 0,11$. Ett släktträd för basker visas i Figur 2-40.

³³ De ovannämnda data från Skåne (från Kittles *et al.* 1999) var ännu inte publicerade, men på tal om dessa så har de mig veterligen ännu inte vägt in i samband med en diskussion om V eller U5b1. Det beror förmodligen på flera faktorer: (1) Kittles *et al.* (1999) redovisade inte några haplogrupper; (2) det finns tryckfel i Kittles *et al.* (1999) som gör det svårt att analysera data (detta är bekräftat av Richard Kittles per e-mail); (3) data redovisas som representativa för "Sverige", varför de som har använt data, t.ex. Helgason *et al.* (2000), har slagit ihop dem med andra undersökningar först, så att det särpräglade med dem försvunnit i mängden.

Européernas DNA från en geografisk perspektiv

Baskien



Figur 2-40. Släktträd för basker (samma studie som i korrelationsanalysen).

Av detta skäl drog forskarna slutsatsen att nuvarande Baskien nog var urhemmet för haplogrupp V. De stödde också sin slutsats på andra argument: Att det varit svinkallt i Europa under istiden, och att folk därför dragit till Spanien för att få lite värme; samt att Magdalenienkulturen spreds från den Iberiska halvön hela vägen upp till Polen i slutet av istiden. Samerna skulle enligt deras analys ha fått haplogrupp V från något folk i norra Europa i relativt sen tid, och haplogruppen skulle ha blivit såpass vanlig på grund av en stark grundareffekt.

Det dröjde dock inte mer än ett år innan ett par baskiska forskare menade sig ha kullkastat teorin. Stenålderns basker hade nämligen inte haplogrupp V. Åtminstone inte någon av de 121 individer som levde för ungefär fyra – fem tusen år sedan, och som nu sent omsider fått sitt mtDNA analyserat av Izagirre & de la Rúa (1999)³⁴.

Det är dessutom så, att dessa stenåldersbasker skiljde sig ganska mycket från dagens basker. De hade 37,2% H, 12,4% J, 19,8% K, 16,5% U, 9,1% T+X, samt 5% övriga och okända. Ingen I, V eller W. Analysen gjordes med restriktionsenzym, inte genom att avkoda DNA-molekylen, så det går inte att göra ett släktträd för dessa som är jämförbart med det i Figur 2-40 för baskerna.

Det som forskarna fokuserade sin artikel på var att de saknade V, men det är nästan ännu mera frapperande hur mycket

³⁴ Izagirre, N., & de la Rúa, C., 1999: An mtDNA Analysis in Ancient Basque Populations: Implications for Haplogroup V as a Marker for a Major Paleolithic Expansion from Southwestern Europe. *American Journal of Human Genetics*, 65: 199-207. Online på <http://www.journals.uchicago.edu/AJHG/journal/>

mindre de hade av H: Betydligt mindre än dagens medelvärde i Västeuropa! I gengäld hade de mera av J, K och T.

Hur lika eller olika är då stenåldersbaskerna dagens basker? Korrelationen mellan nutidens och dåtidens basker (0,86) är faktiskt *lägre* än genomsnittet för korrelationen mellan nutidens basker och övriga europeiska folk (om man utelämnar samerna). De är alltså *rejält* annorlunda. Stenåldersbaskerna korrelerar relativt sett bättre med islänningar, medan de nutida baskerna korrelerar relativt sett bättre med ester och finsk-ugriska folk i Ryssland. I absoluta tal är dock de forntida baskerna mest lika de nutida portugallerna. Vad skall man tro om det? Har baskerna förändrats som en följd av invandring från nordost, istället för tvärtom? Eller är det en följd av att det naturliga urvalet har sållat fram den mest framgångsrika haplogruppen för det europeiska klimatet – eller kanske för en jordbrukande befolkning?

Det naturliga urvalet kan ju ändra procenttalen, men det kan inte introducera haplogrupp V. Låt oss återvända till den – var kan den ha uppstått om inte hos baskerna?

Alternativ nummer två var berberna. Faktiskt så överlappar ju sannolikhetskurvan för baskerna och berberna varandra, när det gäller haplogruppens diversitet. Det finns alltså en viss sannolikhet för att data är missvisande, och att det faktiskt är berberna som har störst diversitet. Tänk om V kommer från Nordafrika?

Alternativ nummer tre var, enligt Torroni *et al.* (1998), samerna, eftersom de hade mest V. Baserat på vad vi nu tror oss veta kan vi därför lika gärna ersätta samerna med skåningarna i den ekvationen, eftersom ju skåningarna hade ännu högre frekvens av V. Men diversiteten är ju väldigt låg,

invänder den som har följt med i tankegången. För det första, så är det inte omöjligt att förklara: Om den effektiva befolkningsstorleken var liten, och den sedan snabbt expanderade, så skulle man kunna få den effekten även om haplotypen är gammal. Det faktum att det endast i Skåne och hos samerna anträffats en underhaplotyp som har så mycket som 3 mutationer ansamlade i HVS1, antyder ju att haplotyp V funnits där ett tag. För det andra är det kanske inte ens sant. I de data vi här använder fanns det 3 mutationer på 12 individer i Skåne, alltså $3/12 = 0,25$. Detta är i HVS1 allena, liksom de tidigare data. Finnmarkssamerna får värdet 0,23. Men om vi tittar på norra Finland, de 480 personer vars släktträd ligger som en skugga bakom de övriga släktträden ovan, så finns det 27 personer med V. Majoriteten av dem har 1 mutation, och medeltalet är 0,70 mutationer från grundversionen (jag räknade inte 16519 eller 16558 eftersom de är utanför det som normalt analyseras i HVS1; räknar man in dem blir medeltalet 0,81).

Kan haplogrupp V ha uppstått i Finland? Låt mig citera Torroni *et al.* (1998, s. 1143): "Screening for ... has revealed that some mtDNAs with the sequence features of the common ancestor of haplogroups V and H are still present in the Druzes, central Italians, Sardinians, *and Finns*" (min kursivering). Den gemensamma anmodern till V och H finns alltså hos finnarna, samtidigt som norra Finland har en hög diversitet. Det verkar lovande, men låt oss också se på de alternativa kandidaterna innan vi utropar en segrare.

Haplogrupp V har *inte* anträffats i centrala Italien (varmed säkert avses Toscana) eller hos druserna. Sardinien, slutligen, blev inte befolkat förrän för 9000 år sedan, uppenbarligen per båt. Fyra personer med haplogrupp V har anträffats på ön, varav 2 hade en mutation vardera från grundtypen. Den ena av

dessa mutationer (16189) har också anträffats i Schweiz och hos berber i Algeriet (Torroni *et al.* 1998) samt hos basker (Figur 2-40). Det finns inget som direkt talar för att Sardinien var urhemmet. Berberna framstår dock fortfarande som en möjlig konkurrent om titeln, eftersom det är troligt att den gemensamma anmodern också finns där.

När det gäller norra Finland som urhem för V så finns det ett litet problem: För 13000 år sedan låg det ett par kilometer is på platsen ifråga. Emellertid är det inget starkt motargument, eftersom å ena sidan haplogruppen kan ha kommit med det koloniserande folket dit i takt med att isen smälte av, och å andra sidan haplogruppen lika väl kan vara flera tusen år yngre. Åldersbestämning av haplogrupper är som sagt ingen exakt vetenskap. Antagandet som görs är att man känner till alla mutationer, vilket vi naturligtvis inte gör. Men även om vi gjorde det, så kan vi aldrig komma ifrån en viktig faktor, nämligen slumpen. Till råga på allt så finns också möjligheten av att det naturliga urvalet verkat.

Tentativt kan man nog anta att V uppstod i ett folk vars ättlingar nu bor i norra Finland, snarare än hos berberna. Detta eftersom den högsta diversiteten finns i Finland, och de högsta frekvenserna av V finns i Finlands grannskap: I Lappland och i Skåne.

Berberna kan ha fått V som ett resultat av vandalernas folkvandring, om man hypotetiskt antar att vandalerna hade lika hög frekvens av V som dagens skåningar. På den tiden fanns ju inte araberna i nordvästra Afrika, så det förefaller logiskt att vandalernas gener idag skulle återfinnas hos de tidigare invånarna, berberna.

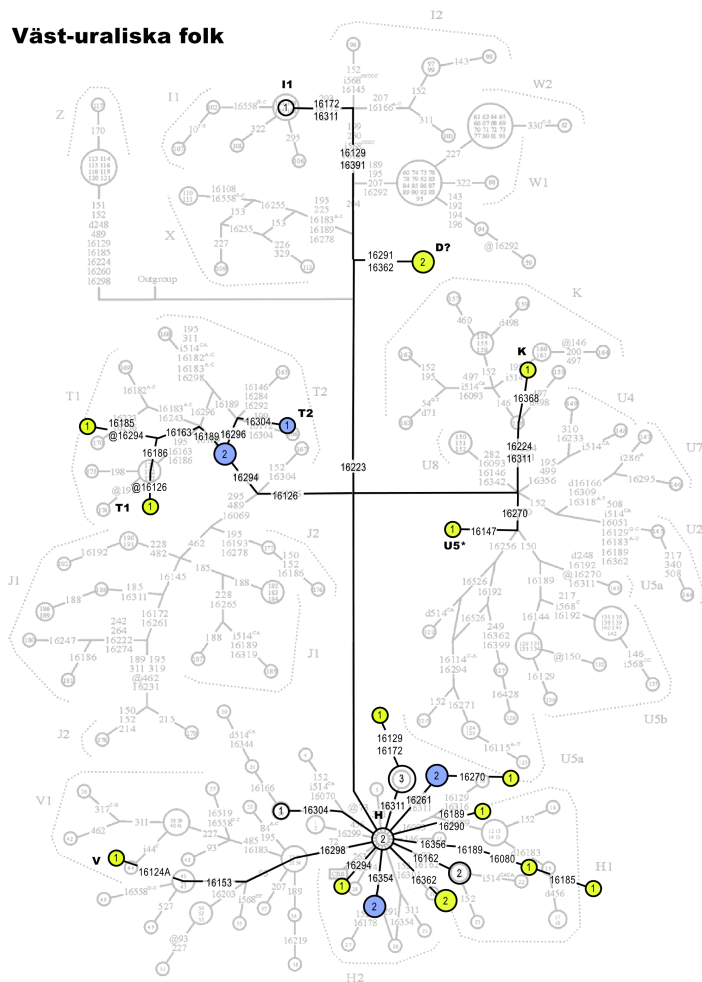
Men säg den glädje som varar. Som jag senare skall återkomma till höll inte argumentet att V inte fanns hos stenåldersbaskerna. V kan alltså fortfarande också ha kommit därifrån, till norra Finland, för bra länge sedan.

Varifrån kommer då samerna?

Eftersom finnar och samer båda talar finsk-ugriska språk, så ligger det nära till hands att jämföra med andra finsk-ugriska folk för att finna finnarnas och samernas ursprung. De samiska generna fanns ju representerade i norra Finland, som vi sett. Finns de också representerade hos finsk-ugriska folk i östra Ryssland? Figur 2-41 visar ett släktträd upprättat över 16 komer (förr syrjäner), 8 mordviner, 2 marier (förr tjeremisser) och 2 udmurter (förr votjaker). Komiska och votjakiska är närbesläktade permiska språk, medan ”mordvinska” och tjeremissiska förr fördes till en grupp kallad Volga-finska, men vars släktskap nu ifrågasatts. Som en sammanfattande benämning på dessa folk används här väst-uraliska.

Notera att mordvinerna består av två folk och språk, erza och moksja, som är utseendemässigt olika: Erza är mera ljusa och blåögda, moksja mera mörkhåriga och brunögda (enligt uppgift från en erza på Internet, som inte kunde förstå varför ryssarna envisades med att klumpa ihop dessa två obesläktade folk i en grupp – vilket för övrigt Nationalencyklopedin också gör). Tyvärr är det alltså inte känt om det var erza eller moksja som provtogs.

Väst-uraliska folk



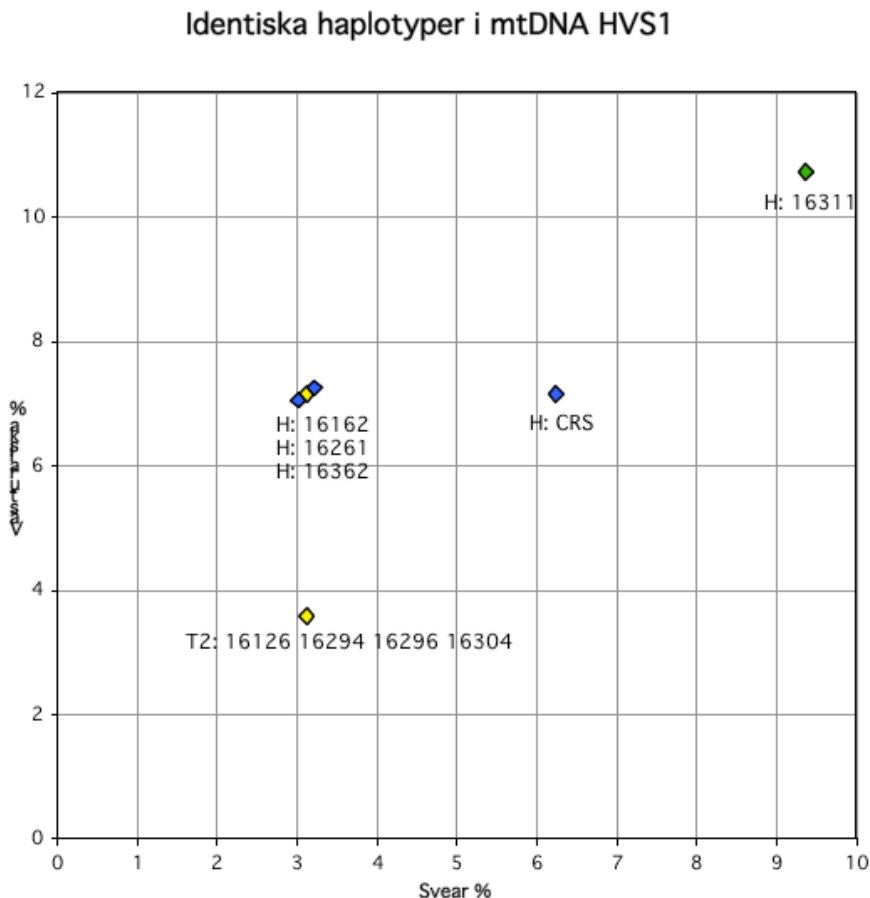
Figur 2-41. Släktträd över mtDNA från 28 individer representerande 4-5 olika väst-uraliska folk (se texten), från östra europeiska Ryssland.

I undersökningen fanns också med 10 khanter (förr kallade ostjaker), men eftersom detta finsk-ugriska folk bor i västra Sibirien, i floden Obs nedre lopp, öster om Uralbergen, och eftersom de inte hade en enda gemensam haplotyp med ovannämnda väst-uraliska folk, så utelämnades de (i deras prov fanns det mest asiatiska haplogrupper, samt J och T). Notera att det är khanter och marier som har högst frekvens av Y-kromosomhaplotypen N3, vilken uppenbarligen har västsibiriskt (öst-uraliskt) ursprung.

Uppenbarligen är inte dessa väst-uraliska folk någon "hot spot" för haplogrupp V. Dessutom kan vi notera att de helt saknar U5b1, den haplogrupp som dominerar hos samerna. Haplogrupp H står för över 50%, lika mycket som i norra och nordvästra Europa. Jämför man deras haplotyper med de hos övriga folk i databasen, så stämmer hela 6 av dem överens med Sverige (fem H, samt en T2; Figur 2-42). Inget annat folk delar så många haplotyper med de väst-uralska folken – inte deras grannar i Basjkiriens huvudstad Ufa (trots att hela 53 personer där deltog; basjkirerna talar ett turkiskt språk), och heller inte de i norra Finland (trots att 480 personer deltog där). Dessutom är de relativa frekvenserna av dessa 6 gemensamma haplotyper likartade hos de undersökta svenskarna och väst-uralerna.

Åter till frågan då om varifrån samerna kom. Det var uppenbarligen inte från de permiska eller Volga-finska folken i östra Ryssland. Är det några i Sverige som är nära släkt med dessa senare, så är det definitivt svearna.

Haplogrupp V gav oss heller ingen ledtråd, eftersom den sannolikt var ursprunglig i nordliga Fennoskandia. Det återstår en ledtråd att följa upp, och den kanske viktigaste, nämligen U5b1.



Figur 2-42. Jämförelse av frekvensen av de delade haplotyperna hos "svear" (svenskar som förmodas ha provtagits i Uppland), och finsk-ugriska folk väster om Uralbergen. Blå romb = förekom hos komer, gul romb = förekom hos mordviner, grön romb = förekom hos bägge de folken.

Samerna har ju mera av U5b1 än av V, och dessutom har de mycket mer genetisk variation i U5b1 än i V. Medelantalet mutationer är 0,74 (skåningarna har visserligen 0,88, men det är på ett mycket mindre statistiskt urval, så osäkerheten är större). Ser vi oss omkring i världen var denna haplogrupp finns i övrigt, så är den ytterst lite spridd enligt data i Richards *et al.* (2000): Grundtypen U5b1 (16144 16189 16270) finns enbart i Skandinavien och nordöstra Europa (en kategori som, i nämnda studie, dominerades av individer från Finland, Karelen och Estland). Den närmaste föregångaren U5b (16189 16279) fanns i låg frekvens över hela Europa, men var inte anträffad i Baskien. Högst frekvens hade föregångaren i sydöstra Europa, följt av Skandinavien.

I Genbank, den internationella nukleotid-databasen som finns tillgänglig på Internet, anträffade jag ytterligare några av grundtypen, nämligen en i norra Ryssland³⁵, en i Basjkirien³⁶, samt en i Grekland³⁷. Grekland betyder i detta fall 30 individer från Attika, och 18 från Kreta. I en analys av 186 personer från

³⁵ Markina, S.P., Belyaeva, O.V., Slominsky, P.A., Bebyakova, N.A., & Limborska, S.A.: Mitochondrial DNA diversity in eastern Slavonic populations. Unpublished.

³⁶ Bermisheva, M.A., Belyaeva, O.V., Slominsky, P.A., Khusnutdinova, E.K., & Limborska, S.A. Mitochondrial DNA diversity in eastern Slavonic populations. Unpublished.

³⁷ Vernesi, C., Di Benedetto, G., Caramelli, D., Secchieri, E., Simoni, L., Katti, E., Malaspina, P., Novelletto, A., Marin, V.T. & Barbujani, G., 2001: Genetic characterization of the body attributed to the evangelist Luke. Proceedings of the National Academy of Science, USA. 98(23): 13460-13463.

enbart Kreta³⁸ saknades den, varför man kan förmoda att det var i Attika som U5b1 fanns. Det fanns även 2 personer med U5b i Grekland, och 1 på Kreta. Hela släktträdet för den grekiska studien visas i Figur 2-43.

Notera att även om föregångaren U5b anträffats med en dryg procent i Skandinavien, och en knapp procent i ”nordöstra Europa”, så anträffades ingen med den haplotypen i norra Finland. Den finns i halter kring 1% i en zon från Östersjöområdet till Balkan, via Donaus och Dnjeprsrinningsområden. Högst frekvens har U5b i det grekiska urvalet, även om man skulle ha önskat sig att fler personer hade testats.

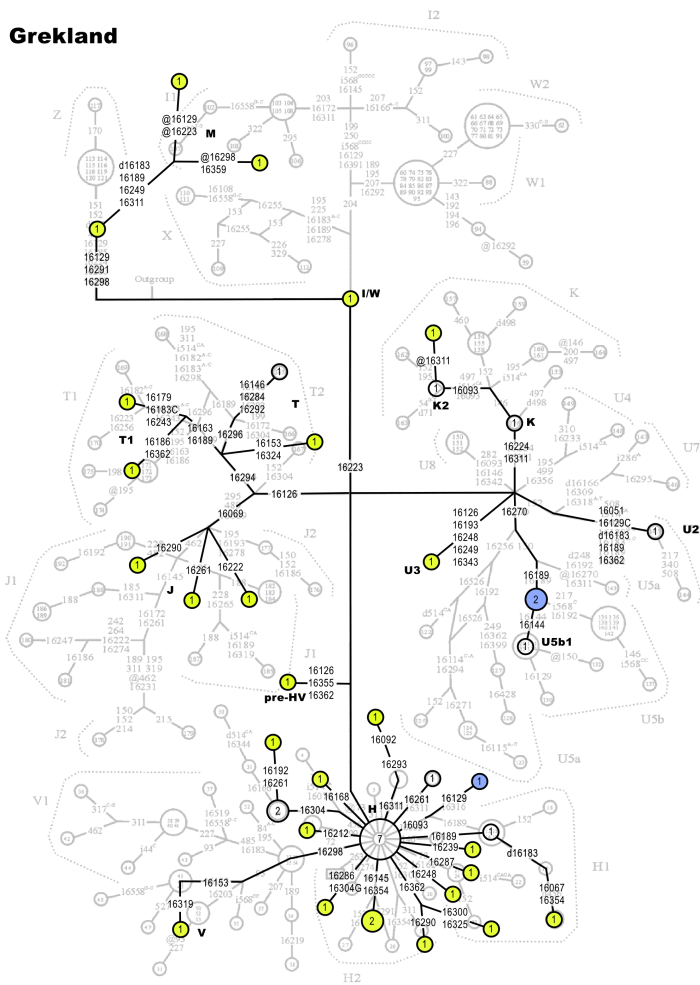
Tittar man på alla varianter av U5b så hamnar fortfarande sydöstra Europa i topp med 4,7%, men de har 0% U5b1 enligt samma databas. Den plats där både föregångaren och grundvarianten är vanligast är nog ändå Skandinavien, enligt Richters *et al.* (2000). Men var i Skandinavien? Föregångaren har varken anträffats hos samerna, svenskarna, skåningarna, eller finnarna i det material vi har tittat på, så var? Richters *et al.* hade blott 4 personer med U5b i Skandinavien. Det är för få för att kunna peka ut någon viss bestämd region.

Även Helgason *et al.* (2001)²⁰ anger ett ganska högt värde för U5b1 och dess varianter i Skandinavien: 2,33%. Av de 323 norrmän som de analyserade – ett urval som representerade hela landet enligt författarna – fanns det blott en person som hade föregångaren U5b, och 2 som hade grundtypen U5b1. Uppenbarligen är det inte från vårt broderfolk vi har den haplogruppen. Var fanns alla de som bidrog till detta höga procenttal, 2,33%?

³⁸ Villems, R.: Direct Submission 1999-11-02. Institute of Molecular and Cell Biology, Tartu University, Riia 23, Tartu 51010, Estonia.

Européernas DNA från en geografisk perspektiv

Grekland



Figur 2-43. Släktträd över mtDNA för 30 personer från Attika och 18 från Kreta.

Totalt hade de 645 personer i sin databas, vilka fördelar sig som följer:

1. Norge	323 pers	egna analyser
2. Norge	216 pers	från Opdal <i>et al.</i> (1998)
3. Sverige	28 pers	från Kittles <i>et al.</i> (1999)
4. Sverige	32 pers	från Sajantila <i>et al.</i> (1996)
5. Danmark	15 pers	från Mitochondrial DNA Concordance
6. Danmark	31 pers	från Richards <i>et al.</i> (1996)

Data från källa 2 och 5 har jag inte tillgång till, och av de övriga är det endast 1 och 3 som har någon enda person med U5b1: 3 respektive 8 personer. Helt klart är koncentrationen störst i den studie som fann att 8 av 28 hade U5b1. Var togs de proven då? I Skåne, i Lund... Det är just den studien som gav de extrema värdena på U5b1 – de näst högsta efter samerna.

Vi kan alltså eliminera Norge som källa, men Danmark och Sverige vet vi för lite om. Tyvärr är det nämligen så, att vi ännu vet på tok för lite om den genetiska variationen av mtDNA-haplotyper i dessa länder. Norge, Finland och Island har analyserats ungefär tiofaldt mera än Sverige och Danmark.

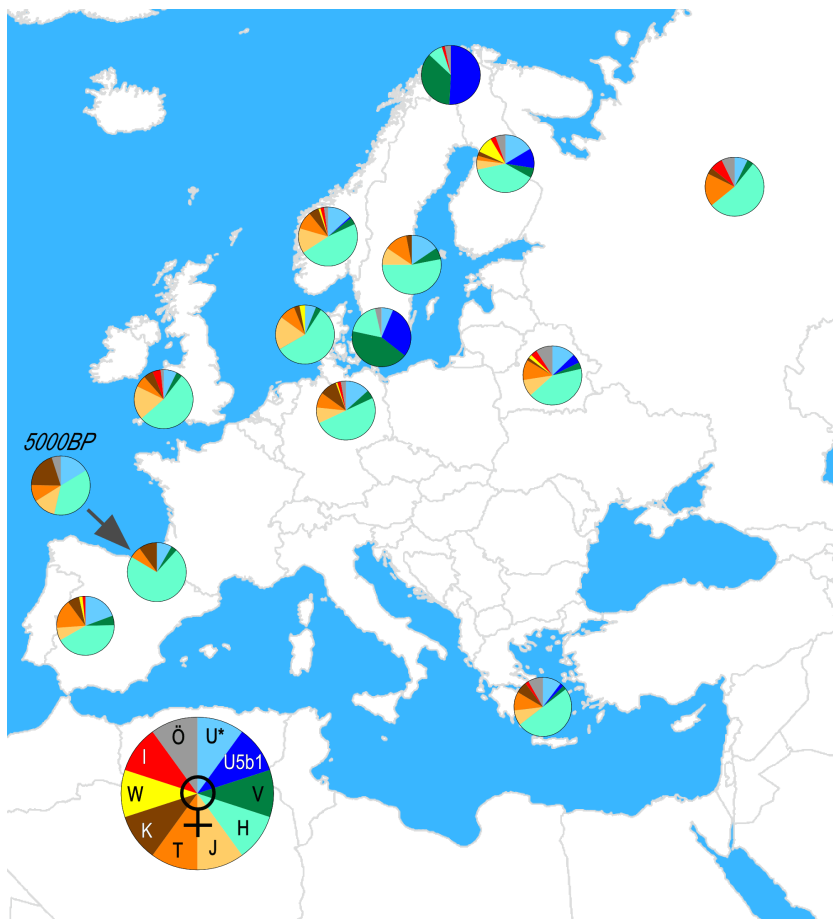
De enda möjliga platser som återstår som *hot spot* för U5b1 är de östersjöfinska områdena: Finland, Estland, och angränsande delar av nuvarande Ryssland. Där finns det knappa 3% av U5b1 enligt Helgason *et al.* (2001) – men det kan ju hända att det handlar om samiska gener som har förts dit, antingen i verkligheten eller i statistiken.

Sammanfattningsvis, vi hittade en enda ynklig U5b i Norge, med desto fler i Grekland. Vi vet att indoeuropéer invandrade till Grekland under det andra årtusendet före vår tideräknings början. En möjlighet är att U5b1 uppstod där dessa protogreker bodde tidigare, och att skåningar och samer fick haplotypen därifrån.

När det gäller frågan om samernas och skåningarnas ursprung så kommer vi nog inte så mycket längre med mtDNA-data. Vi kan konstatera att samerna är en blandning av ungefär 100%

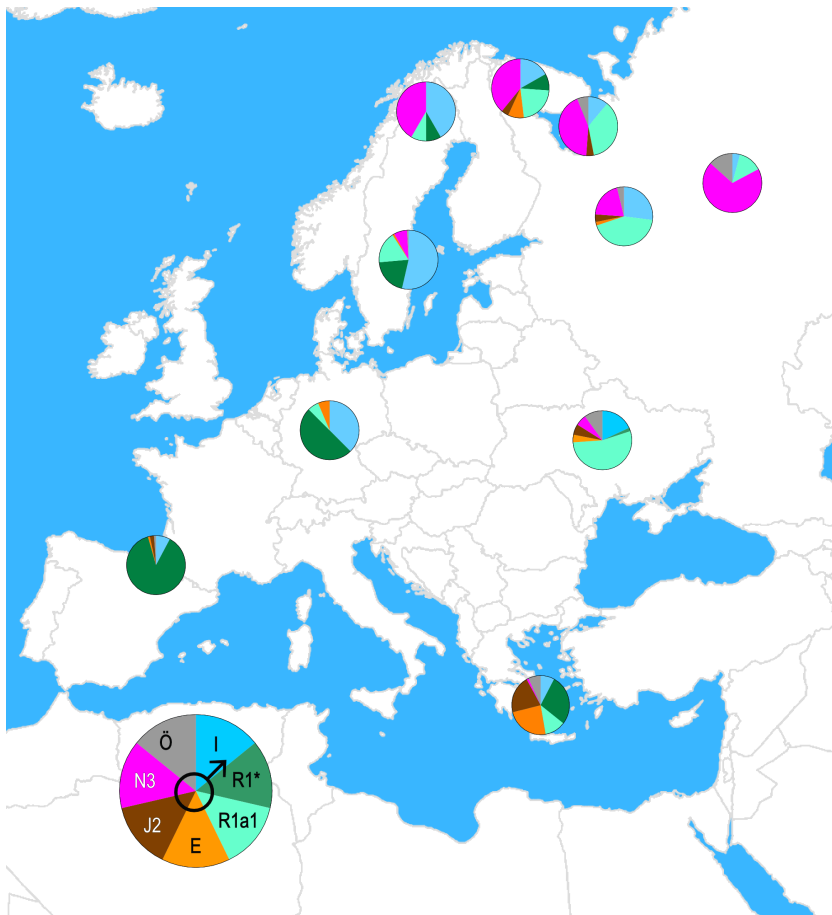
ur-europeiska (paleolitiska) kvinnor, med 60% av män från samma ursprung, och 40% män av västsibiriskt ursprung. Vidare kan vi gissa att skåningar och samer var mycket nära släkt, innan samerna blandades upp med västsibiriska män någon gång de senaste årtusendena.

Sammanfattande kartor



Figur 2-44. Haplogruppfördelning i mtDNA hos några europeiska folk. Alla cirkeldiagram utvisar nutida förhållanden, utom den som är märkt 5000BP, vilket visar stenåldersbaskernas haplogruppfördelning. Observera hur

lika alla är, med undantag för skåningar och samer. Ö = övriga. U är i huvudsak U5 utom U5b1, men utanför Skandinavien finns också mer av andra U-haplotyper.*



Figur 2-45. Haplogruppfördelning i Y-kromosomen hos några europeiska folk. Trots att det finns färre haplogrupper och

mindre genetisk variation än i mtDNA, så är det mycket mer variation på frekvenserna. Cirklar på samma plats som i föregående figur avser samma population, medan närliggande cirklar avser överlappande populationer. R1 är i huvudsak R1b.*

I två kartor visas här haplogruppfördelningen i några utvalda populationer i Europa. Folk sydöst om Alperna och Karpaterna har medvetet utelämnats, med undantag för grekerna.

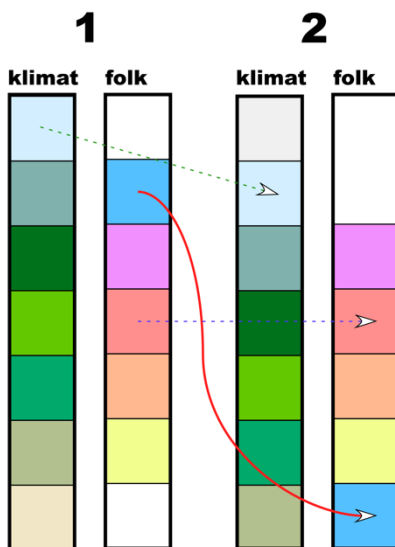
Figur 2-44 visar fördelningen av mtDNA hos några europeiska grupper, och Figur 2-45 visar fördelningen av Y-kromosomhaplogrupper. Så långt möjligt har urvalet valts så att släktskap på modernet och fädernet skall kunna jämföras hos samma population. Även färgerna har valts för att underlätta jämförelser (blått = från första paleolitiska invandringen, grönt = från andra paleolitiska invandringen, brunt = från slutet av istiden eller neolitikum).

Nu vet du, käre läsare, snart nästan lika mycket som jag eller någon annan om fördelningen av dessa icke-omkombinerande DNA-typer i Europa. Nu kan vi försöka börja använda data till att räkna ut vad som till sig dragit haver i svunnen tid. Det är dock ingen lätt uppgift, eftersom problemet är underdefinierat, som det heter. Det har nämligen varit så oförsämrat mycket folkrörelser, så att det finns många fler okända i ekvationen än vad vi har data – trots att vi har så mycket data. Därför blir den första och viktigaste slutsatsen denna: Européerna har varit mycket mobila genom tiderna. Och förmodligen har de flyttat långväga, på karaktäristiskt folkvandringsmanér, snarare än gradvisa utbredningar.

Det finns en enkel teoretisk förklaring till detta. När klimatet varierar – vilket det gör ovanligt mycket i Europa – så kommer folk i ena änden av människornas utbredningsområde i svårighet. Samtidigt förbättras miljön i motsatt ände: När det blir torka i söder så blir det ofta mindre stränga vintrar i norr, och när det blir kallt och missväxt i norr så blir det gärna frodigare i söder. Men för de människor som bor intill det förbättrade området finns det ju ingen anledning att flytta. Där blir det endast tal om en långsam expansion i takt med befolkningstillväxten.

De människor som lider av svält däremot, de kommer att ge sig av. De kommer dock att mötas av bebott land överallt – ända tills de kommer till motsatt ände av den beboeliga zonen. Därför är det logiskt att folkvandringar till följd av klimatsvängningar förflyttar folk kors och tvärs över kontinenten, inte till det närmaste grannområdet (Figur 2-46). Den stora likformigheten i Europas mtDNA i förhållande till övriga kontinenter, kan säkert hänga ihop med att Europa är en klimatologiskt mycket instabil kontinent.

Figuren visar bara rörelser längs en axel, men i verkligheten finns det två. Extremerna i nord-syd är isande kyla med tundra och inlandsis i norr, het öken i söder (Sahara). Extremerna i öst-väst är torka i öster (Centralasien), och ett fuktigt, stormigt och kallt maritimt klimat i väster (när inte Golfströmmen värmer). Just nu är vi i ett läge där den beboeliga zonen är belägen nästan maximalt åt nordväst. Mera om detta i boken om Världen; här går jag istället över till att försöka koppla DNA-data till konkreta händelser i människans historia.



Figur 2-46. Principiell modell för hur människor som hamnar i en situation av överbefolkning på grund av att klimatzonerna flyttar sig, kan flytta till motsatt ände av den bebodda delen av världen, där naturens bärkraft samtidigt ökar (röd pil).

Diskussion: Förhistoriska folkvandringar

Att beskriva dagens fördelning av haplotyper kan göras relativt objektivt, men att försöka förklara varför vi får denna kartbild är betydligt mera spekulativt. Det finns ett otal faktorer som har, eller kan ha, inverkat på frekvensfördelningen. Till råga på eländet är det ofta oklart hur pass statistiskt representativa de ursprungliga data egentligen är. Det är helt enkelt inte möjligt att komma fram till en bild av förhistoriska folkvandringar utan att komplettera med annan information. Endast vissa aspekter kan därför beskrivas redan nu.

Det är lätt att få en idé och att låta sin idé kila iväg med sig, med resultat att man blir blind för fakta som motsäger den, och tolkar de data som man tycker stödjer den, på ett subjektivt sätt. Det är för att motverka denna psykologiska effekt som den vetenskapliga metoden utvecklades (i en grekisk koloni i Mindre Asien under antiken). Den går ut på att man – efter att ha fått en idé – istället försöker att motbevisa idén. Statistik kan användas på två sätt: För att utforska data tills man får en idé, och för att testa denna idé objektivt.

I detta sammanhang kallas naturligtvis idén för hypotes, och först efter att den har testats kritiskt (och man har misslyckats med att visa att den är osann), kan den kallas för teori. Sanning blir den däremot aldrig.

När man skall testa sin idé, eller hypotes, så måste man oftast göra vissa antaganden. Ett exempel på ett antagande i detta sammanhang, är att Europas och Mellanösterns befolkningar är

skilda populationer, och att utbytet av gener dem emellan endast gått från de senare till de förra vid vissa specifika tidpunkter i historien. När läsaren kommer till slutet av rapporten så är det viktigt att komma ihåg, att slutsatsen endast gäller under förutsättning att det inledande antagandet stämmer. Det är upp till läsaren själv att bedöma om antagandet är riktigt, ifall inga stöd getts i form av referenser. Jag nämner detta därför att det förekommer även i vetenskapliga sammanhang att oriktiga antaganden görs, men att artikeln ändå slinker igenom för publicering.³⁹

Detta sagt, så vill jag påpeka att det avsnitt som följer inte är avsett som en vetenskaplig artikel med hypotestestning, utan som en diskussion kring de fakta som redovisades i förra avsnittet. Det betyder att idéer kommer att presenteras, men inte testas – det ligger utanför bokens ram. Avsikten är bara att försöka bringa någon sorts ordning och reda i alla DNA-data, så att vi får med oss något användbart från DNA-studierna, till pusslet med att tolka Europas förhistoria. Alltså, vad är möjligt, vad är omöjligt, vilka idéer kan vi ta med oss?

³⁹ Ser man däremot på pseudovetenskapliga publikationer så är det typiska att man över huvud taget inte anger vilka antaganden man gjort. Implicita antaganden utan stöd, och felaktiga logikslut, är de två vanligaste anledningarna till att man kommer fram till grundlösa slutsatser, som till exempel att 'Gud måste finnas eftersom han ju skapade världen'. Notera att jag inte skrev *felaktiga*, utan *grundlösa* slutsatser, och det var medvetet. Argumentationsanalysen uttalar sig bara om argumentets giltighet, inte om slutsatsens sanningsgrad. Exemplet med gud är ogiltigt eftersom det grundar sig på ett implicit antagande att *någon* ju måste ha skapat världen, och att endast gudar kan skapa världar; därmed blir det också ett cirkelbevis. Det ogiltiga argumentet kommer från en religiös grupp i USA.

Ut ur Afrika

Den moderna människan kom från Afrika, därom råder nästan enighet idag, och utvandrade först av allt till södra Asien. Ser man på istidskartan över Europa är det inte svårt att förstå att de föredrog att hålla till höger när de kom till Syrien – innan de kom upp i de kalla bergen i Mindre Asien – och sedan följa Asiens varma sydkust bort till Indien och Sydostasien. Därifrån gick de över den torrlagda havsbotten till Indonesiens övärld, och via några mindre öar kom de så till Nya Guinea, varifrån de kunde gå torrskodda till Australien (Figur 2-47). Det finns fortfarande gener kvar från dessa mycket tidiga invandringar. Australasiens befolkningshistoria är dock värd en egen bok, och eftersom det inte riktigt hör till Europa ens om man sträcker ut fantasin maximalt, så lämnar vi nu detta ämne lika hastigt som vi kom in på det.

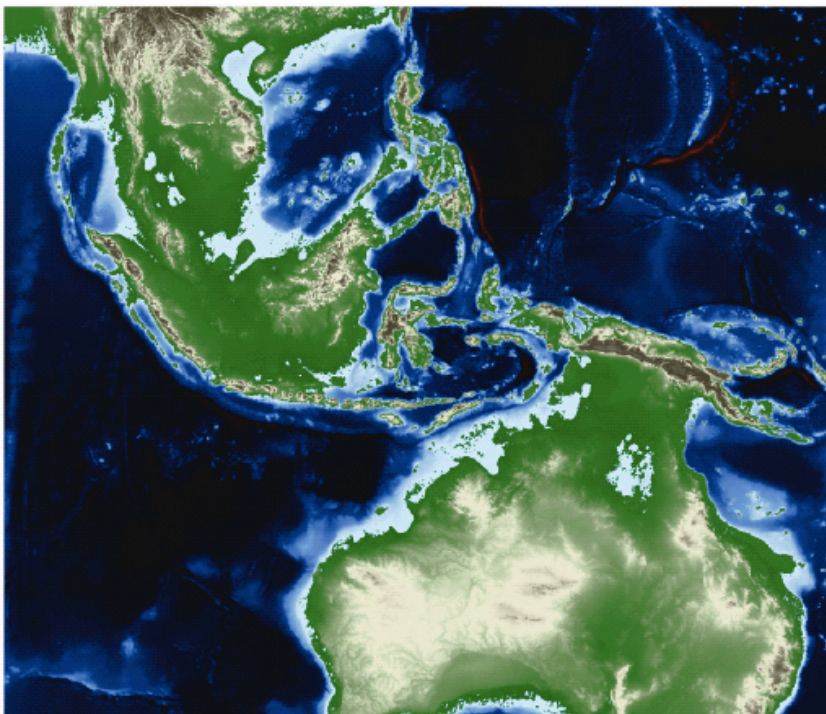
För hundra tusen år sedan bodde det enbart neandertalare i Europa, men för omkring 70 till 45 tusen år sedan kom de första *Homo sapiens sapiens* – den moderna människan – till Europa från Afrika via Mellanöstern, enligt tolkning av arkeologiska vittnesbörd. Vid den tiden var klimatet mildare, det rådde en interstadial, och det var isfritt ända upp till Jämtland. Migrationen var därför sannolikt en expansion på grund av bättre livsvillkor.

Eftersom haplogrupper av NRY-data och mtDNA-data använder delvis samma beteckningar (A, B, osv.) introduceras

nu ett index för att skilja dem åt, enligt följande: A_{σ} avser Y-

kromosomhaplogrupp A, och A_{ϕ} avser mtDNA-haplogrupp A.

Den näst största haplogruppen i Europa är I_{σ} . Eftersom dess broderhaplotyper har sitt utbredningscentrum i Mellanöstern, antog Semino *et al.* (2000)¹⁰ att I_{σ} representerar en invandringsväg därifrån. Expansionen av I_{σ} kan dateras till ungefär 22 tusen år före nutid, vilket de tog till intäkt för att I_{σ} hade kommit till Europa senare än R_{σ} , ungefär vid början av högstiden.



Figur 2-47. Sydostasien och Australien med havsytan sänkt 70 meter.

Det främsta argumentet för att I_{σ} anlände *tidigare* än R_{σ} är att den äldsta mtDNA-haplotypen, U_{ϕ} , anlände före R_{σ} , och det är ju uteslutet att den *första* invandringen avsåg enbart kvinnor (om det är sant att de inte beblandade sig med neandertalarna).

Dateringen av I_{σ} skulle i stället kunna avse en flaskhals i populationens storlek, orsakad av de hårda levnadsvillkoren under istidsmaximat. I så fall kan I_{σ} mycket väl vara äldre än

R_{σ} i Europa, och motsvara den allra första invandringsvågen av moderna människor till Europa. Dessa skulle ha kunnat komma från Mellanöstern någon gång för mellan 70 och 50 tusen år sedan, i samband med att en relativt kraftig interstadial gjorde Europa mera beboeligt, samtidigt som det kanske blev torka i Mellanöstern. Dessa anatomiskt moderna människor skulle i så fall under tiotusentals år ha levat sida vid sida med neandertalarna.

Det är också tänkbart att I_{σ} uppstod i Europa, men att ursprungshaplotypen F_{σ} senare dog ut under istidsmaximat. Även denna hypotes skulle kunna förklara att den daterade åldern bara är 22 tusen år.

Låt säga att I_{σ} eller dess föregångare F_{σ} var först i Europa, och att dessa människor delade kontinenten med neandertalarna. Dessa tidiga invandrare kan ha spritt sig så

långt norrut som norra Sverige och Finland. Haplogrupp $U5_{\phi}$ bildades tidigt, på plats i Europa, redan för nästan 50 tusen år sedan. Det är fullt möjligt att en anmoder till en eller flera av

N_{ϕ} , I_{ϕ} , W_{ϕ} och X_{ϕ} också kom till Europa mycket tidigt.

Nästa invandringsvåg är mera tveksam och problematisk, kanske på grund av att invandringen försiggick mera gradvis och sporadiskt. Det kan i sin tur kanske ha berott på att Europa redan var befolkat av moderna människor, som inte utan vidare övergav sina jaktmarker till förmån för invandrarna. Det finns anledning misstänka, att denna invandring framför allt kom från Centralasien. Det främsta skälet för denna misstanke är att

haplogrupp R_{σ} , som kom i denna våg, är en undergrupp till

P_{σ} , som (förutom R_{σ}) är klart asiatisk i sin utbredning.

Semino *et al.* (2000)¹⁰ – som var först med att använda Y-kromosomens släktträd för att studera invandringen av moderna människor till Europa – drog därför slutsatsen att

haplogrupp R_{σ} kom från öster för omkring 40 till 35 tusen år sedan. De antog att det var dessa som hade med sig Aurignac-kulturen (de första européer som sysslade med grottmålning), en kultur som samtidigt uppträdde i Sibirien, varifrån de första utvandringarna till Amerika skedde något senare.

Detta folk migrerade av allt att döma västerut för omkring 35 tusen år sedan, och spred sig över en stor del av Europa. Då de

anlände (Figur 2-48) kom Europa att bli delat med R_{σ} i väster och öster. Forskarna menade att en grupp blev kvar i

Östeuropa, där den högsta frekvensen av $R1a1_{\sigma}$ nu finns i Ukraina, medan en annan grupp begav sig till den Iberiska

halvön, där haplotypen $R1b_{\sigma}$ nu är dominerande. Grupper med

I_{σ} kan då ha blivit isolerade från varandra i Europas centrala

och mera bergiga delar. Det kan ju också tänkas att utbredningsmönstret delvis är ett resultat av senare omflyttningar under högistiden.

Vid tidpunkten för denna invandring var interstadialen slut, och klimatet fluktuerade mellan bistrare och mildare perioder i 1500-årscykler. Klimatförändringar i Centralasien kan ha orsakat utvandringen därifrån till Europa. Aralsjön började nämligen torka ut, vilket tyder på en övergång till ökenklimat i Centralasien. I så fall var det fråga om ett "utvandringstryck", inte ett "invandringssug".



Figur 2-48. Antagen invandring till Europa under istiden. Talen i cirklarna avser ungefärlig tidpunkt i tusental år före

nutid. $N1a_{\varnothing}$ och $I_{\varnothing}$ kan ha uppstått ur $N_{\varnothing}$ i Europa. Det kan också ha varit F_{σ} som kom 55kBP, och I_{σ} kan ha uppstått i Europa. $H_{\varnothing}$ har förmodligen kommit i flera vågor, varav den första kanske närmre istidens slut, möjligen tillsammans med $K_{\varnothing}$. $R1_{\sigma}$ har troligen kommit från Centralasien i samband med att klimatet blev torrare. De taggiga polygonerna visar haplotyper som troligen uppstod i Europa.

Samtidigt med haplogrupp R_{σ} (eller mera precist $R1_{\sigma}$) kom kanske $HV_{\varnothing}$ och $H_{\varnothing}$, samt möjligen $T_{\varnothing}$, $X_{\varnothing}$ och $I_{\varnothing}$. Richards *et al.* (2000)²⁴ beräknade vilka mtDNA-haplogrupper som kommit när från Mellanöstern till Europa. Att de hade kommit just från Mellanöstern var ett antagande de gjorde, men, som de själva påpekade: "vi kan inte utesluta möjligheten av att betydande spridning har utgått inte från Mellanöstern utan ifrån antingen norra Kaukasus eller östra Europa, så som har föreslagits för mellersta övre Pleistocen"⁴⁰ (det vill säga strax före högistiden). När det gäller just $HV_{\varnothing}$ och $H_{\varnothing}$ så är de haplogrupperna ovanliga bland araber (beduiner), medan däremot pre- $HV_{\varnothing}$ är vanlig där men nästan helt frånvarande i Europa. Slutsatsen blir att $HV_{\varnothing}$ och $H_{\varnothing}$ kan ha spritts till Europa från en tredje plats, där även pre- $HV_{\varnothing}$ måste finnas. I brist på data från Centralasien och Persien kan man bara gissa att haplotypen kan ha kommit in därifrån. Man kan

⁴⁰ "we cannot rule out the possibility that significant dispersals may have originated not in the Near East but in either the northern Caucasus or Eastern Europe, as has been suggested for the MUP"

också notera att utbredningen av H_0 och R_0 följer samma allmänna mönster i Europa.

Högistid

Då klimatet för sådär tjugofem tusen år sedan blev konstant bistert, hade inlandsisen spridit sig ner över Sverige, över Bottenhavet till Finland, nått Egentliga Östersjön vid Åland, och spritt sig över sjön hela vägen till nutidens ändmoräner på andra sidan Östersjön (Figur 2-49). Möjligen – troligen – fanns det isfria fläckar längs norska kusten och i fjällen, så kallade nunatacker. Det kan inte uteslutas att människor levt där under istiden, liksom eskimåer i nutid lever i motsvarande miljö på Grönland. Då isen spred sig över Skandinavien måste människorna ha gett sig av så gott de kunde, och om några blev kvar vid kusten i västra Norge så är det tänkbart att de kan ha överlevt istiden där.

Livsrummet minskade dramatiskt. Det var i detta skede som de sista neandertalarna dog ut i Europa. Ännu finns det inget oomkullrunkeligt argument för att de blandades in i vår nuvarande genpool. Tills vidare är det därför mest sannolikt att de och deras gener för alltid gick ur tiden.



Figur 2-49. Huvudsakliga habitat för människan i Europa under högistiden. Eller annorlunda uttryckt, näringar som utövades av våra förfäder under paleolitikum. Europas västkust bör ha varit ett mycket näringsrikt hav, med en relativt säker tillgång till föda, dock kraftigt utsatt för variationer i Golfströmmen. Från England till Ural fanns en oavbruten tundra, med möjlighet till jakt på mammut, ullhårig noshörning, med mera; liknande norra Sibirien idag, men med betydligt större djur innan människan (förmodligen) utrotade dem och renen tog deras plats. Det finns dock inga spår av mänsklig aktivitet från denna del av Europa när det var som allra kallast. I södra Europa fanns en mera omväxlande natur, och liknande livsbetingelser som i Nordeuropa efter istiden. Persiska viken var till största delen torra land. Jordbruk

uppträdde vid slutet av istiden dels där, dels i centrala Sahara (och även i västra Sydamerika, där det nu är öken).

Notera också att eftersom världshavet stod lägre än i nutid, så var Nordsjön, inre delen av Adriatiska Havet samt Persiska Viken till stora delar torra land. Engelska kanalen var inte mer än en djup vik, sannolikt med kraftigt tidvatten, i vilket Europas då förmodligen största flod flöt ut – en flod som dränerade både Rhens, Odern och Wislas nuvarande områden, samt stora delar av den Skandinaviska inlandsisen.

Elbe i sin tur var den gången en isälv som rann längs med kanten på inlandsisen, och mottog vatten österifrån längs urströmdalar (svenskan har tagit den tyska termen för 'fornflod' och använt det utan att översätta det) ända bortifrån Polen. Centrala Nordsjön var torra land, där mammutar gick och betade, men längre åt norr låg en stor issjö i vilken inlandsisen kalvade. England var en del av kontinenten, och människor bodde nästan ända upp till iskanten i Wales enligt arkeologiska vittnesbörd.

Både Kaspiska och Svarta Havet var insjöar med avlopp, som tog emot smältvatten från inlandsisen, och hade sött, näringsrikt vatten. Aralsjön låg i ökenklimat och var nästan helt uttorkad. Sahara var ännu savann eller stäpp, inte öken.

Samtidigt var Alperna täckta av glaciärer som sträckte ut sina tungor på låglandet nedanför bergen. Den isfria zonen mellan Alperna och den Skandinaviska inlandsisen var en vindpinad tundra rik på storvilt. Södra England, södra Nordsjön, Engelska Kanalen och låglandet på nordvästra delen av kontinenten utgjorde förmodligen också en god jaktmark för

störvt på den tiden, men mindre barsk än områdena öster om nuvarande Tyskland.

Europa var sönderstyckat i ett antal mindre och avgränsade områden som var lämpliga habitat för mera värmekrävande mänskliga kulturer. Baskernas anfäder huserade nog också kring Biscaya-bukten, i norra Spanien och södra Frankrike, liksom den kända historiens basker.

Exakt vilka haplogrupper som fanns var under istiden är knappast möjligt att ta reda på längre. Förslaget i Figur 2-50 är

bara en antydning om huvuddragen: R1 σ i öster och väster, och

I σ i Centraleuropa samt, möjligen, när klimatet så medgav, på tundran i norr och ut mot Atlanten i väster. Med ledning av

slutsatsen att haplogrupp I σ idag dominerar i Skandinavien, kan man nämligen hypotetisera att folket på denna jungfruliga tundra dominerades av just I σ .

Centraleuropa var nog befolkat av många relativt isolerade grupper under istiden, så som bergigare trakter plägar vara. Området avgränsades av Alperna i väster, Karpaterna i norr och öster, och sannolikt sträckte det sig ner längs kusterna av Adriatiska havet i söder, och inkluderade därmed västra delen av Balkanhalvön samt den Apenninska halvön. Området

dominerades sannolikt av haplogrupp I σ och U5 ϕ , Europas urinvånare (av Homo sapiens sapiens, alltså).



Figur 2-50. En gissning om möjlig fördelning av haplogrupperna under högstiden. Det enda någorlunda pålitliga är nog var Y-kromosomhaplotyperna fanns. mtDNA-haplotyperna är gissningsartade. I södra Italien har dock två Cro Magnon-individer som levde för omkring 25-20 tusen år sedan undersökts med avseende på mtDNA HV1. Den ena

hade CRS, alltså antingen haplotyp U♀, HV♀ eller H♀. Den andre skiljde sig i 16223 och var alltså en tidigare haplotyp,

nämligen N♀ – möjligen en anmoder till W♀ i Europa. U5a♀

finns i högst frekvens hos baskerna (de har även I2b1♂ vilken saknas i Kroatien). För att antyda denna västligare tyngdpunkt

har därför U5a_Q placerats mellan Pyrenéerna och Alperna. Om haplotyperna i Kaukasus, se avsnittet om Mellanösterngener.

Sardinien, som blev befolkat först för 9000 år sedan enligt

Cappello *et al.* (1996)⁴¹, har hög frekvens I1b2_♂, en haplotyp som – bortsett från nämnda ö – bara har anträffats i Baskien.

Kalabrien på det italienska fastlandet har inte något I_♂ över huvud taget. Kroatien har hög halt av I_♂ förutom I1b2_♂.

Haplogruppen I_♂ kan alltså ha varit uppdelad på minst 2 populationer under istidens maximum.

De två R_♂-populationerna tillhör olika undergrupper; R1b_♂ i väster, R1a_♂ och R1a1_♂ i öster. Som nämnts tolkade Semino *et al.* (2000) detta så, att R1b_♂-folket övervintrade högstiden på den Iberiska halvön, medan R1a1_♂ övervintrade den i dagens Ukraina. Att dessa platser identifierats beror på att den största genetiska variationen inom respektive haplogrupp

⁴¹ Cappello, N., Rendine, S., Griffo, R., Mameli, G.E., Succa, V., Vona, G., Piazza, A., 1996: Genetic analysis of Sardinia: I. data on 12 polymorphisms in 21 linguistic domains. *Annals of Human Genetics*, 60: 125-141.

uppträder just där. Medan det finns lite R1b_♂ i Ukraina, finns det ingen R1a1_♂ på den Iberiska Halvön.

Dock kan man ju fråga sig om norra Ukraina vore en lämplig plats att befinna sig på under en högistid – det torde ha varit en arktisk öken, en kall och vindpinad tundra, med silt som yrde i luften och avlagrades som lössjord. Ur paleoklimatologisk synvinkel skulle man förvänta sig att de som befann sig vid Donaus nedre lopp, på Balkanhalvön, istället hade bättre levnadsvillkor. Arkeologiska fynd antyder också att det var där det Östeuropeiska refugiet låg (de andra två låg enligt samma källa på Iberiska respektive norra Apenninska halvön).⁴²

Oavsett när I_♀, X_♀ och W_♀ invandrade, så är det frapperande att de dels är vitt spridda, och dels har lokala koncentrationer:

I_♀ är vanligast hos egyptier, greker, toscanare och skottar, X_♀ hos ashkenazi-judar, på Yttre Hebriderna och på svenska

västkusten, medan W_♀ är vanligast hos kurder och i norra

Finland (kväner?). Samtidigt är dominansen av H_♀ extrem. Faktiskt är det detta senare faktum som gör Europa unikt, och de förras utbredning som är mera normal. En möjlig förklaring kan vara att vissa av många små isolerade grupper kom att öka explosionsartat i utbredning när istiden tog slut, på grund av slumpens skördar.

⁴² Barbuji, G., & Bertorelle, G., 2001: Genetics and the population history of Europe. *Publications of the National Academy of Science, USA*. 98(1): 22-25.

Nordeuropa återkoloniserar

Efter cirka tio tusen år med högistid inträffade en kraftig uppvärmning för omkring 14500 år sedan. Tundrans yta minskade dramatiskt, eftersom det tar tid för en inlandsis att smälta av. Tempererat klimat nådde därför fram nästan till iskanten, och de stora tundradjuret blev av med det mesta av sitt livsrum. Kanske detta bidrog till svält, och till utrotning av dem? Den häftiga uppvärmningen bör ha inneburit en ekologisk katastrof, med våra ögon sett. Fram till dess hade tundran präglats av mammut, ullhårig noshörning med flera stora djur, men mot slutet av istiden minskade mammutbeståndet kraftigt, och renen blev karaktärsdjur på kontinentens tundra under istidens sista köldryckning, Yngre Dryas.

Tills nyligen har man trott att mammuten dog ut vid istidens slut, men nu har det visat sig att dvärgmammutar levde ännu för 4000 år sedan på en ö norr om östra Sibirien. Likaså har man nyligen upptäckt att grottlejonet fanns kvar i norra Europa vid samma tid.

Istället för tundra bredde skog ut sig, och med den de stora skogsdjuret. Människan har följt isen norrut, helt framme vid iskanten.

Människor med haplogrupp I₀ migrerade, antar jag, från Centraleuropa till Östersjön – dåvarande Baltiska Issjön – och vidare norrut över de danska öarna, som då var en del av kontinenten, upp i Skandinavien. Samtidigt kan de ha koloniserat östra sidan av Baltiska Issjön fram till Finska Viken och Ladoga. De nådde kanske österut till Uralbergen.

Germanska och östersjöfinska folk har högre halt av I_♂ och

U5_♀ än vad Västuropeiska och slaviska folk har (baskerna är ett undantag). Västerut kanske de nådde låglandet i nuvarande Nordsjön och den dåvarande Brittiska halvön.

Öster om Valdajhöjderna (vilket är senaste istidens ändmoräner) ändrar landskapet karaktär, eftersom man då ju kommer utanför den senaste nedisningen. Jordmånen är näringsfattig, och biotopen är tundra eller taiga beroende på klimatet. Ganska säkert var detta goda jaktmarker när istidens grepp släppte.

De som kom till Skandinavien och Baltikum hade möjligen vissa genetiska skillnader; så till exempel hade kanske den

västra grenen haplogrupp U5a_♀, och den östra U5b_♀.

R1a_♂, och dess undertyp R1a1_♂, spreds samtidigt över det östeuropeiska låglandet, i dagens Polen, Vitryssland, Ukraina och europeiska Ryssland.

Från Iberiska halvön spreds haplogrupp R1b_♂ till Västeuropa, inklusive norra Italien, Brittiska Öarna och, möjligen, Nordsjön. Denna grupp dominerar idag den Iberiska halvön, Frankrike, de Brittiska Öarna. I nordvästra Spanien ligger Galizien och söder därom Portugal; Frankrikes gamla namn är Gallien, kelterna på Irland heter gaeler – allt detta antyder att

R1b_♂ är typisk för gaeler. Irlands mytologi säger till och med att öns invandrare kom från den Iberiska halvön i många omgångar, och namnet Irland kommer av Hibernia,

uppenbarligen samma ord som Iberia (även Cypern kanske kan härledas från samma ord, liksom de i grekisk mytologi förekommande hyperboréerna, för att inte tala om ordet ”super”; i bägge dessa fall betyder det ’det yttersta’).

Spridningen illustreras i Figur 2-51. Av respekt för myterna får man hålla möjligheten öppen för att expansionen skett i upprepade etapper under lång tid i förhistorien, och inte i ett enda svep vid istidens slut. Därför har pilarna från den Iberiska Halvön och Ukraina medvetet gjorts lite kortare än de andra. I Tyskland och Centraleuropa möttes senare öst- och västeuropéer, och där finns nu en bred övergångszon mellan

R1b σ och R1a1 σ , men med I σ som dominerande.

Ishavskustens folk

Norr om Ural, vid Norra Ishavet, har folken efter istiden fritt kunnat vandra mellan Europa och Asien, och det uraliska folket nenetser⁴³ har utbrett sig västerut längs Ishavet så långt som till Kaninhalvön vid Vita Havets mynning. De talar ett uraliskt språk.

Nenetserna uppvisar haplogrupperna R1a1 σ (11%), R1* σ

(4%) och I σ (6%), vilket kan stämma med en uppgift att deras urhem var i Skytien. Till skillnad från samerna och khanter

saknar de E σ och J2 σ . De lämnade Europa för västra Sibirien

⁴³ Eller nentser. Förr kallades de samojeder, ’självätare’, alltså ’kannibaler’, ett namn de hade i arabiska källor, som i dem såg bibeln och koranens Gog-Magog.

någon gång efter istiden. Där har de så kunnat plocka upp Sibiriska haplotyper (de har 50% av följande blandning av

haplogrupper: $[K^*, K1, K2, K3, M, N^*, N1, N2]$; näst högst frekvens av denna flerfylliga blandning, 26%, har tuvinierna i Sibirien).

De har ungefär 30% $N3$. Eftersom de också kan ha hög halt

av N^* så är de en möjlig kandidat som upphovsfolk för $N3$ (åter till denna haplotyp senare, i dess kronologiska sammanhang).

Mellanöstern till Europa

Samtidigt som européer utbredde sig norrut under Bølling-interstadialen som inleddes för 14500 år sedan, började en invandring från Mellanöstern i sydöst. Kanske det rent av var

denna invandring som gjorde H_0 så totalt dominerande i Europa – det är svårt att säga, eftersom denna haplogrupp förmodligen deltagit i flera migrationer.

En grupp av inte mindre än 37 forskare publicerade för några år sedan en stor studie av hur och när mtDNA från

”Mellanöstern” kommit till Europa (Richards *et al.* 2000).

Först ställde de upp en modell, som endast tillät invandring vid 5 bestämda årtal i historien: För 45 tusen år sedan, för 26 tusen år sedan, för 14500 år sedan, för 9000 år sedan, samt för 3000 år sedan. Det betyder två invandringar före högistiden (motsvarande de som jag har skrivit om ovan), plus en precis när det blev varmt igen (Bølling-interstadialen), en invandring av neolitiska jordbrukare, samt historisk migration. Eftersom

det efter Bølling följde en kall period, en stadial kallad Yngre Dryas, så hade de också en alternativ modell med en invandring då denna stadial slutade för 11500 år sedan.

Årtalen valdes baserat på klimatdata och arkeologiska data, och med ett öga på haplogruppernas ålder (med migrationen efter att haplogrupperna ifråga uppstått). Eftersom dateringarna för alla ingående data är ungefärlig, så får man ta de flesta årtal med en stor skopa salt.

Därefter daterade de haplogrupperna (de antog en mutationsfrekvens om 1 mutation per 20180 år mellan position 16090 och 16365), och sökte efter haplotyper i Mellanöstern som kunde vara grundare för europeiska kluster.

Eftersom de var medvetna om en historisk migration i motsatt riktning försökte de också beräkna dennas storlek. Baserat på

frekvensen av V_{ϕ} och $U5_{\phi}$ i Mellanöstern, kan invandringen från Europa uppskattas till mellan 11 och 19%. Det måste man ta hänsyn till, annars hamnar man fel när man försöker beräkna invandringen till Europa från Mellanöstern.

Förutom V_{ϕ} och $U5_{\phi}$ kan även W_{ϕ} och $U4_{\phi}$ vara europeiska haplotyper, visade det sig (de finns i Kaukasus, ett område som räknades till Mellanöstern i databasen). Vidare är grundtypen

för X_{ϕ} osannolik som grundare från Mellanöstern. I_{ϕ} däremot, kom nog in från Mellanöstern strax före högistiden. När det

gäller T_{ϕ} så finns det en självmodsigelse i rapportens resultat:

Samtidigt som T_{ϕ} beräknades vara 33 till 40 tusen år gammal i

Europa, så beräknades den ursprungliga T₀-haplotypen bara vara 9600 till 17700 år gammal. I det senare fallet kunde den ha kommit först under Bølling-interstadialen. Det antyder vilken osäkerhet som vidlåter denna forskning.

Förklaringen kan vara att ett av forskarnas antaganden inte stämmer beträffande T₀, nämligen att haplogruppen expanderade i Europa omedelbart efter utvandringen från

Mellanöstern. En möjlighet vore att T₀ expanderade på en tredje plats, och att den alltså kom till Europa från

Centralasien, kanske via Kaukasus, tillsammans med R1₀.

Nå, vad kom de då fram till i huvudfrågan? Jo, att i den första

migrationen kom det U₀ till Europa, och att uppåt 15% av "Skandinaviens" nuvarande mtDNA härstammar från den invandringen⁴⁴. Med tanke på deras dataurval, regionindelning och metodik kan man överslagsmässigt anta att den verkliga siffran är betydligt högre i Fennoskandia, alltså Sverige, Norge och Finland, förmodligen uppåt 25%. I Europa i gemen finns det betydligt mindre kvar av denna migration.

⁴⁴ "Skandinavien" representerades av 231 norrmän, 53 islänningar och 32 svenskar, medan Danmark räknades till norra Centraleuropa, och Finland räknades till norra Östeuropa; varken samer eller skåningar fanns representerade i databasen i någon del av Europa. Forskarna må ursäktas, men jag är lite skeptisk till deras procenttal, eftersom de ju inte är beräknade på ett slumpvis urval; slår man ihop 231 norrmän med 32 svenskar och delar med 263 så får man ju aldrig på tiden ett genomsnitt för Skandinavien – man måste naturligtvis vikta proven när urvalet är så skevt.

I den andra migrationen före högistiden kom det $H_{\square}$, $HV_{\square}$ och

$I_{\square}$, enligt studien. Även denna migration kanske har bidragit med storleksordningen 25% av de nuvarande generna i Fennoskandia, och ungefär lika mycket i Europa som helhet.

Som nämnts ovan misstänker jag att även grundtypen av $T_{\square}$ kom i denna veva.

Därmed var vi framme vid högistiden, då naturligtvis ingen frivilligt flyttade norrut. Men för 14500 år sedan inträffade en dramatisk klimatförändring – det gick från högistid direkt till lika varmt som i nutid. Lejonparten av Europas nuvarande mtDNA kom in från Mellanöstern under denna interstadial, kallad Bølling efter en dansk torvmosse. Vi talar om

storleksordningen en tredjedel till hälften. Förutom mera av $H_{\square}$

(CRS) kom det, enligt forskarna, $T2_{\square}$, $K_{\square}$, $H_{\square}$ med mutation

16304, samt grundtypen av $T_{\square}$. Med $T2_{\square}$ avses grundtypen plus mutation i 16304, med eller utan 16296 vilken

uppenbarligen är instabil i haplogrupp $T_{\square}$.

Nu kan det vara lämpligt att fundera över vilka Y-haplogrupper som kan ha kommit i den migrationen. En svårighet är emellertid att nästa migration inte kom långt efter, nämligen den neolitiska invandringen – då jordbruk kom till Europa – med början för sådär 9000 år sedan. Det gör det svårt att separera de två. Observationerna sammanfattas i faktarutan här nedan.

I grova penseldrag har E_{σ} högst frekvens i själva Levanten, G_{σ} i Kaukasus, J_{σ} i Kaukasus och Mindre Asien (och kanske hög frekvens på Kreta, enligt en gammal undersökning med ofullständig kodning). Nämnade haplogrupper är inte jämnt spridda i Europa. G_{σ} har högst frekvens i Italien, med hela 14% på Sardinien, men även i Katalonien finns det 8%, och i Tjeckoslovakien 4%. Övriga sydeuropeiska länder har kring eller under 2%, inklusive Grekland, medan Tyskland, Polen, liksom Baskien och Andalusien har 0%. Högst frekvens enligt Semino *et al.* (2000) hade Georgien med 30%. Även andra undersökningar ger vid handen att koncentrationen är i särklass högst bland vissa populationer i Kaukasus. I Syrien fanns 3%, men i Libanon anträffades ingen med denna haplogrupp. G_{σ} uppvisar inte någon tydlig gradient.

Mutationen bakom G_{σ} , M201, har beräknats vara från cirka 17 kBP (Semino *et al.* 2000 och citat däri). Om det istället var en flaskhals i befolkningsutvecklingen som råkat dateras, så stämmer det väl med en expansion i slutet av istiden, med början för sådär 14000 år sedan. När det gäller frågan om vilket som var istidsrefugiet så kan man bara gissa på Georgien tills vidare.

Haplogrupp J_{σ} kan inte skiljas från F_{σ}^* och $F1_{\sigma}$ i data. Tillsammans har de högst frekvens i delar av södra Kaukasus, följt av Libanon – Syrien – Turkiet, med ungefär 45%.

Haplogrupp J_{σ} är vanlig i hela Taurusbergskedjan, från Mindre Asien till Pakistan. Södra Italien ligger kring 32%, Albanien 27%, Grekland 22%, före detta Jugoslaviska Republiken Makedonien har 20%, Frankrike 17%, Ungern 2%, Polen 0%. Tendensen är tydlig: En långsamt avtagande gradient från öster mot väster, och en snabbt avtagande gradient från Medelhavet mot Centraleuropa. Semino *et al.* (2000) påpekade detta, och kopplade denna gradient till den neolitiska invandringen av jordbrukare. Den finns dock i låga

frekvenser även hos icke-jordbrukande folk på tundran i norr, som samerna.

Haplogrupp E_♂ varierar på ungefär samma sätt som J_♂. E_♂ är dock mera vidspridd i Europa än både G_♂ och J_♂; den förefaller finnas hos samtliga europeiska populationer med 2% - 8% (utom möjligen hos basker, i Skandinavien, och på de Nordatlantiska öarna norr om Storbritannien – hos dessa folk finns 0% - 2% av E_♂ – men märk väl att E_♂ anträffats hos samer på Kolahalvön). Höga tal finns på Balkan, speciellt i Grekland med omkring 30%. Lika mycket finns i Libanon. Uppenbarligen har den kommit från Mellanöstern eller möjligen Egypten, efter istiden, och förmodligen i samband med jordbrukets expansion.

En gissning, baserat på Y-haplogruppernas utbredning, är att E_♂ representerar Mellanöstern, i form av Levanten, medan både J_♂ och G_♂ är kaukasiska till sitt ursprung.

Bølling-migrationen

Nå, vad skall vi tro om G_♂ och J_♂, som ju var vanligast i Kaukasus? Kan de ha kommit med expansionen i slutet av istiden, under Bøllinginterstadialen?

De mtDNA-data vi har att jämföra med är från Armenien och Azerbajdzjan, belägna mellan Kaukasus och Taurusbergen, och mellan Svarta Havet och Kaspiska Havet. Dessutom har vi data från adygier norr om Georgien, och från kurderna, vilka ju bor söder om Armenien och Azerbajdzjan.

Lägger vi ihop halten av de mtDNA-haplotyper som Richards *et al.* (2000) menade kom under Bølling (dvs. grundtypen av

T_♀, T2_♀, K_♀ och H⁶³⁰⁴_♀), så har armenier och kurder 8%, medan azerier och adygier har 6% av dessa. Armenierna är ensamma om att ha samtliga dessa fyra grundarter representerade.

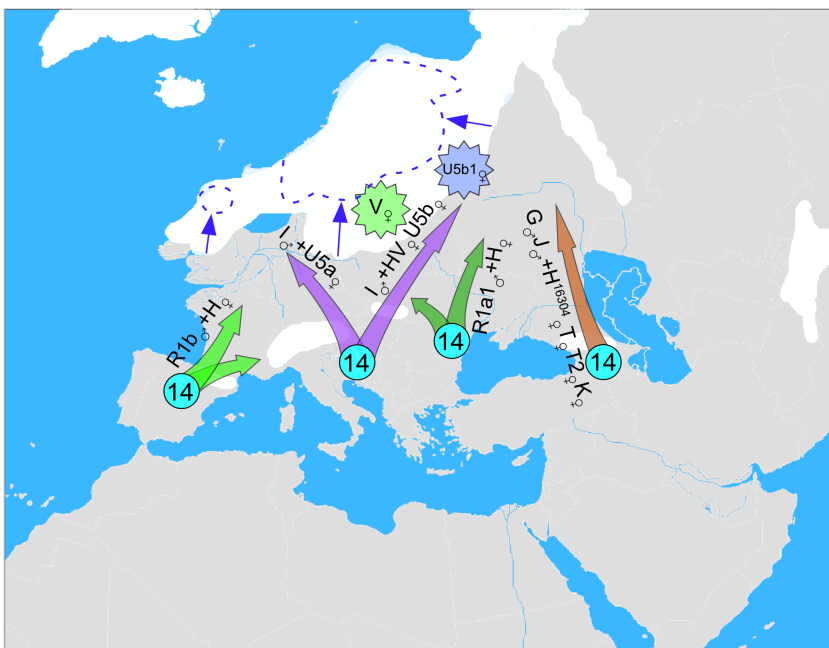
Dessa fyra folk har dessutom 6-7% vardera av H_♀-CRS, den haplotyp som misstänks ha kommit in i flera omgångar till Europa.

I den tillgängliga databasen är frekvensen av dessa fyra grundarthaplotyper som allra högst just i Kaukasus, inte bara tillsammans utan också var för sig (om vi bortser från Europa, där de genom grundareffekter ibland har blivit ännu vanligare).

Vad betyder då detta? Ska vi tro denna indiciekedja så betyder det att de "Mellanösterngener" som kom under Bølling-interstadialen i själva verket var *kaukasier* som utbredde sig i Europa. Detta skedde alltså *samtidigt* som återkoloniseringen norrut av de tidigare omnämnda tre huvudgrupperna av

européer (R1b_♂, I_♂ respektive R1a1_♂). Det vore väl i och för sig knappast förvånande, utan nästan självklart kan man tycka. Expansionen åskådliggörs grafiskt i Figur 2-51.

Vi kan tentativt beräkna var i Eurasien dessa kaukasiers ättlingar finns idag, baserat på mtDNA (Figur 2-52). Kom ihåg nu, att många av de områden som nämns i diagrammet då ännu var täckta av inlandsis, till exempel Sverige och Estland, för att inte nämna Italiens bergsdalar. Så det var naturligtvis inte dit de begav sig den gången det begav sig. Så vart för de?



Figur 2-51. Pilarna visar expansionen från fyra - fem refugier i Europa och Kaukasus under Bølling, för ungefär 14500 till

12500 år sedan. Haplotyp V_{ϕ} och möjligen även $U5b1_{\phi}$ etablerades gissningsvis i samband med denna expansion. Med blå linjer och pilar visas hur mycket isen drog sig tillbaka före nästa kallfas, Yngre Dryas.

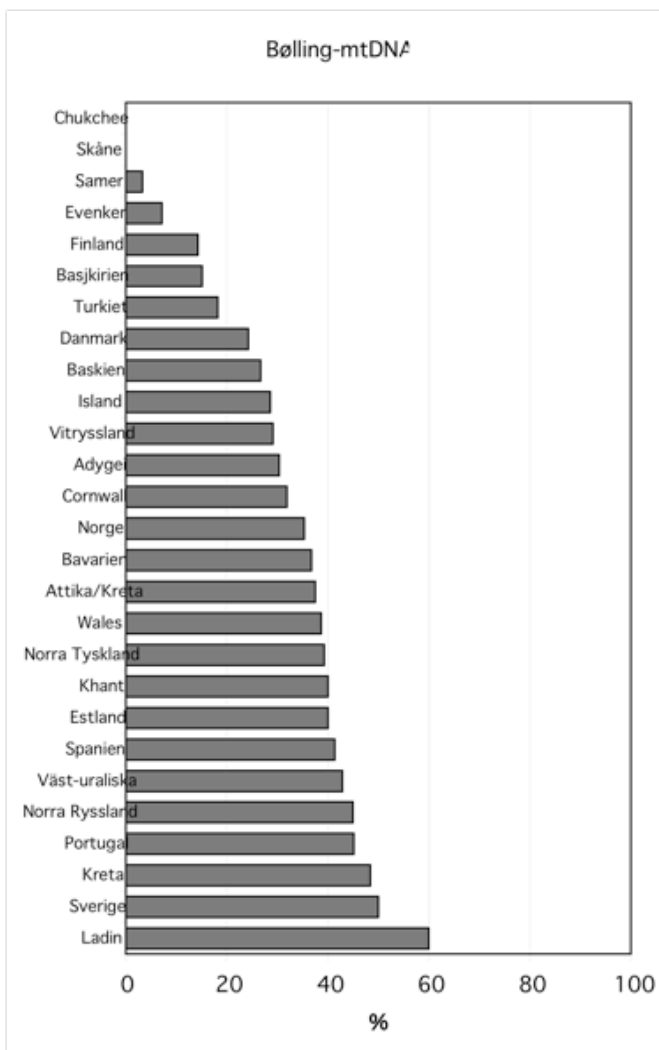
Vi ser Kreta i topp, Iberiska halvön, och ladinerna som nu bor vid roten av Apenninska halvön. Förutom dessa hittar vi norra Ryssland, väst-uraliska, de öst-uraliska khanterna, samt Estland och Sverige i toppen. I hela detta område talas det ural-altaiska språk – låt vara att de är minoritetsspråk i Sverige

och norra Ryssland. I slutet av Bølling-interstadialen stod iskanten vid Salpaussälke i södra Finland, och därifrån upp mot Vita Havet. Det fanns ingen landförbindelse till Sverige från öster, däremot från söder, och den vägen kunde centraleuropéer komma in, som tidigare nämnts.

Kaukasusfolk som migrerade norrut under Bølling har gissningsvis följt Volga norrut, till den stora Volgakröken vid dagens Bulgar. Nå, *vikingatidens* Bulgar, om det ska vara så noga (tusen år hit eller dit). Kanske de rent av färdades *på* Volga? Kanske det började som jakt- och fiskeexpeditioner, när det blev markant varmare samtidigt som floden upphörde att transportera grumligt smältvatten från den Skandinaviska inlandsisen? Kanske den ändrade vattenföringsregimen i Volga fick sådana konsekvenser för fisket i Kaspiska Havet, att fiskarna blev *tvungna* att söka efter andra fiskevatten? Eller gick de istället till fots norrut, när Kaspiska Havet förlorade sitt utlopp, och en landväg öppnade sig mellan Volga och Don? Det saknas verkligen inte uppslag för uppföljning, för den som känner sig hugad.

Denna migration bör ha varit avslutad för 13 – 14 tusen år sedan. Klimatet blev långsamt först svalare, sedan kallare, tills istidens sista stadial, Yngre Dryas, satte in. Vad hände med dessa kaukasier mellan invandringen och nutid?

Européernas DNA från en geografiskt perspektiv



Figur 2-52. Den ungefärliga frekvensen av mtDNA som förmodligen kom till Europa under Bølling-interstadialen, inklusive härledda typer. Ursprunget synes ha varit Kaukasus,

att döma av dagens höga halt (ca 6-7%) av grundarhaplotyperna hos armenier, azerier och nordkaukasier. Frekvensen är beräknad som halten av T, T2, H-16304, plus lika mycket H-CRS (eftersom det hos kaukasierna idag finns lika mycket H-CRS som av de andra tillsammans). Ladin (litet urval!) är en språkminoritet i italienska alperna. Khanter är ett uralisktalande folk från trakten av Ob (språkligt släkt med ungrarna). Adygei är ett nordkaukasiskt folk, mittöver bergen från Georgien. Evenker är ett altaisktalande folk som är spritt över en stor del av Sibirien, från grannar med khanterna i västra Sibirien, till östligaste Sibirien och Manchuriet i Kina. Chukchee bor på nordkusten av östligaste Sibirien och vid Berings Sund.

Om vi försöker kika från andra änden, från nutid, så finns en uppgift om att protosamojederna (nenetsernas föregångare) för 5000 år sedan bodde öster om Uralbergen norr om 57:e breddgraden, men att de migrerat dit från området kring Volga-kröken och längs de nordliga bifloderna Kama och Vjatka (Hajdu, 1963)⁴⁵. I det senare området bor nu finsk-ugriska marier, mordviner, udmurter och perm-komi; de folk som jag här kallat väst-uraliska. I området öster om Uralbergen bor khanter, medan nenetserna nu bor vid Norra Ishavets och Karahavets kust, från Kaninhalvön i väster till förbi Obs mynning i öster. De har alltså migrerat norrut de senaste årtusendena, och spritt sig längs kusten.

Det lutar alltså åt att ättlingarna till dessa kaukasier, blandade med europeiskt blod, har bott kvar i taigaområdet i östligaste

⁴⁵ Hajdu, P., 1963: *The Samoyed Peoples and Languages*. Indiana University Publications. Uralic and Altaic Series.

européiska låglandet under många årtusenden, och senare expanderat in i Sibirien. Vi lämnar dem där tills vidare.

För att sammanfatta, så bestod den tredje invandringsvågen till Europa alltså av en spridning av kaukasier norrut på det östeuropeiska låglandet, i samband med den kraftiga men kortvariga uppvärmningen som inleddes för 14500 år sedan (Figur 2-51). Eftersom Europas gräns går genom Kaukasus berg så var det ju inte några direkt långväga immigranter som kom. Nåväl, dessa bidrog enligt denna modell väsentligt till genbanken hos en grupp människor i östligaste Europa. Därifrån spreds generna vidare får man förmoda, kanske redan under den följande kalltiden då de kan ha migrerat västerut, men åtminstone under postglacial tid.

Den neolitiska revolutionen

Låt oss nu gå över till de mtDNA-haplotyper som kom i den neolitiska invandringen med början för omkring 9000 år sedan.

Enligt Richards *et al.* (2000) kom då grundtyperna av J₀ och

T1₀. Deras mutationer är 16069-16126 respektive 16126-16163-16186-16189-16294, och de bidrog enligt rapporten med sådär 10 – 20% till Europas genpool.

Genom att se på haplotypernas utbredning i Mellanöstern såväl som i Europa, både för mtDNA och Y-kromosomer, kan man förhoppningsvis se både varifrån och vartill de har migrerat, och vilka som hör ihop. Eftersom vi har en idé om tidpunkten för mtDNA-typernas migration, kan vi därmed också få ett underlag för en hypotes om orsaken till migrationen.

Jordbrukets införande i Europa har kallats den neolitiska revolutionen. Men det har varit känt sedan länge att

övergången till jordbruk medförde en försämrade folkhälsa. Man har också kunnat visa att storviltjakt är det mest effektiva sättet att bli mätt, mätt som erhållen energi delat med använd energi. Jordbruket är det minst effektiva. Baserat på detta har det istället föreslagits att jordbruket infördes av nöd tvång.

Arkeologiska data tyder också på att det rakt inte var någon revolution, utan en utdragen process med en flera årtusenden lång tillgänglighetsfas (inom parentes sagt, vad är det som säger att brödsäd var den första odlade grödan i Norden; varför inte till exempel hasselnötter eller äpplen?).

Det är naturligtvis viktigt att förstå vad den bakomliggande orsaken till jordbrukets införande var, om man vill koppla ihop den "neolitiska revolutionen" med spridning av gener från Mellanöstern.

Ser vi på de mtDNA-haplogrupper som kom med den

neolitiska invasionen, nämligen J₀ och T1₀, finner vi att J₀ är vanligast i Jemen med 27% och hos beduiner med över 20%.

Även på de Brittiska Öarna har J₀ hög frekvens, över 14%. I Irak finns 13%, i Egypten 6%. I Sverige låg Göteborg på 3%, medan östra Sverige hade 9%. På Kreta hade 1 av 186 grundhaplotypen, och dessutom fanns 10 mutanter.

T1₀ är däremot allra vanligast i Egypten med 12%, medan irakierna bara har 4%, och då är de ändå det folk i trakten som har mest, näst egyptierna. Norra Tyskland och östra Sverige låg kring 6%, medan värdet i Göteborg skulle kunna vara

betyddigt högre; T₀ totalt låg där på hela 22%. Norra Portugal låg på 7%, medan öarna norr och väster om Skottland har

dryga 3%. På Kreta fanns ingen med grundtypen, men 5 mutanter från den, och en som kan representera den närmaste föregångaren.

Bilden som tonar fram är av utvandring från två platser till Europa: En från Nildalen, och en från området Arabiska

halvön – Levanten. Från Afrika förefaller T1_Q och möjligen

E_Q ha kommit, från Arabien E_Q och J_Q.

Revolution eller katastrof?

De som migrerade var av allt att döma jordbrukare. Varför migrerar folk? Det finns två huvudsakliga anledningar att migrera: Man finner bättre förutsättningar på annan plats, eller förutsättningarna på den gamla platsen försämrades. Man skulle kunna kalla det för invandringssug respektive utvandringstryck.

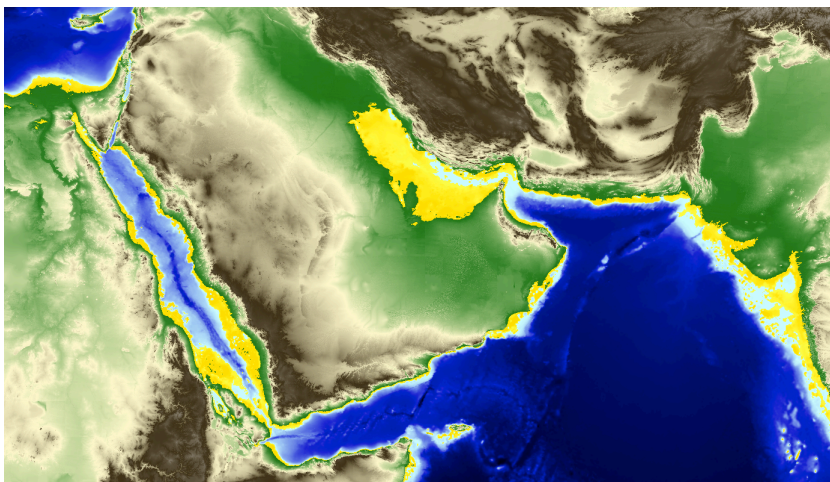
Eftersom hälsoläget försämrades vid jordbrukets införande i Europa, så verkar det föga troligt att det var ett invandringssug som drev dem. Vad för utvandringstryck kan det ha funnits då?

För att svara på den frågan måste vi spinna runt jordgloben lite så att Kanada kommer i fokus. För 9000 år sedan låg en stor del av inlandsisen fortfarande kvar över Kanada, men smälte allt snabbare. I takt med att den smälte, steg världshaven. Som allra snabbast steg det mellan cirka 9500 och 7000 år före nutid – just då den ”neolitiska revolutionen” ägde rum (se vidare boken ”Världen”).

Vad som hände i Mellanöstern var naturligtvis att gigantiska arealer jordbruksmark slukades av havet. Vart skulle de människor ta vägen som hade bott där? Floddalen ökar

visserligen i areal uppströms med tiden som följd effekt, men det tar tusentals år, så det uppstod ett akut underskott på odlingsbar mark. Samma sak har hänt över hela världen, så det är inte underligt att syndaflodsmyster är så vitt spridda bland jordens kulturer.

Den hypotes jag ställer upp här är således, att den neolitiska invandringen till Europa bestod av landsflyktiga från en ”utdragen naturkatastrof”. Vi talar inte om en halvmeter som Global Change-forskningen nu pratar om, utan om tiotals meter totalt sett (Figur 2-53).



Figur 2-53. Gula områden ligger mellan dagens havsytta och – 70 m. Den övervägande delen av de gula områdena översvämmades inom några få årtusenden. Som synes drabbades Eufrats och Tigris dalgång svårt av översvämmningen. Kusten låg tidigare halvvägs ner till Hormuzsundet. Även i södra Röda Havet översvämmades ansevärd områden. Konsekvenserna för Nildeltat framgår inte av denna karta, eftersom deltan är stadda i ständig utveckling.

Under perioder (årtusenden) med stigande hav kan man anta att stora destruktiva översvämningar med saltvatten förekom.

Det finns två vägar till Europa: Att gå över landbryggan mellan Svarta Havet och Kaspiska Havet, via Kaukasus alltså, eller via Mindre Asiens kust till Bosporen och in i Europa den vägen. I det senare fallet måste de ha använt båt, vilket för oss in på en tredje möjlighet: Hela resan kan ha gjorts som en kustnära resa med strandhugg varje natt.

Det fanns ju också mycket av de ovannämnda "Bøllinghaplotyperna" vid Medelhavet, till exempel på Iberiska halvön. Nu är frågan, skall vi anta att kaukasierna under Bølling seglade till Spanien, eller skall vi anta att vi har att göra med en senare – möjligen inomeuropeisk – migration? En antydning om svaret kan vi få genom att titta på Medelhavets stora öar. Det var nämligen just i denna veva som, av allt att döma, de stora isolerade öarna i Medelhavet blev koloniserade. Men innan vi lämnar Mellanöstern helt, så kan vi passa på att titta lite närmare på den regionens migrationer.

Sumerernas anfäder

Den neolitiska expansionen från Mellanöstern mot Europa döljs lite i data av senare – i stort sett historiska – rörelser i motsatt riktning. Dels har indoeuropeiska folk (med hettiterna först) kommit in i Mindre Asien och till nuvarande Syrien och Libanon; dels har de invandrat i flera omgångar i Grekland (från joner till dorer), och sedan har migrerat till Mellanöstern. Men vet vi något om tiden före dessa återmigrationer?

Den äldsta kända civilisationen med skrivkonst är den sumeriska. Enligt dem själva hade de invandrat dit. Det är inte

känt av vilken stam de var, eller varifrån de kommit. Lertavlorna säger, att sumererna kom till Mesopotamien från Dilmun, "odödlighetens land mitt i det lägre havet", en handelsplats vars läge inte är känt.

Det har varit mycket folkförflyttningar sedan den neolitiska expansionen. Kan DNA trots det säga oss något om omfattningen av folkvandringar från Europa till Mellanöstern, eller om sumerernas ursprung?

Idag har ukrainare 18% I_σ, 54% R1a1_σ, och 2% annan R1_σ.

Notera hur dominerande R1a1_σ är över annan R1_σ. I Syrien finns 25% R1_σ, i Libanon 16%, men inte i något av fallen är R1a1_σ så dominerande som i Ukraina.

Låt oss istället titta på Grekland som en möjlig källa för europeiska haplogrupper till Mellanöstern. Eftersom de stora indoeuropeiska invandringarna till Grekland skedde före den hellenistiska expansionen runt Medelhavet, kan man nog använda dagens frekvensfördelning som närmevärde för den i antiken. Det vi då noterar är att grekerna har ännu mindre

R1a1_σ, relativt sett, än syrierna och libaneserna. Dessutom vet vi ju att det också kom indoeuropéer direkt från Skytien till Levanten, förutom de som kom via Grekland. Vi kan därför försöka att grovt uppskatta hur många procent som kom från respektive land.

Löser vi problemet med avseende på I_σ, R1_σ och R1a1_σ, och antar att skyterna hade samma andel I_σ som dagens ukrainare, så får vi följande resultat:

Syrien skulle till sin ursprungliga Mellanösternbefolkning ha fått ett tillskott av 53% greker, och 7% skyter, medan Libanon skulle ha fått ett tillskott av 20% greker och 13% skyter.

Är detta rimligt?

För det första, eftersom skyterna kom först, så kan vi räkna ut att båda folken fick ett tillskott av ungefär 15-16% skytiska Y-kromosomer. Den efterföljande grekiska invandringen till Syrien var emellertid mycket större än den till Libanon, varför det skytiska tillskottet i Syrien spädades ut mer.

För det andra, kan vi se vilken ursprunglig genfördelning respektive folk skulle ha haft enligt denna modell (eftersom greker och skyter också förde med sig andra gener). Syrierna

skulle enligt denna beräkning ha haft ca 70% av [J^*_{σ} , $J1_{\sigma}$,

F^*_{σ} , $F1_{\sigma}$], följt av 22% $E3a_{\sigma}$ och 8% $J2_{\sigma}$. I så fall en mycket homogen befolkning. Libaneserna å andra sidan skulle ha haft

ca 38% $J2_{\sigma}$, 34% $E3b_{\sigma}$, 25% av [J^*_{σ} , $J1_{\sigma}$, F^*_{σ} , $F1_{\sigma}$], samt möjligen 3% G, fast det ligger säkert inom felmarginalen. Det är väl inte omöjligt att det kan ha varit så.

Det är frapperande att Syrien och Libanon inte delar någon

E_{σ} -haplotyp, eftersom det ena landet har $E3a_{\sigma}$, det andra

$E3b_{\sigma}$. I hela databasen hade Libanon högst frekvens av E_{σ} – faktiskt i båda de rapporter som inkluderade landet – men från

Arabien och Egypten saknades data. Man kan gissa att $E3_{\sigma}$

hör till de semitiska folken, medan J_{σ} hör till Levanten, speciellt dess östra del.

Syrien och Libanon delar däremot J_{σ} -haplogrupperna

(sannolikt finns ingen F^*_{σ} eller $F1_{\sigma}$, utan enbart J_{σ}), om än i väldigt olika proportioner. Protosyrierna skulle ha haft 8

gångar mer [J^*_σ , $J1_\sigma$, F^*_σ , $F1_\sigma$] än $J2_\sigma$, libaneserna 50% mer

$J2_\sigma$ än [J^*_σ , $J1_\sigma$, F^*_σ , $F1_\sigma$]. De flesta studier som ingår i

databasen redovisar endast $J2_\sigma$. Den når sin högsta frekvens, 72%, hos kazbegerna i nordöstra Georgien, i en dal på Kaukasus södra sida, men även de lite åt öster boende azerbajdzjanerna har hög frekvens: 48%. I Turkiet är frekvensen 40%.

Av de folk i databasen där förutom $J2_\sigma$ även J^*_σ , $J1_\sigma$ framgår,

är $J2_\sigma$ betydligt vanligare i Georgien, Turkiet, och alla länder

väster därom. Hos kazakerna däremot är $J2_\sigma$ bara en femtedel så vanlig. Tentativt kan man därför placera

ursprunget för $J2_\sigma$ söder om Kaukasus, och J^*_σ , $J1_\sigma$ lite längre österut, kanske söder om Kaspiska Havet, kanske österut mot Aralsjön, eller möjligen på kusten från östra Levanten till Pakistan.

Högst frekvens har J_σ i databasen i södra Pakistan. Där fanns i forntiden en högkultur kallad Sarasvati-Sindhi-civilisationen, eller Indus-kulturen. Den har föreslagits vara Dilmun, hemlandet för det folk som grundade den sumeriska civilisationen i nedre delen av nuvarande Irak, omkring 3200 f.Kr. Förutom de indoeuropéer som invandrat till Indus-området bor där många dravider, urinvånarna så att säga på den Indiska subkontinenten. Var det mellan Eufrat och Tigris, eller vid den nu uttorkade floden Sarasvati-Sindhu, som

haplogrupp J_σ uppstod?

Eller var det mitt emellan?

Enligt sumerernas egna skriftliga vittnesbörd var det just i Dilmun som de lärde sig skrivkonsten,⁴⁶ och Dilmun beskrivs som "odödlighetens land mitt i det lägre havet".

Odödlighet förknippas med gudar. När hettiternas kungar dog blev de gudar, enligt deras vokabulär. Att bli odödlig genom sina gärningar är liktydigt med att bli ihåkommen för alltid. *Odödlighetens land* kan alltså tolkas som det land där deras anfäder ligger begravda.

Under istiden var Persiska Viken till stor del torra land, som nämnts ovan. Människor bodde då på det som nu är havsbotten. Havet var *lägre* – odödlighetens land låg alltså bokstavligen i *det lägre havet*. I intervallet 5000 till 3000 år före då texten skrevs (alltså 10 till 8 tusen år före nutid) hade havet nämligen stigit med flera tiotals meter. Jämför Figur 2-53 och boken "Världen".

Alternativt kan man fundera på om det var Medelhavet som var det lägre havet, eftersom väster är neråt i den gamla världsuppfattningen. Det stämmer dock dåligt med att de transporterade timmer från Dilmun till sumerernas land. Transporten gick ju med båt. En tredje möjlighet vore att det var Svarta Havet på den tid det var avloppslöst, men även den floden inträffade för över 8000 år sedan, ungefär samma tid som översvämningen av Persiska Viken.

Om Dilmun var på den nuvarande botten av Persiska Viken (där det finns ett stort område som vore lämpligt för jordbruk, innanför en strandvall med ooidsand, som sedan blev snabbt översvämmat att döma av den sedimentologiska sekvensen),

⁴⁶ http://www.hindunet.org/hindu_history/sarasvati/lapis/lapis_lazuli.htm och referenser där.

ja, då måste transporten ha gått på floderna Eufrat och Tigris. Idag är dessa floder segelbara, och det var de säkert då också. Ett par alternativa lägen för Dilmun är andra områden som har översvämmats. Av Figur 2-53 framgår att lämpliga kandidater är i södra Röda Havet, nära bibelns Saba alltså, och på Indiens västkust. Det senare är ungefär där Indus-kulturen låg. Vilken av dessa tre kandidater är då mest plausibel?

Flera inskriptioner från omkring 2000 f.Kr. talar om ett folk kallat mar-tu som uppenbarligen kom från Dilmun. Dessa mar-tu har av flera forskare placerats på Gulfkusten ner till Bahrain. Det motsvarar hur långt söderut kusten stod då den snabba havsyttestegringen inleddes.

En inskription av Sargon den andre lyder ”Upe_ri, kung av Dilmun, vars viloplats är 30 dubbeltimmar bort likt en fisk mitt i den uppstigande solens hav”. En fisk är nere i havet, just som botten av ett översvämmat land. En rimlig fart är 4 knop. På 60 timmar kommer man då cirka 40 landmil, vilket är det ungefärliga avståndet från nuvarande kusten till Bahrain.

Detta antyder att Dilmun kanske låg på nuvarande havsbotten, det land som säkert var ett av de givmildaste under istiden och fram tills för kanske 9-10 tusen år sedan, i inre halvan av nuvarande Persiska Viken. Namnet levde kvar i trakten till ungefär 500 f.Kr., som namn på de ännu inte dränka kusterna intill den gamla odalmarken, de gamla våtmarkerna, nära fornstranden. Alla kulturlager från den tiden är naturligtvis dränkta av havet och begravda av sand vid det här laget, varför man inte kan förvånas över att inget av det har hittats. Förresten är det väl ingen som har letat efter det. Än. Men jag vet *var* man skulle leta, för det framgår av publicerade maringeologiska kartor från området, framtagna i samband med oljeletning. Innan jag “sällar mig till gudarnas skara”, för

att travestera hettiterna, hoppas jag hinna behandla ämnet med den uppmärksamhet det förtjänar.

Dilmun har också kopplats ihop med det bibliska paradiset, på grund av dess association till lycka, välstånd och evigt liv i sumeriska texter (se till exempel fotnot 46 eller Alster, 1983)⁴⁷. Om Edens lustgård låg i Dilmun så kan vi konstatera, att om det finns någon orm kvar i paradiset vid det här laget, så får det allt lov att vara en havsorm. Men, det är nog inte detta som är paradiset, för Edens lustgård översvämmades inte – syndafloden var en helt annan historia. Däremot skulle detta kunna vara platsen för bibelns syndaflod. Det är en sannolik plats för den, men inte den enda möjliga.

Det må vara som det vill med den saken, vi har i vart fall kommit fram till en hypotes att sumererna inte var så särdeles långväga ifrån, utan bara från längre ner längs samma floder.

Man kan då gissa att deras typiska Y-haplotyp var J₀, och det är väl tänkbart att befolkningen under högistiden var ganska homogen hela vägen bort längs kusten till Indien.

Om denna hypotes vore riktig, så följde det med logisk nödvändighet att de hade skrivtecken redan för omkring 8000 år sedan. Det skulle ställa hela teorin om skrivkonstens utveckling på huvudet. Ett annat problem är att det gick ungefär tre årtusenden mellan då havsbotten översvämmades som snabbast, och då sumererna uppträder i Mesopotamien. Visserligen flöt de runt på havet ett tag i Noaks ark, om man

⁴⁷ Alster, B., 1983: *Dilmun, Bahrain, and the alleged paradise in Sumerian Myth and Literature*. I: Potts, D.T. (red.): *Dilmun: New studies in the archaeology and early history of Bahrain*. Berlin, Dietrich Reimer Verlag, sid. 39-74.

vill tro Bibeln, men det var bara 40 dagar, inte 3000 år... Det är alltså något som inte stämmer i detta. En möjlighet är ju förstås att de kom från nuvarande havsbotten, migrerade österut till exempel då havet steg, och sedan migrerade tillbaka 3000 år senare, medan de fortfarande mindes var deras anfäder hade levat.

Kanske är det så att dravidiska folk med tidig högkultur har ett både genetiskt och kulturellt nära samband med sumererna, så som har föreslagits. Naturgeografiskt är det ju faktiskt en sammanhängande region, från vårt förmodade Dilmun till Indus, och föga underligt vore det väl om befolkningen var en enda homogen population.

Man kan förresten undra, om översättningen från kilskrift till ”i det lägre havet” (”in the lower sea” på engelska), faktiskt betyder just ”i havet som var lägre”, alltså, ’som stod lägre’ [den gången]. Det skulle vara intressant om en expert på kilskrift kunde kontrollera om den betydelsen är möjlig. Det vore dock knappast förvånande, eftersom sumererna ju kände till syndafloden som sådan (Bibelns syndaflodsmyt är snarlik den sumeriska).

På tal om det, så kan jag påpeka att Bibelns syndaflodsmyt påstår att vattnet steg 15 korta aln à halvannan fot. I SI-enheter motsvarar det ungefär 6 meter. Även om man tar i beaktande att detta mått är förknippat med en aning osäkerhet, så kan man trots det konstatera att det handlade om en abrupt havsyttestegring av ansevärda dimensioner. Hur ända in i röda gick det till, undrar kanske en och annan. I boken ”Världen”, kapitlet ”Innestängd issjö-teorin”, gavs den första förklaringen någonsin till en sådan flod.

Europas stora öar

Från Sardinien finns DNA-data från Y-kromosomen i databasen, och från Kreta har vi ett ganska stort dataset med mtDNA. När vi är inne på öar så kan vi lika bra titta på Irland på samma gång.

Det visar sig nämligen att Sardinien och Irland koloniserades ungefär samtidigt, nämligen för omkring 9000 år sedan. Sammanträffandet i tiden med den neolitiska "revolutionen", eller – som vi sett – översvämningen av jordbruksområdena i Mellanöstern, väcker naturligtvis nyfikenheten.

Den tidigaste neolitiska kulturen på Kreta utnyttjade domesticerade födoresurser i betydligt större utsträckning än vilda dito. De bodde i början mest på sedimentära jordar (finkorniga jordar som avlagrats från rinnande vatten på sluttningar och i dalbottenar), som är lätta att odla och håller vattnet bra. När denna kultur inleddes? För omkring 8000 år sedan. Dessa uppgifter kommer från Evans utgrävning av Knossos, och ännu finns inga uppgifter från Kreta om mänsklig bosättning tidigare än så.

Kreta

Tittar vi på mtDNA från Kreta, så finns det 21% av de haplotyper som kom till Europa under Bølling (inklusive

mutanter, men exklusive H_Q-CRS), och 6% bara av

grundtypen av T_{2Q}. Räknar vi på samma sätt finns det endast 9% av de haplotyper som kom i början av neolitikum, och bara en person av 186 hade en av de två grundtyperna. Betyder det att Kreta blev befolkat före neolitikum?

Nej, dessa DNA-data kan inte användas som argument för en sådan slutsats, eftersom de paleolitiska haplotyperna kan ha kommit till Kreta från det grekiska fastlandet i ett senare skede. Eller, kanske, från nuvarande Georgien, i samband med att Svarta Havet steg in över deras land. Fast det allra troligaste är nog att det för 8 – 9000 år sedan rådde en veritabel folkvandringstid, i vilken folk flyttade lite överallt i kedjereaktioner, så att detaljerna är omöjliga att någonsin reda ut.

Tyvärr försvinner den genetiska signalen i bruset när vi försöker få en upplösning som är bättre än några årtusenden. Och i Europa har det hänt mycket på kort tid efter istiden – inte bara efter vår tideräknings början, utan förmodligen i minst lika hög grad före.

Sardinien

I västra Medelhavet ligger Sardinien, som av arkeologiska data att döma befolkades för omkring 9000 år sedan. Var det kanske landsflyktiga egyptier som kom dit? Låt se om Y-kromosomdata från ön ger någon ledning.

Från Mellanöstern och neolitikum finns 12% E3b_♂, det är allt.

E3b_♂ är klart vanligare i Libanon än Syrien, medan E3a_♂ endast finns i Syrien av de två. Dagens Syrien når Medelhavet i dess nordöstra hörn, men forntidens Syrien låg mellan Eufrat

och Tigris. E3a_♂ kan därför vara hemmahörande i (norra)

tvåflodslandet, medan E3b_♂ kan vara mera sydlig, från den

Arabiska halvön. Detta är ju väldigt spekulativt, men, ställer man inte upp modeller så kan man heller inte testa dem.

Från Kaukasus finns det 14% G_{σ} och (möjligen) 10% J_{σ} , totalt 24%. Det är ungefär samma förhållande mellan de två förmodade grundarpopulationerna som vad vi såg på Kreta, fast det där var mtDNA-data vi hade tillgång till. Det finns

ungefär lika mycket $R1_{\sigma}$ (förmodligen västeuropeiskt $R1b_{\sigma}$):

22%. Men nu skall ni få höra: Det finns hela 38% I_{σ}

(mestadels $I1b2_{\sigma}$).

Sardinien är en ö med markanta dialektskillnader och genetisk variation. Kanske den befolkades ursprungligen av neolitiska folk, men att senare invandring från det Italienska fastlandet – eventuellt via Korsika – har tillfört ureuropeiska gener. Eller kom dessa samtidigt, till andra delar av ön? Även det Adriatiska Havet, kring Pos nedre lopp, översvämmades ju av

världshavet, och kanske folk därifrån med I_{σ} -haplotypen kom till Sardinien på jakt efter ett nytt hemland? Som sagt är det hart när omöjligt att avgöra vad som hände när i denna folkvandringsperiod för 8 - 9000 år sedan, då världshavet steg så snabbt.

Nordliga öar

På Irland finns inte mycket av Mellanösternhaplogrupper vad gäller Y-kromosomen. Ett par procent E_{σ} , samt högst 15% av

I_{σ} , G_{σ} och J_{σ} tillsammans – och man får anta att det mesta av det måste vara I_{σ} . Britter har 16% I_{σ} och högst 8% av G_{σ} och J_{σ} tillsammans, jämte 4% av E_{σ} .

Databasen över mtDNA-data (från Richters *et al.* 2000) har en kategori som heter NV Europa, och som i huvudsak är invånare från de Brittiska Öarna. Som grup har dessa 8,7%

även om vi bara räknar *grundarterna* av J_{ϕ} och $T1_{\phi}$.

Ser vi på Cornwall och Wales för sig, så har de 10% respektive 9% av dessa. Räknar vi in också mutanterna, så har Cornwall 25% och Wales 17%. Det är faktiskt på de Brittiska Öarna som dessa haplotyper är vanligast (följt av sydöstra Europa). I dessa

fall dominerar J_{ϕ} klart över $T1_{\phi}$ (ungefär 5:1 i snitt; samma förhållande ser vi i Norge men med lägre absolut frekvens, medan däremot Sverige och norra Tyskland snarare har 3:2).

Jämför kartan i Figur 2-18. Även Island har höga värden av J_{ϕ} , eftersom ön i huvudsak befolkats av kvinnor från de Brittiska Öarna.

Hur skall vi tolka de höga värdena på de Brittiska Öarna? Kanske är det just som det förefaller vara, nämligen att det skedde en migration per båt från västra Levanten, för omkring 9000 år sedan eller strax därefter. Dessa migranter skulle kunna vara de första invånarna på Irland. Fast det kan också tänkas att ön redan var befolkad, men så glest att några arkeologiska rester av de tidigaste invånarna ännu inte

anträffats (om de bodde i södra Irland nära havet så är deras boplatser idag dränkta).

Medan J₀ är koncentrerad till de Brittiska Öarna, där den är

någorlunda jämnt utbredd, förefaller T1₀ att vara mera fläckvis utbredd. Kanske är det ett resultat av att vissa skepp med immigranter kom längre söder ifrån, från Egypten.

I vilket fall tyder data på långväga sjöresor tidigt i historien. Det hävdas ibland slarvigt att generna i Europa är så blandade på grund av händelser de senaste 1500 åren, alltså med början vid ("modern") folkvandringstid. Det är bevisligen fel; européer har länge varit rörliga. Se bara vad isländska forskare nyligen skrev: "Den relativt höga frekvensen av unika haplotyper tillhörande haplogrupp 1 i Skandinavien visar att dessa kromosomer kan ha en ganska lång historia i den nordiska befolkningen. Det är därför osannolikt att de är ett resultat av genflöde från till exempel Brittiska Öarna som ett resultat av import av gaeliska slavar under vikingatiden. På samma sätt antyder det höga procenttalet av unika haplotyper från haplogrupp 2 hos gaelerna, att dessa förmodligen endast delvis är ett resultat av vikingaaktiviteter på Irland och i Skottland."⁴⁸ Alltså, kontakterna mellan nordiska folk och

⁴⁸ "The relatively high percentage of private haplotypes belonging to haplogroup 1 in Scandinavia indicates that these chromosomes could have a fairly long history in the Norse population. Thus, they are unlikely to be the result of gene flow from the British Isles for example, as a result of the import of Gaelic slaves during the Viking period. Similarly, the high percentage of private haplotypes belonging to haplogroup 2 in the Gaels suggests that these are likely to be only partially derived from Viking activities in Ireland and Scotland." Helgason, A., *et al.*, 2000: Estimating

gaelerna går tillbaka betydligt längre än till vikingatiden.
(Haplogrupperna de nämnde är enligt kolumn α i Figur 2-3.)

De yttersta utposterna

Det har antagits att invånarna på de Nordatlantiska öarna norr om Storbritannien delvis representerar en äldre genpool, som till stor del har ersatts på huvudön genom senare invandringar. Detta gäller Orkneyöarna, Shetlandsöarna, och i viss mån även Yttre Hebriderna, även kallade "the Western Isles", de västra öarna. Island befolkades som bekant av vikingar år 830, men där fanns redan enstaka "västmän", efter vilka Västmanöarna är uppkallade. De kanske var från Yttre Hebriderna? För övrigt är "de västra öarna" något som går igen i mytologin hos ett antal folk, som något välsignat, och som landet av evigt liv för de döda. Till och med i Odysséen förekommer det, som något främmande för grekisk religion, då Menelaos (den Sköna Helenas make) fick veta av Den Gamle i Havet att han inte skulle dö och fara till det tröstlösa Hades, utan till "de välsignades ö" i den västra oceanen.

Om nu dessa öar har en äldre genuppsättning, vad är den då?

Yttre Hebriderna och Skye har den högsta frekvensen I_0 i

databasen, och Orkney den näst högsta av X_0 . Båda är vanliga i Toscana, etruskernas hemland i historiens gryning; de var invandrade dit, men historien förtäljer inte varifrån. Alltnog,

X_0 är mer än 3 gånger så vanlig hos druserna (vilka ju kom

Scandinavian and Gaelic ancestry in the male settlers of Iceland. *Am. J. Hum. Genet.* 67: 697–717.

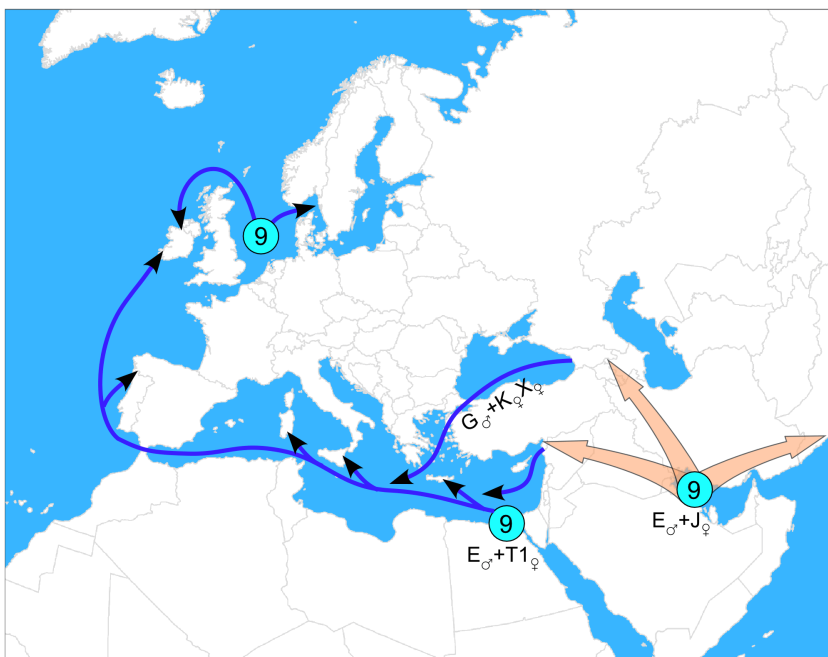
från Egypten) som i Toscana. I_Q har, förutom på dessa öar, också förhöjd halt i Skottland och i Grekland, samt i Egypten.

Indicierna hopar sig. En långkolonisation från Egypten verkar

sannolik. Men det finns ett problem. Grundtypen för X_Q har inte hittats hos druserna, men däremot i Kaukasus. Eftersom

även G_O kom till Sardinien, har jag lagt in en långkolonisationspil också från Kaukasus i Figur 2-54.

Det finns en vinkel till på detta. Haplogrupp X_Q förekommer som sagt också hos Nordamerikas indianer. Det antyder att folket med den haplogruppen har seglat över Atlanten i forntiden, långt före vikingarna. Det enda historiska folk som i tidig historisk tid seglade på Atlanten var fenicierna, som bodde lite norr om där druserna idag bor. De seglade på Irlands västkust bland annat. Fenicierna lär vara inflyttade till Medelhavskusten i förhistorisk tid, från "Röda Havet" enligt Herodotos. Fast det lär skola tolkas som Indiska Havet med bihav, i detta fall Persiska Viken.



Figur 2-54. Möjliga sjövägar (i blått) som folk kan ha spridits då deras kustnära lågland översvämmades av havet för ungefär 8 – 9000 år sedan.

Till detta vill jag lägga följande egna erfarenhet. I Egypten fick jag mig omtalat att de kallar Röda Havet så på grund av strändernas färg, i motsats till Medelhavet som de kallar Vita Havet. Röda Havets stränder är röda på grund av att sanden kommer från röda berg, röda på grund av vittringskemin. Medelhavets bländvita stränder består av ooidsand, små pärlor som bildas genom kemisk utfällning av kalcium i områden där vattnet dels är övermättat på kalcium, dels agiteras hela tiden.

Även Persiska Viken har stora områden med ooidbildning, både i nutid och då havsytan stod lägre under istiden. Själva kusten utanför tvåflodslandet bestod av en ooidstrand under istiden. Eftersom geografiska namn – speciellt som har med sjön att göra – oftast har stark anknytning till hur naturen ser ut, och denna ooidsand är så vit att den ger ett blänk i himlen (liknande snöblänk och isblänk), så tycker jag det verkar något märkligt om Persiska Viken skulle benämnats Röda Havet.

Alltnog, min gissning är att folk från Levanten, på flykt undan ett stigande hav, seglade till Västeuropa i tidig postglacial tid, och sedan aldrig upphörde att segla. Att deras kontaktnät vidgades. Att de fann samma vägar som vikingarna senare, från ö till ö tills de kom till både Grönland och Amerika (fråga inte varför deras gener inte finns hos eskimåerna – eskimåerna hade då ännu inte anlänt till Grönland). Att de upprätthöll kontakten med Medelhavsområdet, och att deras ättlingar senare återmigrerade som fenicier.

Skandinavien

Den vakne läsaren frågar sig kanske varför Skandinavien står nämnt under rubriken ”öar”. Den klassiskt bildade läsaren däremot, vet att Pliny d.ä. år 67 f.Kr. nämnde ”Scadinauia”, och som var och en som är kunnig i forngermanska förstår, så betyder det ”Skade-ön”. Det gamla ordet auia = eya = öia = ön har gett upphov till –avia i ”Scandinavia”, samtidigt som ”d” har blivit ”nd”.

”Skade” känner vi igen som jättekvinnan, den ljusa mön, Tjatses dotter, med vilken vanen Njord var gift enligt Äldre Eddan, men det är en annan historia. Fast egentligen avsågs Skåne med namnet ”Skade-ön”; det ansågs länge att Skåne var

en ö. I verkligheten var det dock länge sedan – och bara nästan – som södra Skandinavien var en ö.

Variationen inom Sverige av frekvensen av J_0 , T_0 och $T1_0$, är mycket stor i de tre undersökningar som har refererats till i denna bok (Göteborg, Lund, Uppland). Även om man tar hänsyn till att det var ett litet antal personer, så är ändå sannolikheten att skillnaderna berodde på slumpen så små, att chansen att vinna högsta vinsten på lotteri är många gånger högre. Dessa stora regionala skillnader kan knappast ha levt kvar i 9000 år, utan skvallrar om senare folkvandringar. Låt mig till exempel påminna om att skåningarna liknar samerna, och att deras haplotyper i mtDNA verkar komma från Finland.

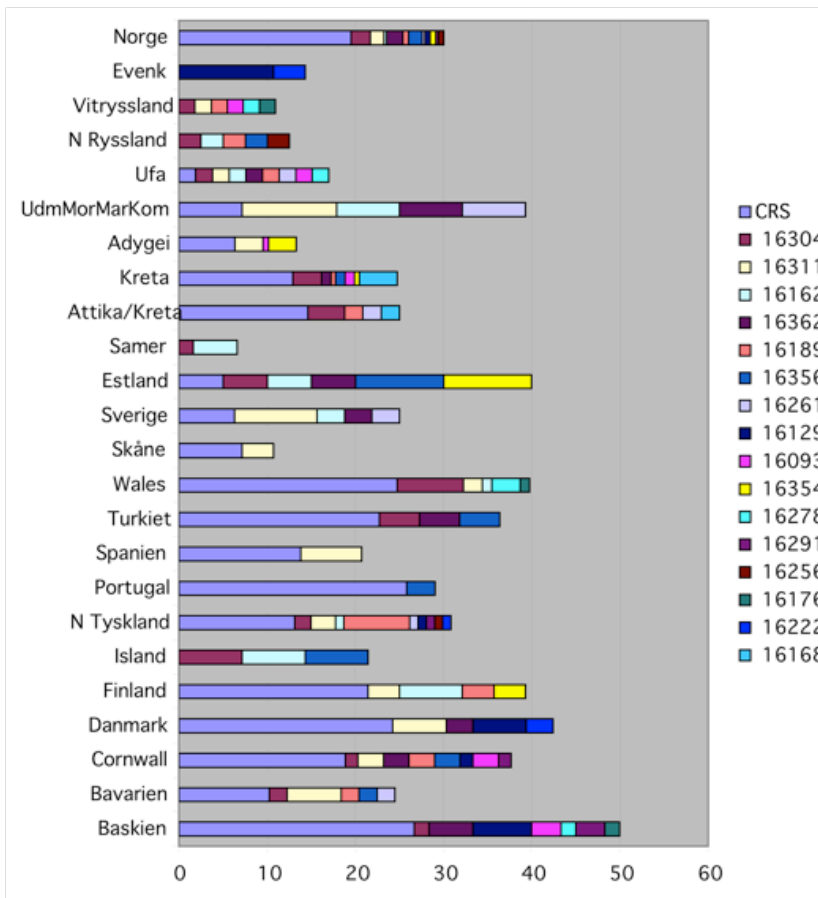
Vidare kan man konstatera, att västkustbornas mtDNA har hög

halt av både T_0 och K_0 , vilket de har gemensamt med Yttre Hebriderna, men också med både Mellanöstern (Egypten – Libanon) och Kaukasus. Man påminns om herulerna. De bodde i Azovska Sjöns träsk, granne med Kaukasus, då de uppträdde i historien som pirater på Svarta Havet. Under (modern) folkvandringstid slog de sig ner i Bohuslän enligt Stang (1996)⁴⁹, då de efter några sekel återvände till Skandinavien, där förhistoriens mörker ännu låg sänkt över nejden.

Slutligen passar östsvenskarnas haplogrupper bra överens med de finsk-ugriska folken vid Volga. Vi har sett i Figur 2-42 att likheten är stor ända ner på haplotyp-nivå. Vi kan även titta på variationer inom den stora H-haplogruppen. Figur 2-55 visar

⁴⁹ Stang, H., 1996: *The Naming of Russia*. Universitetet i Oslo, Slavisk-baltisk avdelning, Meddelelser Nr 77. 324 sid.

frekvensen hos några olika grupper av haplotyper som ligger en mutation från CRS i HVS1.



Figur 2-55. Frekvens i procent av antal provtagna individer av några mutationer i haplogrupp H. UdmMorMarKom = finsk-ugriska folk väster om Uralbergen; Ufa = Basjkirien. Antalet personer per grupp varierar stort, från 14 islänningar till 323

norrmän. Endast de som har CRS, eller en enda mutation från CRS, är medtagna.

Det hampar sig att svenskarna och de finsk-ugriska folken i denna studie har exakt samma kombination av 5 haplotyper. Onekligen ett starkt indicium för en kontakt där emellan, som – kunde man lätt frestas att haspla ur sig utan närmre eftertanke – skulle kunna bero på att vikingarna idkade kvinnorov i de trakterna.

Vi skall återkomma till detta i diskussionen senare, men en generell observation är, att väldigt många, från antiken till nutiden, tenderar att försöka förklara fenomen som mera nyliga än de verkligen är. Det verkar vara en allmänmänsklig psykologisk effekt som ger en tendens, en *bias*, ett systematiskt fel. Hur många skulle till exempel tro (utan att ha läst detta verk) att det finns minnen bevarade från tio tusen år tillbaka? Förmodligen ingen. Även eder författare skulle ha höjt på ögonbrynen vid en sådan upptäckt, bara för få år sedan. Nu skulle han bara höja axlarna. Saken är nämligen inte att minnena, historierna, är borta, utan att kontexten, sammanhanget, gått ur tiden. Därför är de idag omöjliga att förstå – om man nu inte gör just det jag föresatt mig, nämligen att återskapa sammanhanget. Seriens första bok, *Världen*, som handlar om naturgeografin, spelar därvid en viktig roll.

Fler pusselbitar

Det finns en viss uppgivenhet bland forskarna om möjligheten av att studera Europas fylogeografi med hjälp av arvsanlag. Det må så vara att det inte finns några statistiskt signifikanta skillnader. Det betyder emellertid inte att det saknas skillnader.

Vad jag vill ha sagt är att statistik nog är fel vetenskap att ta till. Den duger till att komma fram till det allmänna från det specifika. Men det är inte några allmänna fakta vi är på jakt efter, för varje människa som går från punkt A till punkt B är specifik. Här ligger den gordiska knuten så att säga: Man har sökt efter fel sak. Det är som om man skulle försöka lägga ett pussel genom att räkna ut den genomsnittliga färggradienten i höjdlängd och sidled!

I stället för att förenkla måste vi bevara hela komplexiteten i det vi studerar.

Tyvärr känner vi inte hela sanningen, utan bara lite pusselbitar här och var. Här följer ytterligare några, utan annat samband än att vi vet något litet om dem.

Genuppståndna gener

De genetiska skillnader vi ser mellan stenåldersbaskerna och de nutida, behöver inte nödvändigtvis representera en utveckling av folkets genpool. Liksom arkeologerna har konstaterat beträffande megalitkulturerna, representerar förmodligen inte begravningarna hela befolkningen, utan bara en elit. Jag citerar Burenhult (1999, del 1 sid 311)⁵⁰: ”Kanske vågar vi förmoda att endast en liten, genom ättillhörighet eller på annat sätt förutbestämd, grupp inom samhället skulle komma att få sin sista vila i en monumentalgrav av sten.”

Vad stenåldersdata kan skvallra om är därför kanske ännu intressantare än vad forskarna själva insåg; istället för att tala om hur baskernas genpool utvecklats, avslöjar det förmodligen vilka som var överklass vid den tiden.

⁵⁰ Burenhult, G., 1999: *Arkeologi i Norden*. Natur och Kultur, Stockholm.

Varifrån kom då denna överklass? För det första måste vi räkna ut vilken genuppsättning de hade. Den kombination som de döda hade representerar ju populationen som levde i Baskien, inte de som kom dit utifrån. Med andra ord, de har förmodligen tagit sig lokala kvinnor också, så det bidraget måste vi räkna bort.

Eftersom stenåldersbaskerna hade noll i frekvens av V_{ϕ} , och nutidens basker hade noll i J_{ϕ} , så antar vi att

stenåldersinvandrarna inte hade något V_{ϕ} , och att

urinvånarna inte hade något J_{ϕ} . Baskernas förutvarande genpool är den ena okända, och invandrarnas den andra.

Dessutom får vi anta att invandrarna hade noll i H_{ϕ} , eftersom den enklaste lösningen annars blev att det var två separata populationer som aldrig blandades.

Lösningen blir då som följer (först data, sedan den beräknade ursprungliga fördelningen):

	U_{ϕ}	H_{ϕ}	V_{ϕ}	J_{ϕ}	T_{ϕ}	K_{ϕ}
Nutida basker	6.7	72.1	3.3	0.0	6.5	9.9
Gravarnas folk	16.5	37.2	0.0	12.4	9.1	19.8
Invandrarna	28.3	0.0	0.0	27.0	13.0	31.7
Urinvånarna	6.7	73.4	3.2	0.0	6.8	10.0

Nutida basker = 1% invandrare, 99% urinvånare.

Gravarnas folk = 48% invandrare, 52% urinvånare

Att nutida basker enligt modellen till nästan hundra procent består av urinvånare beror givetvis på att invandrarna hade

mycket J_{ϕ} , men de nutida baskerna hade noll J_{ϕ} i data.

Resultatet blir att stenålderns basker hade samma genuppsättning som idag, inom felmarginalen, och att de som ligger begravda i stenåldersgravarna *inte* är representativa för den lokala befolkningen. De måste istället förstås som en invandrad elit, en härskarklass, just så som nämndes inledningsvis. Att de till endast 52% har inhemsk mtDNA betyder att det var både män och kvinnor som invandrade, inte bara krigarband. Därmed har de kunnat hålla sin kultur vid liv, vilket inte skulle ha varit så enkelt om de inte hade haft kvinnor med sig.

Enligt resultaten i tabellen ovan hade invandrarna till mer än två tredjedelar mellanösternsgener, men också en ansevärd andel

U₅. Eftersom denna senare inte är uppdelad i underhaplotyper är det inte möjligt att veta om det var huvudsakligen

européiska U₅, eller till exempel U₆ från Mellanöstern. Främlingarna kan alltså lika väl ha kommit direkt från Mellanöstern, som från en annan del av Europa – i så fall

kanske från en nordlig del av Europa, med mycket U₅. Det är

också notabelt att de förefaller ha haft högre andel K₁ än någon annan population vi har sett data ifrån, något mer än Ashkenazy judar.

Om de var från en annan del av Europa, så måste det i vart fall ha varit en plats med en befolkning i huvudsak invandrad från Mellanöstern. En möjlig plats är då en ö som blev befolkad för första gången vid neolitikums början.

Nordmän i Sibirien

Även om fokus ligger på Europa, så kan man inte undgå att nämna bevis för en europeisk expansion till Sibirien.

Jämför man mutationer i haplogrupp H_Q (Figur 2-55) så ser man att Danmark och Baskien har gemensamma drag (CRS 16362 16129), samtidigt som evenkerna i östra Sibirien delar bägge sina haplotyper (16129 16222) med både danskarna och

nordtyskarna. Hur har evenkerna fått haplogrupp H_Q?

Kanske de fick den från den europeiska bronsålderskulturen vid övre Jenisej i centrala Sibirien. I så fall får vi här en antydning om var detta bronsåldersfolk kan ha utgått ifrån på sin färd, som rimligtvis bör ha gått dit i båt via Norra Ishavet. Från kusterna kring sydvästra Östersjön; Vorpommern, Danmark, eller kanske Skåne.

Dessa bronsåldersherar – here är det göingska ordet för yngling, med samma etymologi som hero får man förmoda – öppnade måhända dörren för vidare kontakter. Men vad som kom tillbaka var inte gäneligt.

Sibiriska män i Norden

För omkring 4400 år sedan uppstod haplotype N3_♂. Den spred sig över stora delar av norra Eurasien, från Östersjön i väster till Okhotska Sjön i öster. Speciellt vanlig är den bland de finsk-ugriska folken, på båda sidor om Uralbergen. Låt oss se på ett av dessa folk.

Marierna vid Volga är jordbrukare och boskapsskötare, och är kända för sitt träsnideri och sina broderier. De är urinvånare i

sitt område (som senare har delats på mitten av udmurterna, förr kallade votjaker). Mariernas språk, tjeremissiskan, ligger på samma huvudgren som de östersjöfinska och de samiska språken, den gren som har sin utbredningsmässiga tyngdpunkt i den europeiska delen av Ryssland, uppströms och norr om den stora Volgakröken vid Bulgari, men inte uppe i Uralbergen.

De är ett av flera finsk-ugriska folk i trakten. Andra folk har renskötsel som huvudnäring, och så vidare. Bilden som framtonar är att ett och samma folk har valt olika näringsfång beroende på de naturliga förutsättningarna där de bor. Genom att deras handelsförbindelser med omgivande folk givetvis beror på deras val av näringsfång till stor del, och äktenskap nog ofta har varit en del av kontakterna, så har deras respektive genpool nog utvecklats olika av den anledningen. Kontentan av detta synsätt är emellertid, att materiell kultur är en nästan värdelös indikator på forntida folks släktskap. Mycket riktigt går det dåligt att passa ihop arkeologiska kulturer med geners utbredning, med några undantag.

Så vad är anledningen till att N3_♂ har spritts så vida omkring? Uppenbarligen är det nästan enbart män som stått för denna "folkvandring", eftersom andelen asiatiska mtDNA-haplotyper hos till exempel samerna är lågt, ett par procent, och de kanske inte ens har kommit samtidigt. Vissa folk har uppåt 70%

asiatisk N3_♂, samtidigt som de kan ha över 90% europeisk mtDNA.

Kittles *et al.* (1999), som undersökte fem populationer inklusive skåningar och finnar, konstaterade att finnar hade den lägsta heterogeniteten på den manliga sidan (Figur 2-56). De skrev: "Ett begränsat antal nära besläktade anfäder kan ha

bidragit till det låga antalet fäderneslinjer i den finska befolkningen.”⁵¹ Denna grundareffekt har placerats i tiden för ungefär 2000 år sedan. Någon motsvarande effekt kunde inte ses hos kvinnorna.

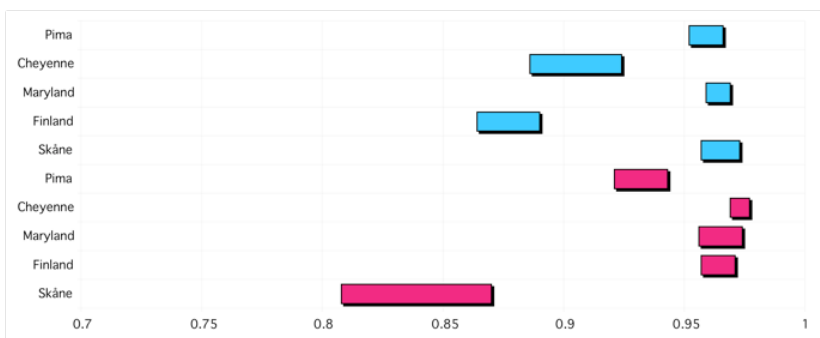
Vi är därmed så långt framme i tiden att folksagor och myter kan leva kvar, och berätta om en invasion av asiater som – kan man misstänka – slog ihjäl manfolket och själva tog kvinnorna i det erövrade området.

Skandinaviska samer har lika mycket I_{σ} som $N3_{\sigma}$, samerna i Ryssland har ett förhållande 1:2,5 för I_{σ} : $N3_{\sigma}$, pomorer (rysktalande vid Vita Havs-kusten) har 1:4, medan nordliga ryssar har ungefär 7:5. Östligare finsk-ugriska folk har allt mindre av I_{σ} , ända ner till 0%, medan västligare folk har allt mindre av $N3_{\sigma}$.

Vad de däremot inte kommenterade var att skånska kvinnor har en mycket låg heterogenitet, till och med lägre än finska män, och den i särklass lägsta i studien. I bjärt kontrast till sina kvinnor, har skånska män en ”normal” heterogenitet.

⁵¹ ”A limited number of closely related founding males may have contributed to the low number of paternal lineages in the Finnish population.”

Européernas DNA från en geografiskt perspektiv



Figur 2-56. Haplotyp-diversitet (heterogenitet) för 5 provtagna populationer (95% konfidensintervall). De 5 övre raderna avser Y-kromosomdata, de undre 5 mtDNA-data. Ju högre tal, desto högre genetisk heterogenitet, h. Data från Kittles et al. (1999). Pima och cheyenner är nordamerikanska indianstammar, medan "Maryland" avser europeiska så kallade "amerikaner" i den delstaten.

Om de finska pojkarnas data kan förklaras som en kraftig flaskhals, så torde man kunna misstänka detsamma för de skånska flickornas del. Några få anmodrar, nära släkt, har gett upphov till en majoritet av avkomman. Det som verkligen förbryllar är att haplotyperna är så lika samernas. Kanske ligger en dramatisk händelse bakom, som vi genom vidare studium kan rekonstruera. Fast det får anstå till en kommande bok, eftersom vägen fram till en dechiffriering är lång. Låt mig emellertid ge en försmak, genom att visa på några uppenbara fall där sägner gjort det möjligt att föreslå en rimlig tolkning.

Arvsanlag som kitt mellan myt och historia

Då vi närmar oss nutiden blir det riktigt spännande, eftersom vi här kan pussla ihop information från olika källor. Arkeologi i all ära – det är bara föremål, och det vi är intresserade av är ju människorna. Myterna talar direkt om människorna, liksom arvsanlagen gör. Dessa två källor borde därför vara de mest intressanta att jämföra.

Mytens väsen

Historisk tid är den epok då vi har pålitliga skriftliga vittnesbörd. Tiden före historisk tid kan kallas förhistorisk tid, men den senare delen av förhistorisk tid är inte helt konturlös – även om vi inte känner dess historia, så känner vi dess historier. Det är ingen slump att de två orden är så lika. Då Herodotos skrev sin Historia så kallade han det faktiskt Historierna, och det är först långt senare man började göra en distinktion mellan det objektiva och det anekdotiska.

Historier blir med tiden till myter, nämligen då platser och begrepp som förekommer i historien upphör att existera, så att historiens anknytning till den geografiska verkligheten tappas bort. Detta gäller, vågar jag påstå, oavsett om historien var objektiv och saklig, eller anekdotisk till sin karaktär.

Ta bara Iliaden; en mer detaljerad beskrivning av några dagars händelser i forntiden kan man knappast tänka sig, men det räddade ändå inte verket från att bli betraktat som fiktion under lång tid. Det gick så långt, att namnet på dess stil, nämligen ”dikt”, nu betyder just fiktion, fastän versmått från början nog skapats som ett stöd för minnet, så att inte fakta förvanskades med tiden.

Nu är emellertid inte all mytologi baserad på fakta. Myter har också använts på samma sätt som politiska lögnar idag. En myt om hur ett visst folk grundade sin närvaro på en plats genom någon guds eller gudinnas ingripande, är ett exempel på en politisk myt ämnad att motivera det folkets ”rätt” till den platsen. Bibelns myt om hur den judiska guden gav ett utvalt folk ett stycke land som därefter tillhört andra folk, är ett exempel på en ovanligt oförblommerad sådan politisk myt, som inte ens försöker dölja att de med våld erövrade platsen. De grekiska stadsstaternas myter däremot, dölde ofta eventuellt våld i samband med erövringen bakom symboler och rena sagomotiv. Man kan säga att de var mera lika den moderna amerikanska myten, vilken inte erkänner landets historiska våldsdåd.

Man kan fråga sig hur en bevisligen falsk myt kan överleva, och sanningen samtidigt glömmas bort. USA är ett bra exempel. Sanningen om landets historia är allmänt tillgänglig i böcker och på Internet, men en stor majoritet av befolkningen tror ändå på myten, och känner inte alls till sanningen. Den politiska lögnen visar sig därför vara effektiv som medel för att framkalla glömska. Med ett modernt ord kallar vi det för propaganda. Enligt vad Adolf Hitler själv påstod i *Mein Kampf*, lånade han propagandan som politiskt verktyg från just amerikanerna (rubriken för kapitel 6 är ”Krigspropaganda”)⁵².

⁵² *Mein Kampf* är nu förbjuden i Sverige, varför svenska läsare (som inte är forskare) är hänvisade till Internet om de vill kontrollera referensen. Beträffande krigspropaganda är den numera förbjuden enligt en internationell konvention, men USA gjorde ett undantag för den paragrafen, varför USA är ett av de få länder i världen där krigspropaganda ännu är lagligt – något som utnyttjades till fullo i uppmarschen till Irakkriget 2003.

En annan viktig iakttagelse är, att manliga gener, kvinnliga gener, språk, folknamn och materiell kultur, är olika storheter som inte automatiskt följs åt. Till exempel kan ett litet krigarfölje erövra ett annat mycket större folk, varvid namnet behålls från det lilla krigarföljet, språket antingen behålls från det större folket eller ändras, medan nästan ingenting visar sig i generna från denna händelse. Med andra ord, ett namngivet folk kan byta inte bara geografisk uppehållsort, utan också

gener! Utbredningen av N3_♂ kan vara ett exempel på vad som händer om erövrande krigare slår ihjäl de besegrade männen, men låter kvinnorna leva. Tänk om det vore tvärtom, som med amazonerna.

Amazonerna

Skall vi prata om myter kan vi väl lika väl gå rakt in i lejonets kula, till ett av favoritmotiven genom tiderna, till amazonerna, de krigiska kvinnorna som levde utan män och som avskydde barnsbörd.

Adam av Bremen placerade amazonerna vid Östersjön, norr om Estland. Namnet Kvenland på norska (varmed i princip avses Finland eftersom norskans ”kvener” = ’finnar’) har av Vilkkuna (1970)⁵³ antagits vara så lika norska ”Kvennaland” (’Kvinnoland’), att det därför har kopplats till de antika myterna om amazonerna. På svenska är det större skillnad (kväner – kvinnor). Det finska landskapsnamnet är Kainuu, vilket motsvarar finlandssvenskans Kajanaland.

I forntiden bodde amazonerna – som var skyternas kvinnor – mellan floderna Danaper och Tanais, vid det Maeotiska

⁵³ Vilkkuna, K., 1970: *Kainuu – Kvenland*, Helsinki.

Träsket, enligt Jordanes (som baserade sig på Orosius). Enligt Stang (1996) avses Dnjepr, Don, respektive Azovska Sjön med dessa namn (jag skall gå i polemik med honom beträffande Don i annat sammanhang, men det ändrar inget i denna argumentation). Nu kan man fråga sig, var det så att mytens *topos*, dess läge, ändrades av irrelevanta skäl så att säga, eller ändrades den därför att hela eller delar av folket faktiskt migrerade norrut? Ger arvsanlagen någon ledtråd?

Provtagningsområdet där halten W_{ϕ} var högst var norra och mellersta Österbotten, Kajanaland och norra Savolax. Kajanaland har av somliga antagits vara vikingatidens Kvänland (norska Kvenland). Kvänerna var ett folk med ett eget rike för omkring tusen år sedan, omnämnt i norska källor. I söder bodde deras fiender karelarna, och i norr ”skridifinnar” och nordmän. Öster om dem bodde deras språkfränder bjarmerna, i Bjarmaland vid Vita Havet, varifrån vikingarna handlade pälsverk. Där bor pomorerna idag.

Pomor kommer av ett slaviskt ord för hav, så Pomerania, Pommern, är helt enkelt ’kustområdet’. Men nu talar jag inte om invånarna i Pommern, utan om de ryssar som bor vid Vita Havet. De enda DNA-data som finns från pomorerna är Y-kromosomdata. Deras haplogruppfördelning är mycket lik den

hos ryska samer; några procent mer $R1a1_{\phi}$ och lika mycket

mindre I_{ϕ} , det är de enda skillnaderna som kan ses i data (de hade 36% respektive 11% av dessa haplogrupper). Man anar att det är samma folk som tidigare, som bara bytt språk till

ryska. Liksom samerna har de också hög halt av $N3_{\phi}$.

Den näst högsta koncentrationen av W_{ϕ} i databasen är hos

kurderna – den enda haplotyp de har mer av är faktiskt H_{ϕ} . Idag bor de i de berg som i forntiden hette Taurus, söder om Kaukasus. Dit kan de ha kommit norrifrån, från norr om Kaukasus, att döma av deras indoeuropeiska språk. Deras mtDNA har många haplotyper från olika håll och kanter av

Eurasien. De saknar däremot både V_{ϕ} och $U5b1_{\phi}$, karaktärshaplotyperna för samerna och norra Finland. Alltså

bör både ”kvänerna” och kurderna ha fått W_{ϕ} från en tredje källa.

Norr om Kaukasus ligger Skytien (det gamla namnet på Ryssland). Jordanes menade att skyterna var identiska med goterna, men det är en anakronism, för han syftade på en tid några årtusenden tidigare, väl före det Trojanska kriget. En gång när skyternas här var upptagen i en expedition på annat håll, anfölls kvinnorna, men försvarade sig framgångsrikt. Då fick de blodad tand och började själva föra krig, och blev därmed amazonerna. De erövrade bland annat Armenien och Syrien, Jonien och Aiolien, och uppförde ett tempel för Artemis i Efesos. Slutligen slog de sig ner i Kaukasus, enligt Jordanes.

Som jag nämnde var kvänerna och bjarmerna språkfränder. Håkon Stang, som 1996 skrev en doktorsavhandling om hur Ryssland fick sitt namn, tog det för närmast självklart att bjarmerna var en del av det vepsiska folket, som fordomdags bodde från Ladoga i väster till Volgakröken i öster. Både ”Ladoga” och ”Volga” kan för övrigt härledas från det finsk-

ugriska språket vepsiska, och Volga betyder ungefär 'den vita'. Vepserna var nämligen "vita", alltså väldigt ljusblonda, och av detta skäl skulle ett antal geografiska namn i deras område ha fått namn på vit: Vita Havet, Beloe Ozero (Vita Sjön), Volga. Vidare har Ladoga förr benämnts Hwita Träsk på svenska (i Erikskrönikan).

Stang skrev vidare att Norra Rysslands taigabälte kallas "Bjarmaland" (eller Biarmia) i nordiska språk, på vepsiska "perama" 'det yttersta landet', och på ryska "Zavoloc'e". Det senare minner åtminstone mig om "Savolax". Perama är förstås samma ord som i Perm, området bortåt Uralbergen till. Från Savolax till Perm talas det idag finsk-ugriska språk av urbefolkningen, men det är ju inte 100% givet att alla gjorde det på vikingatiden. En alternativ möjlighet är att finsk-ugriska uppstod då ett uraliskt språk fördes in över ett substratspråk, och att processen ännu inte var avslutad för 1000 år sedan. Jag påstår inte att det är så, bara att möjligheten inte kan uteslutas *a priori* – på förhand.

Vilket substratspråk skulle ha varit kan man gissa när man vet att finskan har många urgamla indoeuropeiska låneord. Tänk bara på Perama; "peri" betyder 'om', 'kring' på grekiska, medan "maa" betyder 'land' på finsk-ugriska, tillsammans Perama, 'Ytterlandet' (betydelsen lär vara så, men etymologin gissade jag själv). Det verkar rimligt att Perama rent av har samma ursprung som Biarmia (ändelsen -land är senare), eftersom finsk-ugriska har en tendens att ersätta betonade stavelser med obetonade, att ta bort diftonger och att undvika konsonantsekvenser.

Savolax, förresten (bara Savo på finska); i det ålderdomliga indoeuropeiska språket litauiska hittar vi det possessiva pronomenet "savo" 'vår', och "lax" är ju "lagur", ett gammalt

nordiskt ord för 'vatten'. Alltså, 'våra vatten' eller 'vår sjö'. Sjön som avses är kanske Saimaa, eller snarare den större fornsaimaa, i vilken Savolax ligger. Eller är det kanske som med Biarmia, att det egentligen syftar på hela taigaområdet, "Zavoloc'e". Men detta är naturligtvis bara spekulationer. (Jämför engelskans "our lakes" med Savolaks utan s... låter nästan likadant!)

Detta att folk relativt snabbt kan byta språk, gör ju att vi inte på något sätt kan utgå ifrån att två folk är genetiskt släkt för att de talar samma språk, eller vice versa. Det finns massvis av exempel på motsatsen. Det är helt andra saker som bestämmer vilket språk som går segrande ur ett möte. Därför kan vi inte utgå från att kvänerna och bjarmerna var av samma stam. Kanske är kvänerna resterna av en grupp som invandrade för

längre sedan, och kanske då hade med sig W_0 från till exempel en dal i Kaukasus, varifrån det också spreds till kurderna. Samt – med andra kaukasiska folkvandringar – i låga halter över hela kontinenten.

Ser man på vilka mutationer som finns i haplogrupp H (Figur 2-55) så framstår det också som möjligt med en koppling mellan Finland och adygei, ett folk just norr om Kaukasus, inte långt från där amazonerna en gång skulle ha levat enligt Jordanes. Å andra sidan är adygierna kanske inte ursprungliga i det området, utan kan ha kommit dit från, låt säga, centrala Europa. Det är så mycket som är möjligt, men ack så lite som kan bevisas.

Skyterna erövrar världen

Som redan berörts i någon mån var Jordanes, "goternas historieskrivare", övertygad om att geterna och goterna var

samma folk om än vid olika tider i historien. Geterna dyrkade krigsguden Ares, liksom thrakerna, och bland annat därför får man nog anse att de var thraker. Då han berättar följande om goterna får man därför ha i åtanke att det är geterna som det handlar om, och jag har därför konsekvent använt det namnet:

Geterna bodde där jag tidigare beskrivit att amazonerna bodde (eftersom amazonerna var geternas kvinnor) då Egyptens härskare Vesosis⁵⁴ började krig mot dem. Geternas kung hette då Tanausis, och han besegrade egyptierna vid floden Fasis (Phasis; av vilken fasanerna har sitt namn, säger Jordanes) och förföljde dem ända till Nilens strand. Han kunde dock inte komma förbi försvarsverken och döda Vesosis i dennes eget land. Därefter återvände han och erövrade mycket av Asien. Delar av hans här deserterade på olika platser där landet var gott. En av dessa grupper kallades parther, vilket betyder desertörer (jfr. *depart*), och bodde i den historiska provinsen Parthien i nordöstra nuvarande Iran.

Herodotos skrev också om Sesostri⁵⁵, men hans version – som grundades på egyptiska prästers uppgifter – är lite annorlunda: Sesostri erövrade mycket av Asien, gick sedan in i Europa och besegrade skyterna och thrakerna. På hemvägen lämnade han kvar (eller deserterade) en del av hären vid Svarta Havet i Kaukasus, vid floden Phasis, och de gav upphov till staden Kolkhis (Colchis). Han erövrade även Jonien, och efterlämnade pelare, statyer och ristningar i berg i Jonien,

⁵⁴ Vesosis är en felskrivning av Sesostri, som även andra har gjort sig skyldiga till. Det fanns tre faraoner med namn Sesostri (eller Senwosret), som härskade i intervallet 1871 till 1843 f.Kr.

⁵⁵ Bok 2: 102-106. Det har tolkats som en sammanblandning av händelser under Senwosret I och Senwosret III.

Efesos, och längs vägen mellan Smyrna och Sardis, med inskriptioner på egyptiska.

Den senare finns fortfarande kvar, vid Karabel-passet⁵⁶. Inskriptionen är dock inte på egyptiska, utan hettitiska, ett indoeuropeiskt språk i Mindre Asien som skrevs med kilskrift.

Hur skall vi förstå dessa motstridande uppgifter om kriget? En möjlighet är att båda är nästan helt rätt. Sesostris tog sig onekligen till Skytien, så långt finns ingen motsägelse.

Motsägelsen ligger i vem som vann slaget mellan egyptier och skyter / geter. Förmodligen har båda rätt. När egyptierna anföll vann de förmodligen en lätt seger mot en oförberedd motståndare. Sedan kan de ha lämnat kvar en del av hären för att försvara gränsen vid Phasis. Det var förmodligen denna mindre avdelning som geterna sedan besegrade. Ingen av källorna nämner något ytterligare slag; egyptierna drog sig tillbaka, och geterna följde efter, men det kom aldrig till någon drabbning. Att geterna lyckades erövra stora delar av Asien efter det, är ju inte så underligt om egyptierna nyss farit fram i samma trakter och brutit ner försvaret.

Här kan man lämpligen skjuta in att haplogrupp R1a1_♂ är betydligt vanligare i östra Iran än i västra; att dess utbredning i Asien i grova drag överensstämmer med utbredningen av indoeuropeiska språk; samt att spridningen av indoeuropeiska folk anses ha ägt rum för omkring 4000 år sedan. Det Jordanes tillskrev goterna var alltså inget mindre än stora delar av den indoeuropeiska expansionen! Tack vare Herodotos kan vi

⁵⁶ Herodotus: *Histories*. Further revised edition 2003, fotnot 60 till Bok 2. Penguin Books, London.

också förstå hur expansionen var möjlig, och vilka utrikespolitiska händelser som låg bakom.

Om vi återvänder ett ögonblick till geternas kvinnfolk, så anfölls folket då Tanausis tronföljare regerade, varefter amazonerna erövrade Jonien och Aiolien, enligt Jordanes. Grekland blev mycket riktigt invaderat av indoeuropeiska joner och aioler kring 2000 f.Kr. Det vill säga, nu kallar vi dem för de namnen, men det kanske var äldre regionnamn som fäste sig vid dem efter invandringen. Alltnog, om hellenerna (jonerna och aiolerna) kom från Skytien så borde ju grekiska

män ha en hel del R1a1♂ kan man tycka. Men de har bara 5% enligt Helgason och 12% enligt Semino.

Gick du i fällan? Det var ju *amazonerna* som erövrade Grekland, kvinnor alltså, så det skulle ju inte påverka i Y-kromosomdata! Ser vi istället på mtDNA, så finns det i Attika

både V♀, U5b♀, U5b1♀ och möjligen W♀. Det tyder på ett Skytiskt inflytande om ungefär 10%. Det är frapperande att

både V♀ och U5b1♀ finns representerat, de som annars nästan bara finns hos samer, skåningar och i norra Finland. (Skall vi ta Jordanes bokstavligt så återvände dock amazonerna till Kolkhis igen.)

Det finns fler möjliga associationer, som dock inte får plats att utvecklas här: Tanausis påminner om den grekiska mytologins Danaos, som kom med sina 50 döttrar till Grekland (danaiderna; jfr. att amazonerna var generationen efter Tanausis). Dessutom påminner namnen geter och hettiter om varandra (på det kyrilliska alfabetet transkriberas till och med *h* och *g* med samma tecken). Notera att Jonien ligger på

Mindre Asiens västkust, söder om Aiolien – det var grekiska områden ända tills befolkningsutbytet mellan Grekland och Turkiet år 1923 e.Kr. Tiden och platsen för geternas erövringar stämmer alltså med tiden och platsen för det hettitiska väldets uppkomst.

Nå, den indoeuropeiska expansionen förde detta folk ända till Indien, via Centralasien, där sidenvägen går, antikens Sogdiana. De kom även till Kina, där ett indoeuropeiskt språk talades ända tills för tusen år sedan, det som forskarna nu kallar tokhariska. I den arkeologiska tidsskalan talar vi om Äldre Bronsålder, den tid då också den Skandinaviska civilisationen stod på sin topp, och vad mer är: Den Nordiska Bronsåldern var en av de allra rikaste. En kultur som försvann spårlöst. Men det är en historia för en kommande bok.

Svear

Eftersom svearnas och esternas mtDNA-haplogrupper inte bara har hög korrelationskoefficient, utan även delar många H-haplotyper (Figur 2-55), kan man ställa upp hypotesen att dessa, och de väst-uraliska folken, är närmre släkt med varandra än med till exempel finnarna. Låt se vad de skriftliga källorna har att säga. Hos Adam av Bremen hittar vi detta om svearna:⁵⁷

⁵⁷ Buchner, 1960, sid 468-469: Bok IV, 25: "Now I must describe Sveonia or Sweden briefly... In the east it reaches unto the Rhiphaean mountains, where widestretched wildernesses, amassed snows and human monsters render further penetration impossible. There dwell Amazons, dogheads... and those who eat human flesh for food, whom one therefore avoids and justifiedly passes over in silence. The Danish king, whom I again must mention, has told me that a people of puny stature is supposedly in the habit of coming out from the mountains down into the plain. Against their

”Nu måste jag beskriva Svealand kortfattat... I öster sträcker det sig till Rhipae-bergen, där vidsträckta vildmarker, ansamlad snö och mänskliga monster omöjliggör vidare färd. Där bor amazonerna, hundhuvudena... och de som äter människokött som föda och som man därför rätteligen hoppar över i tystnad. Den danske kungen, som jag igen måste nämna, har omtalat för mig att ett kortväxt folk verkar ha för vana att komma ut från bergen ner på slätten. Mot deras styrka och snabbhet kan svearna knappast hålla emot. 'Och detta folk av okänd härkomst', sa han, 'uppenbarar sig mycket plötsligt, ibland varje år, ofta bara var tredje år. Om man inte motstår dem med yttersta kraft, avfolkar de hela landet; sedan återvänder de hem'...”

Var i hela världen är vi? Detta låter ju inte som Sverige.

I Jordanes (V:30) läser vi: ”Mitt i Skytien ligger den plats som skiljer Asien från Europa, jag syftar på Rhipae-bergen...”⁵⁸ (Skillnaden i stavning hos Adam av Bremen kan bero på ett lätt inträffat skrivfel.) Alltså, svearna bodde ända fram till Asiens gräns, vilket ju, som vi vet, är Uralbergen. De bodde alltså där idag marier, udmurter, komi och mordviner bor. Inte undra på att deras arvsanlag är lika!

Och inte undra på att östliga svenskar, balter och finsk-ugriska folk är så utseendemässigt lika, med blå ögon och linblont hår. Detta är de ”vitas” hemland, till skillnad från västligare

strength and fleetness the Swedes could hardly resist. ‘And these people of unknown provenance’, he said, ‘very suddenly appear, sometimes every year, many times every third year only. If one does not resist them with the utmost vigour, they depopulate the entire country; then they return home.’”

⁵⁸ ”In the midst of Scythia is the place that separates Asia and Europe, I mean the Rhipaeian mountains...”

skandinaver som är mera rödlätta, mera ovala i ansiktet, och med en lite fylligare blond hårfärg. Dessa är de ”rosa”, eller rödlätta, som enligt Stang (1996) möjligen gav namn åt Ryssland.

Varför är inte detta allmän kunskap? Därför att Rhipae-bergen placerats på fel plats – genom århundradena har skribenterna fullständigt massakrerat Skytiens geografi. Det är en lång historia, som det är bättre att återkomma till i en senare bok när mera av bakgrunden är på plats. Men vilka är då monstren i texten?

Man skulle kunna frestas att tro att ”människoätarna” är samojederna (det till och med låter likt ’same eat’, vilket är just vad det betyder), det vill säga nenetserna, och att det folk som föll in från bergen inte gärna kan vara några andra än de

som förde in N3_♂ på trakten. De avfolkade landet – det vill säga, de slog kanske ”bara” ihjäl männen, inte kvinnorna. Just precis det som vi såg ovan i data från Finland. Därför är halten asiatiska Y-kromosomer hög, medan mtDNA fortfarande är europeiskt, hos de finsk-ugriska folken. Skillnaden mellan svenska svear, och ester till exempel, är att havet skyddade de förra från denna hemsökelse. Men till Lappland nådde de kortväxta människorna av sibirisk härkomst – samiska män är till 40% av deras ätt, medan kvinnorna är europeiska.

Dessa nygamla kunskaper gör det möjligt att nysta upp en hel del ytterligare i den äldre historien, i det hittills i stort sett okända norra Skytien (det vill säga Biarmia). Hemsökelsen – folkmordet skulle vi väl säga idag – förklarar det tappade minnet, så att säga, från denna del av världen.

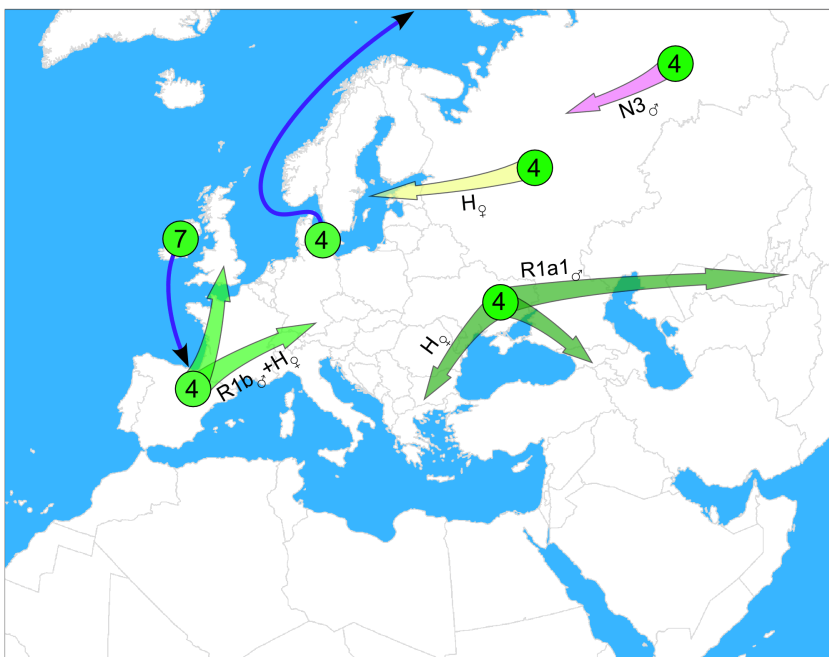
Anfallen från öster pågick under många år, av källorna att döma. Rimligtvis flydde folk till lugnare trakter, i en kedjereaktion. Det vore logiskt att de kom till Svealand av det skälet.

Kanske kom asadyrkan den vägen. Asarna var ju från öster, och där ligger Asien varifrån de fick sitt namn. Härskarätten i det gamla Sveariket var ylvingarna, vargungarna. De ”kortväxta” var snabba... på snö är det snabbast att färdas med slädhundar, inte med skidor. Spetsarna är som små vargar... en grupp slädhundar tränade att anfälla för att döda är som en vargflock. I Äldre Eddan sades det att man ”matade vargarna”

när man dödade fiender. Svenskarna har 7% N3₀. Är svearna representanter för den *gamla* kulturen, eller den *efter* dessa asiaters erövring?

Det är alltså möjligt att svearna lika väl representerar flyktingar, som det gamla folket med nya herrar. Inte heller kan vi ännu säga *när* de skulle ha kommit till den Skandinaviska halvön, där nuvarande Svealand ju ligger, eller ens om det var före eller efter skyternas tidigare nämnda erövringståg av Asien.

Dessa förhistoriska folkvandringar i slutet av stenåldern och under bronsålder – och möjligen början av järnålder – har jag antytt kartografiskt i Figur 2-57. En del händelser har varit långt utdragna, under årtusenden, medan andra har hänt snabbt, som ett krigståg.



Figur 2-57. Figuren föreställer förmodade forntida folkvandringar. Stenåldersbaskernas överklass konstaterades vara av Mellanösternhärkomst. Här har de visats som kommande från Irland, den ö som ligger närmast, men de kan ju också ha kommit från någon Medelhavsö eller Atlantkusten. Spridningen från den Iberiska halvön är en förmodad gaelisk expansion. Spridningen från södra Skytien är geternas och amazonernas härnadståg omkring år 1950 f.Kr. Pilen från Bjarmaland till Svealand är den förmodade invasionen av svear (ungefärlig tid), medan pilen från Asien är de sibiriska folkens förmodligen långt utdragna erövringståg av Bjarmaland. Slutligen antyder pilen upp i Norra Ishavet, att den europeiska bronsålderskulturen vid övre Jenisej kan vara grundad av sjöfarare från sydvästra Östersjön.

Kvinnoland

Med en druckens envishet återvänder jag till dessa krigiska kvinnor... Bildligt talat, förstås. Amazonerna har uppträtt i olika sammanhang i historien: Först i Skytien som geternas kvinnfolk, sedan längre norrut vid Östersjön eller på en ö, och slutligen längst i norr, mot den norra Oceanen (Norra Ishavet). Tidigare nämnde jag möjligheten av att ett folk hade migrerat. En annan möjlighet är att ett gammalt begrepp applicerats på ett helt obesläktat folk. Varför? Gissningsvis därför att det har uppstått samhällen med i huvudsak kvinnor.

Den flaskhals som den manliga delen av befolkningen i Finland genomgick kan som sagt ha berott på ett veritabelt folkmord, så att landet lämnades befolkad med enbart kvinnor. Konstigt vore det då inte om namnet "Kvinnoland" fäste sig vid det. Eftersom platser med hög halt av genetiskt betingade sjukdomar mest finns i norra Finland, kan man anta att det hypotetiska folkmordet i huvudsak skedde där – i Kvänland. Namnlikheten mellan Kvinnoland och Kvänland kan ha förstärkt idén.

Som redan är konstaterat förefaller haplogrupperna $V_{\square}$ och

$U5b1_{\square}$ ha spritts från samma allmänna område, till samerna och till skåningarna. Kan det ha något samband?

Samerna är lätta att förklara: Erövrarna tog sig en liten grupp

kvinnor som råkade ha $V_{\square}$ och $U5b1_{\square}$, varifrån folket sedan växte, medan de behöll delar av den sibiriska kulturen. Det verkar rättframt. Men skåningarna då? Varför i hela fridens namn har de exakt samma haplotyper som samerna, vilka ju måste ha fått sina genom en kraftig grundareffekt?

Antag att det var "samer" som erövrade Skåne. Alltså, samma ursprungligen sibiriska män, med samma kultur, men med de nyligen tagna kvinnorna från Finland. Men, istället för att ta kvinnor från den nya platsen, tog de för omväxlings skull med sig sina egna kvinnor, och slog ihjäl bägge könen i Skåne. Om nu inte landet anträffades obebott, förstås.

Låt mig nu agera djävulens advokat. Jag antog att $V_{\square}$ och

$U5b1_{\square}$ kom från norra Finland. Varför? Därför att det var ljust och bra att leta där, som det heter i anekdoten – med andra ord, vi hade data därifrån. Haplotyperna anträffades visserligen inte hos de finsk-ugriska folken vid Volga eller Perm, men vi har ju inte provtagit alla delar av Bjarmaland eller Skytien – speciellt inte de människor som bodde där den gång det begav sig. Alltså kan dessa haplotyper också ha plockats upp någon annan stans. Kanske vid Onega? Eller vid Vita Havet? Vem vet.

Poängen är emellertid, att de redan kan ha funnits i hög koncentration hos ett existerande folk när sibirerna kom. De behöver alltså inte nödvändigtvis ha kommit till Skåne *via*

samerna. De kan rent av ha kommit helt oberoende av $N3_{\square}$ (dessvärre vet vi inte hur det är beställt med den haplotypen i Skåne).

Men varför, kanske någon undrar, har samerna 20% asiatiska gener, medan andra finsk-ugriska folk, med ibland ändå mer

$N3_{\square}$, har nästan 100% europeiska gener i cellkärnan? Jo, så här är det. Samerna har låg heterogenitet på mtDNA, vilket betyder att de inte har importerat nya kvinnor efter folkets

grundande. Om nya kvinnor hade tillkommit kontinuerligt, så hade de ursprungliga asiatiska generna hela tiden späts ut mer och mer.

I Finland och bland övriga folk finns det däremot en normal heterogenitet inom mtDNA. Det betyder en kontinuerlig import av kvinnor. En mekanism bakom detta kan vara slavhandel; männen såldes, kvinnorna behölls. Åtminstone de unga och vackra. Just som Homeros beskrev i Iliaden. Kivet om en sådan erövrad ung flicka är ju själva den röda tråden i det verket. Jag talar inte om den Sköna Helena, utan om Akhilleus krigsbyte.

Ännu vikingarna som for i österled praktiserade denna sedvana, att ta med sig unga kvinnor som slavinnor. Då en befäst stad eller fornborg anfalls så försvarar givetvis männen den. Förlorar de, tas kvinnorna som byte. Om däremot de anfallna bor utspridda, så kan kvinnorna bättre gömma sig i skogen. Skulle männen då dödas, är kvinnorna kvar. Vilket val har de då? Utan män måste de själva upprätthålla handelsförbindelser och hindra tjuvar. Antingen måste de ta rollen som amazoner – eller valkyrior, som de kallades i Norden – eller förlora sin frihet och bli slavinnor. Baserat på detta argument, kan man gissa att amazoner förekommit på olika platser och tider genom historien, men med en gemensam nämnare: Hos folk som bott utspridda och inte i befästa städer eller borgar.

Till sist en fundering om språket. Ungrarna har inte N3♂, men talar ett uralspråk släkt med de öster om Uralbergen. De kan ha lämnat det området innan haplogruppen N3♂ kom dit. Det

betyder att uralspråk talades öster om Ural redan före N3₀ visade sig. Antingen talades de även väster om Ural, eller så

förde männen med N3₀ med sig sitt språk över bergen. Mycket tyder på att samerna är de mest ursprungliga finsk-ugrisktalarna i Europa. Baserat på tillkomstmodellen av det samiska folket ovan, betyder det att det kan ha varit erövrarna från öster som förde in finsk-ugriska språk i Bjarmaland.

Dessa frågeställningar får vi ta med oss till kommande böcker, för nu tar denna bok snart slut. Men innan bläcket sinar kanske jag hinner göra mig lustig över det faktum att en grekisk militär paraduniform består av en kjol. Är det manne ett resultat av att det var kjoltyg – amazoner – som en gång erövrade landet?

Husdjur

Denna bok handlar om människan, men det går inte att betrakta henne som helt fristående från de djur med vilka hon lever i symbios, de djur som vanligen kallas husdjur. Tills nyligen har det ofta förmodats att domesticeringen av dessa gjordes i relativt sen tid, inom de senaste tio tusen åren. Studier av arvsanlagen visar att dessa antaganden har varit fullständigt uppåt väggarna. Jag vill påpeka att i detta avsnitt har jag inte gått till de vetenskapliga originalartiklarna, eftersom ambitionen endast varit att fästa uppmärksamhet på problemställningen.

Eftersom jag framkastade tanken att ylvingarnas namn kanske kunde ha samband med att deras anfäder använde slädhundar, och eftersom hunden kallas människans bästa vän, fokuserar jag på hundarnas utveckling.

Hunden är genetiskt samma art som vargen. Eftersom den europeiska vargen är väldigt aggressiv har det föreslagits att det snarare var den sydöasiatiska, mera beskedliga, vargen som blev domesticerad. Men genetisk forskning antyder att det faktiskt var den europeiska vargen som var utgångsmaterialet så att säga, och att domesticeringen inleddes för si så där 130 tusen år sedan (ungefär då vi upplevde den förra mellanistiden). Även om osäkerheten är stor så betyder det ändå att det sannolikt var neandertalarna som domesticerade vargen, inte den anatomiskt moderna människan.

Om man tänker efter, vad har människan hunden till? Är det inte framför allt fyra funktioner som hunden har: Jakthund, vakthund, vallhund och slädhund? Varje ras är genetiskt betingad för sin funktion, även om jakt och vallning måste tränas också. Att varna för annalkande djur eller människor gör däremot hunden alldeles av sig själv, om det är en sådan ras. Draghundar – som grönländshunden – drar också utan att de behöver tränas; det går inte att få dem att låta bli. Denna specialisering visar att hunden har en lång historia av ett liv i symbios med människan. Men hur domesticerades vargen, och varför?

Neandertalarna använde inte pilbåge och inte kastspjut enligt arkeologerna, utan dödade bytet på nära håll med ett spjut som man stöter in i bytet. Ungefär så som björn jagades in i historisk tid. Fast i neandertalarnas värld fanns det djur som ullhårig mammut, ullhårig noshörning, grottlejon och jättehjort. De större djuren kunde bara fällas genom att driva dem i en fälla, till exempel över ett stup. Detta sätt att jaga storvilt påminner onekligen om vargens jaktmetod, att i grupp driva bytet.

När ett bytesdjur har fällts kommer alltid andra djur för att försöka få del av det. Säkerligen drogs vargarna till människans jaktbyte. När vargarna blev för många kunde människorna svårigen freda sig och sitt jaktbyte. Men säg att människorna kastade slaktavfall till vargarna, ben som de kunde gnaga på, så att vargarna hölls upptagna medan människorna i lugn och ro karvade loss köttet från skrovet. Antag att det gick till så; vad skulle det leda till?

Kanske ännu en vargflock kom. Men vargflockar håller borta varandra från sitt revir. Den matade vargflocken hade starka skäl att hålla övriga vargar borta. De matade vargarna hade blivit människornas beskyddare mot andra vargar. De höll på att bli hundar.

Neandertalarna har förmodats ha varit ganska stationära. Det skulle betyda att de alltid kunde räkna med samma halvtama vargflock för beskydd. Kanske människornas och vargflockens revir anpassades till varandra?

Med tiden kan ensamvargar kanske ha börjat slå följe med mindre grupper av jägare, kanske en och en. Kanske en ny vargflock skapades runt några jägare. Den första gång ylvingar avlades i människornas närhet, var den gång de första hundarna såg dagens ljus.

Vad skulle det leda till? Rimligen till att det med tiden började uppstå en skillnad i beteende mellan människovänliga hundar, och vilda vargar. De förra blev orädda för människor, men började samtidigt utveckla en psykologisk spärr mot att skada människor. De senare förblev i sitt naturliga tillstånd.

På senare tid har man insett att en icke obetydlig del av skillnaden mellan arter är i beteenden; individer som inte tycker om varandra parar sig inte, även om de mycket väl

skulle kunna få livskraftig avkomma. Det verkar som om detta vore fallet här: Hunden och vargen tycker inte om varandra, även om de i arvsanlagen är samma art. Skillnaden i deras beteenden är just mot människor; om ingen människa finns närvarande så borde de inte kunna detektera att de har olika beteenden. Med människor närvarande borde däremot båda hundar och vargar kunna upptäcka skillnaderna. Man kan säga att det är en ”kulturskillnad”.

Låt mig relatera en egen erfarenhet med en tik av grönländshund, en hundras som står vargen närmre än de flesta. Den mötte vargar på Skånes Djurpark. Senare när jag var ute och gick med den korsade vi i skogen ett spår av en hanvarg. En kort bit längre fram på skogsvägen fanns det en grå stubbe i en liten glänta, stor som en varg. Tikens päls ställde sig rakt upp, och – för första, sista och enda gången i livet – skällde hunden högljutt. På stubben. Hon vägrade gå åt det hållet men jag tvingade henne, och så snart hon insåg att det var en stubbe blev hon sig själv igen.

Man kan fundera vidare över hur övriga djur blev domesticerade. Kon kan som husdjur vara nästan lika gammal som hunden, eller cirka 100 tusen år. Geten är till och med möjligen lite äldre än kon. Allt enligt studier av deras arvsanlag, och hur mycket de skiljer från vilda arter. Även dessa domesticerades av allt att döma av europeiska neandertalare,

Neandertalarna var i stort sett bofasta, de var inte nomader. Jägare brukar däremot få röra sig för att följa bytesdjuren. Men om neandertalarna kunde hålla bytesdjuren vid liv så hade de ju mat på plats, och behövde inte nomadisera. (Just så gör Everglades indianer – miccosukee – med alligatorerna; de fångar dem levande, med bara händerna, och håller dem

bundna tills det är dags att äta upp dem.) När väl hunden respekterade människan som sin husse och de förstod varandra, så borde människan ha kunnat styra hundarna som vallhundar, och hålla bytet inringat en odefinierad tid utan att anfalla och döda det. Om en flock på det viset hölls under konstant kontroll så vore det början på domesticering.

Samtidigt så blev ju frilevande vargar ett mera direkt hot, eftersom de vilda djuren nu var människans (och hundens) "ägodelar". Inte bara vargar utan också andra rovdjur blev därmed mera av fiender än de varit innan, för nu måste människan försvara inte bara sig själv, utan en hel flock av djur, mot dem.

Herden, med sina vallhundar, är ett kärt motiv för konstnärer. Tanken svindlar när man inser att motivet kan vara så gammalt som från före senaste istiden, men att herden var en neandertalare.

Tidigare berörde jag frågan om vi har några gener kvar från neandertalarna. Det lite lättsamma svaret är måhända överraskande: – Ja, hos hundarna, korna och getterna!

Slutord

I denna lilla bok har jag försökt att dels ge en introduktion till, dels en översikt över, arvsanlagen som verktyg för att studera människans släktförhållanden. Naturligtvis är presentationen interimistisk till sin karaktär, eftersom ännu så få data finns tillgängliga. Det är emellertid min förhoppning att denna presentation skall stimulera till en ny energisk forskning. Vad jag anser mig ha visat är att det är meningslöst att försöka generalisera och förenkla, men att dessa data utgör en guldgruva för den som är beredd att gå till botten med dem.

Som jag redan påpekat, måste man känna helheten för att förstå delarna, samtidigt som man bara kan lära känna helheten genom delarna. Det krävs tvärvetenskap, och tvärvetenskap måste vara helt integrerad, i en ständig vandring mellan olika discipliner i sökandet efter sanningen. Jag tror det framgick här ovan; när jag körde fast i tolkningen av arvsanlagen fann jag en plausibel förklaring hos en antik historieskrivare, och vice versa.

Jag har berört lite grann var några olika folk kan ha sina rötter. Några pusselbitar har placerats på sin rätta plats, medan andra har placerats ut tentativt på ungefär den plats där jag tror de hör hemma. Pusselbitarna, det är minnen vars kontext har gått förlorad. Jag tror nämligen på den här tumregeln: Myter som har sina *var* och *när* bevarade, kan vara politiska lögnar. Myter som förlorat sina *var* eller *när*, är sannolikt historiska händelser, som man – med mycken möda och stort besvär – kanske kan rekonstruera med naturvetenskapens hjälp.

Det krävs tvärvetenskap för att gå vidare. Att plocka in allt i en bok är ohanterligt för både författare och läsare. Därför är fokuseringen på var sitt tema, i de böcker som tillsammans utgör verket "Vetande". En del av böckerna har ett vetenskapligt ämne eller en metod som tema, andra ett problemkomplex eller en tid. Den gemensamma nämnaren är endast en: Sökandet efter kunskap om forntiden och forntida kunskap.

Utgångspunkten för detta verk var faktiskt en enda liten fornlämning: Ale Stenar. Var, av vem, varför byggdes den? Jag har fortfarande ingen aning, men innan detta verk är färdigt kommer jag att ha funnit svaret. De avgörande pusselbitarna har redan fallit på plats, och resten är endast en fråga om idogt forskningsarbete, därom hyser jag inget tvivel.

Ta denna bok som exempel; när halva boken var skriven, anade jag fortfarande inte att svearna var släkt med de finsk-ugriska folken vid Volga, eller vari samernas historia bestod. Men nu tror jag mig veta, att det senare folket skapades genom en grundareffekt för förmodligen två tusen år sedan, och sedan har hållit sig relativt isolerade. Deras anfäder kom till stor del från Sibirien, medan deras anmödrar, däremot, hade bott på trakten kanske sedan istidens slut.

Skåningarnas historia – trots att de har samma mtDNA som samerna – måste nog ändå vänta. Orsaken är att vi inte har vänt på alla stenar än, och Skåne är ju fullt av gamla stenar – från storstensgravar till skeppssättning. För att inte rusa åstad och förhastiga mig låter jag därför Skåne bero tills vidare.

Svearna var, såg vi, nära släkt med de finsk-ugriska folken i det som av vikingarna kallades Bjarmaland. Faktiskt mera med dem vid Volga, än med de geografiskt betydligt närmre

finnarna. Är det vikingatiden som orsakat detta, med sin slavhandel, eller har det sina rötter längre tillbaka i tiden, och kanske samband med Asarnas ankomst? I detta fall fick vi svaret på *var*, men ännu vet vi inte riktigt *när*. Vi behöver få fler pusselbitar på plats först.

Göteborgarna, västkustborna, kanske västgötarna, hade åter igen en mycket annorlunda uppsättning mtDNA. Höga frekvenser av haplogrupper med anknytning till Kaukasus, vilket får en att associera till herulerna. Men kaukasiska haplotyper fanns ju också hos megalitfolket i Baskien, och Västergötland har de flesta megalitgravarna i Sverige. Det finns flera möjliga förklaringar till observationerna, så igen, fler pusselbitar behövs.

Det som denna bok framför allt bidrar med till pusslet, är att sätta gränser för det möjliga i forntiden. Det är som att placera ut kantbitarna på ett pussel så att ramen blir klar. Nu är det gjort, och vi kan övergå till att fylla ut det stora tomrummet i mitten.

författaren försökte
historien förflytta
åter till forntid.
Urtima minnen
fordom förglömda
framman vilse
fjäderns förare.
framtiden döme
företagets framgång.

Appendix: Geostatistik för analys av DNA-data

Det övergripande målet för fylogeografin är att utröna hur olika folk är släkt med varandra, och med forntida folk. Att använda geostatistik i de grundläggande skedena av fylogeografiska studier kan väsentligen förbättra utsikterna till framgång.

Stegen enligt den statistiska metod som ofta har använts inom DNA-analysen är att först identifiera populationer baserat på andra data (t.ex. nationalitet, språk, självdefinierad etnicitet), sedan ta ett slumpvis urval prov från var och en av dem, och slutligen göra ett test för att se om skillnaden är statistiskt signifikant, alltså om de verkligen är olika populationer. Detta har ofta resulterat i att man funnit att Europas kvinnor tillhör samma population. Det må så vara, men det är ju ett ganska ointressant resultat. Vi visste ju redan innan att det har varit mycket folkvandringar inom Europa i historisk tid. Det som är intressant, det som vi vill veta, är ju hur de inre strukturerna i denna population ser ut. Det kan vi aldrig få reda på med den metoden, därför att den har tre fundamentala problem: Dels att man bortser från den rumsliga fördelningen av variation inom respektive land, dels att man bortser från hur länderna ligger rumsligen i förhållande till varandra, dels att man inte tittar på enskilda genetiska linjer. Kort sagt, man bortser från den rumsliga faktorn i ättens historia. Hur bör man göra istället?

Man bör använda **geostatistik på enfyliga haplogrupper**. Geostatistiken, till skillnad från den vanliga statistiken, tillåter både två och tre rumsliga dimensioner. Metoden har bara använts i enstaka fylogeografiska studier, och då så att man interpolerat mellan länder – inte inom länder. Därför vill jag här ta tillfället i akt att visa metodens förträfflighet, och lämna rekommendationer för framtida forskare, så att de tar fram data som det går att använda denna metodik på (det går nämligen inte på nu tillgängliga data, eftersom de inte är koordinatsatta).

Med geostatistik kan man räkna ut kontinuerligt varierande medeltal för frekvensen av respektive haplogrupp, i alla bebodda trakter, oavsett artificiella gränser.

Rumslig korrelation

Grunden för geostatistiken är att beräkna den rumsliga korrelationen, därför att när sådan förekommer så är inte näraliggande prov statistiskt oberoende. Som bekant är det en av grundförutsättningarna för den traditionella statistiken att proven är oberoende. Rumslig korrelation är nära besläktat med autokorrelation i en tidsserie, men medan tidsserien har en dimension, har den rumsliga korrelationen två dimensioner (eller tre, i geologin).

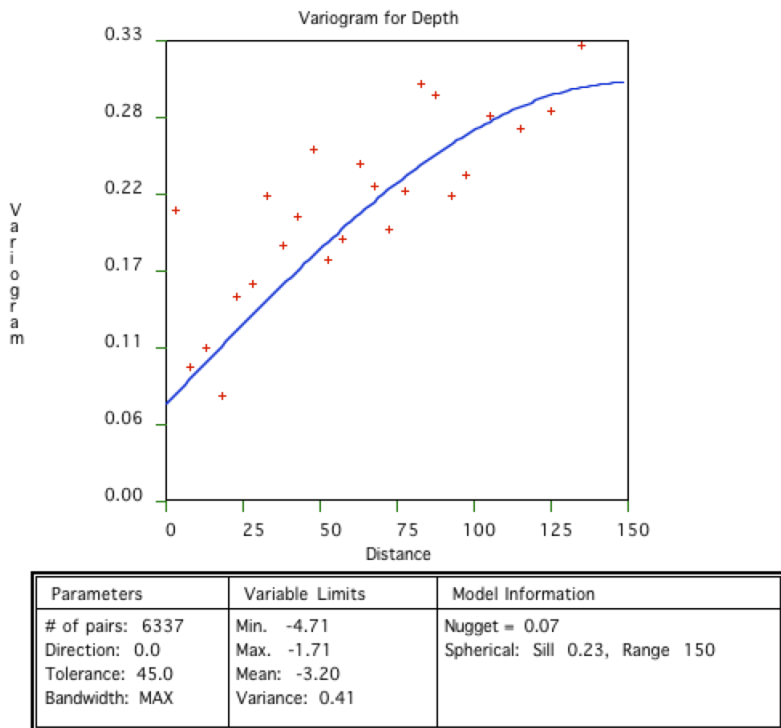
För att beräkna den rumsliga korrelationen, liksom autokorrelationen, klassar man först sina data. Låt säga att vi använder kilometerrutor, och har en datapunkt i centrum av varje, för enkelhets skull. För att få reda på korrelationskoefficienten på 1 km håll beräknar man helt enkelt korrelationen r mellan serien $\{1,2,3,\dots,n-1\}$ och $\{2,3,4,\dots,n\}$. På samma sätt beräknar man r på 2 km håll genom att istället använda $\{1,2,3,\dots,n-2\}$ och $\{3,4,5,\dots,n\}$ som indata.

Efter att ha upprepat detta över samtliga avståndsklasser kan man plotta korrelationen r som funktion av avståndet.

Om $r = 0$ så är data okorrelerade. Är $r = 1$ så är de fullständigt korrelerade, och är $r = -1$ så är de omvänt korrelerade. Därmed inte sagt att de är beroende; två serier kan vara korrelerade utan att vara beroende. Två hushålls användning av eldningsolja per månad är exempel på korrelerade tidsserier som inte är beroende (däremot är de båda beroende av vädret; förutom att vara korrelerade med varandra är de dessutom autokorrelerade, eftersom oljeanvändningen varierar cykliskt med årstiden).

Den rumsliga korrelationen kan också visualiseras med ett variogram (Figur 2-A1). Variogrammet visar grafiskt *graden av oberoende* (snarare än korrelationen) som funktion av avståndet. Om variogrammet har låga värden när avståndet är nära noll så betyder det att det finns en rumslig korrelation – vilket alltså betyder att två mätningar gjorda nära varandra delvis mäter "samma sak". Praktiskt innebär detta, att när man beräknar standardavvikelsen för data som är delvis korrelerade, så skall man inte dela med antalet mätvärden, utan med ett lägre tal.

Européernas DNA från en geografisk perspektiv



Figur 2-A1. Ett variogram visar graden av oberoende i en variabel, som funktion av avståndet. Röda plus är beräknade värden i respektive avståndsklass, den blå linjen är den modell som valts för att beskriva den spatiala korrelationen. I detta fall finns en viss "klimpeffekt" (nugget = 0.07), efter vilken variogrammet stiger med avståndet till ett visst maxvärde (sill = hur mycket den maximalt stiger, range = på vilket avstånd den stigit så mycket, spherical = funktionen för hur den stiger). Om dessa data behandlas som nolldimensionella blir medelvärdet $-3,20$ och variansen $0,41$. Data är i detta fall ekolodsdata för djupet i Örserumsviken vid Västervik.

Heterogenitet – olikheten som norm

Som har påpekats av Myers (1997)⁵⁹ bör man inte tänka i termer av homogenitet, utan istället tänka i termer av dess motsats, heterogenitet. I fallet DNA betyder det, att i samtliga folk där det finns mer än en linje representerad finns det heterogenitet. Tänk på en sandstrand: När man står upp ser sanden homogen ut, men när man ligger på magen i den ser man att den består av diskreta och unika sandkorn. Sanden har en *heterogen sammansättning*, liksom folkgrupper. Vi kan kalla denna heterogenitet för h_i .

Uttrycket ”nugget effect”, ’klimpeffekt’, kommer från guldgruvorna där Kriging först användes. Guld förekommer typiskt i klumpar. Tar man ett prov som råkar innehålla en stor guldklump så får man en hög halt, men skulle man ta ett nytt prov aldrig så nära så skulle man ändå kunna få noll i guldhalt. Precis samma sak gäller med DNA-haplotyper; samplar man kvinnan i huset kan man få haplotyp H, men samplar man mannen som sover i samma säng är chansen att han skall ha haplotyp H ändå inte större än vad som gäller för en man på andra sidan stan. Klimpeffekten uttrycker storleken av heterogeniteten h_i , den heterogena sammansättningen. I Figur 2-A1 berodde klimpeffekten på att sjögräs och gas gav slumpvis hoppande djupvärden från lodet – därför var mätningarna inte helt representativa ens för den punkt där de togs (i detta fall berodde det alltså på mätfel, men med guldet är klimpeffekten reell).

⁵⁹ Myers, J.C., 1997: *Geostatistical Error Management – Quantifying Uncertainty for Environmental Sampling and Mapping*. Van Nostrand Reinhold, New York. 571 sidor. ISBN 0-442-01429-5.

När man färdas genom ett land så kanske man noterar att personer med rött hår finns i samtliga orter man passerar, men att frekvensen varierar. Rött hår är vanligare i vissa landsdelar än andra. Generna för rödhårighet har en *heterogen fördelning*. Storskaliga trender⁶⁰ av denna typ kallar vi för h_2 . Den mesta heterogeniteten i djupdata i Figur 2-A1 bestod av denna typ av långsamma och gradvisa förändringar.

Den tredje typen av heterogenitet är *cyklisk*, och även om den finns ibland i rummet (vågor, t.ex.) så är den vanligare i tidsserier, orsakad av jordens rotation runt sin axel och runt solen. Vi kan beteckna den h_1 .

Den traditionella, statistiska, metoden betraktar länder (eller folkslag) som nolldimensionella enheter. Endast h_1 blir då relevant, och felen som orsakas av h_2 söker man minimera genom att ta ett stort antal slumpvis valda prov. Om man framställer variogram över sina DNA-data, i olika riktningar, och data alltid bildar en rät horisontell linje, så kan man dra slutsatsen att den undersökta variabeln har en homogen fördelning.

Men man kan inte *a priori* bortse från möjligheten av en heterogen fördelning, utan måste alltid beräkna den spatiala korrelationen. I brist på sådana beräkningar vågar jag påstå – i polemik med vad vissa forskare hävdat – att det ännu inte är bevisat att Europa har en homogen fördelning vad gäller mtDNA.

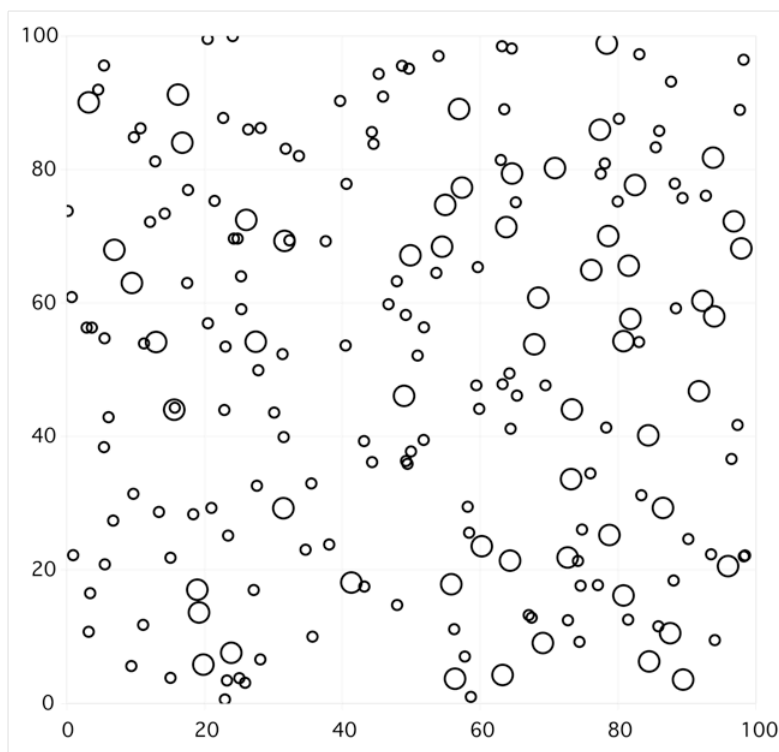
⁶⁰ Detta idiomatiska uttryck är något förvillande; vad som avses är ju trender som kräver *småskaliga* kartor för att återges. Kanske är det detta uttryck som får många att tro att skala 1:1000 är större än skala 1:100?

Ett simulerat exempel

Då inga koordinatsatta DNA-data verkar finnas att tillgå, redovisas istället en geostatistisk beräkning på slumpgenererade data, som illustration och test av metoden. Ett område på 100 x 100 km konstruerades, i vilket frekvensen av en viss haplogrupp var 20% i den västra halvan, och 40% i den östra. Det första steget var att låtsas genomföra en sampling (provtagning), men i detta fall med hjälp av en slumptalsgenerator.

Provtagning

Området delades in i rutor på 20 x 20 km, och 8 prov togs på helt slumpvisa platser inom varje sådan ruta. En slumpgenerator beräknade om provet var av den sökta haplogruppen eller inte, med hjälp av viktning mot de två förutbestämda procenttalen, 20% respektive 40%. Om provet var av rätt haplogrupp, "H1b", så gavs det värdet 1 (100%), annars 0. Dessa simulerade mätdata visas i Figur 2-A2.

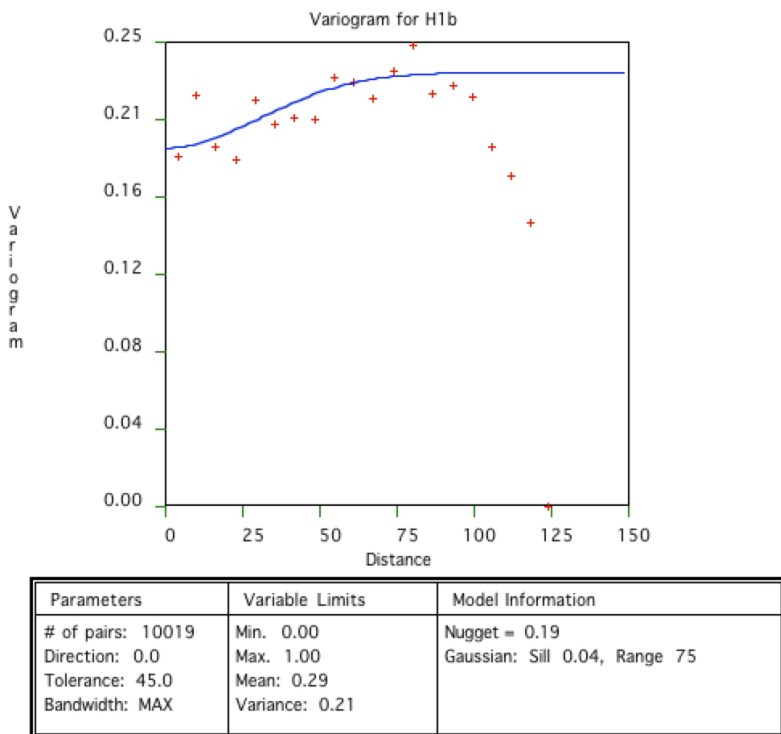


Figur 2-A2. Resultatet av en simulerad provtagning med 200 prover, 8 slumpvis placerade i varje ruta. Stora cirklar = den aktuella haplogruppen, kallad H1b, små cirklar = övriga prover. I vänstra halvan var sannolikheten för aktuell haplogrupp 20%, i den högra halvan 40%.

Variogram

Dessa data matades in i ett geostatistikprogram, MGAP, och variogram beräknades. Det vi söker efter är h_z , den heterogena fördelningen. Eftersom heterogeniteten kan vara olika i olika

riktningar, kan och bör man beräkna variogram för olika kompassriktningar. I Figur 2-A3 visas variogrammet i öst-väst, i Figur 2-A4 motsvarande i nord-syd. Om detta hade varit verkliga data så skulle vi redan från variogrammen ha kunnat ana att gradienten i data låg i öst-västlig riktning.



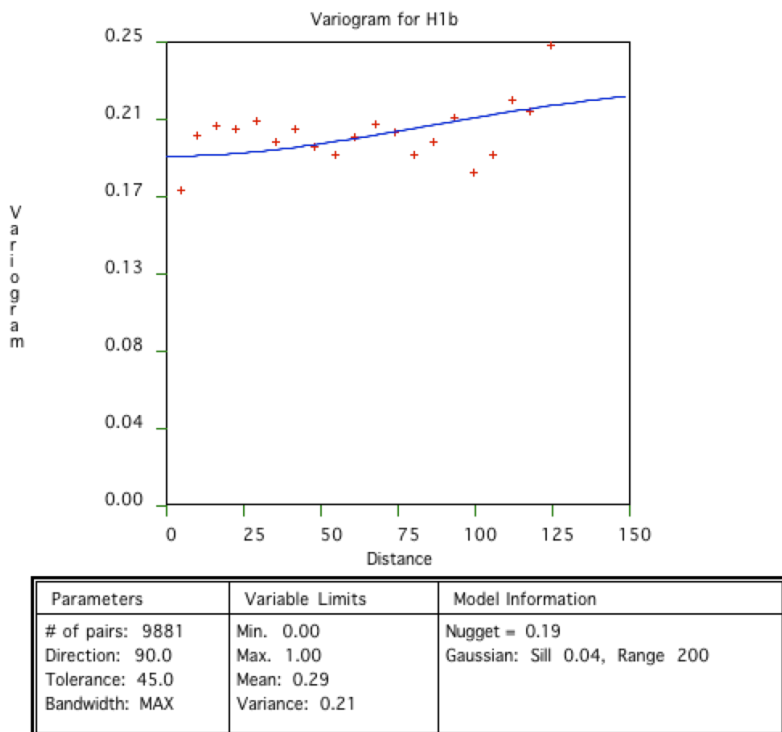
Figur 2-A3. Variogram i öst-väst för det slumpmässigt genererade datasetet. En gaussisk modell används (den valdes för att kurvan går ut horisontellt från y-axeln, vilket återspeglar den förmodade homogena fördelningen av gener inne i ett visst folk). "Tolerance = 45.0" betyder att "fönstret" är 45° på varje sida om den riktning som anges vid "Direction".

Kriging

Nästa steg är att göra en frekvenskarta med hjälp av Kriging⁶¹, en optimal metod för att interpolera värden mellan mätdata. Med "optimal" menas att den minimerar felet, eller rättare, sannolikheten för fel. Det gör den genom att minimera standardavvikelsen på osäkerheten. En väldigt nyttig bieffekt är därför att vi inte bara får reda på medeltalet i varje del av vårt område, utan också osäkerheten. Den kan vi använda för att komplettera våra mätdata. Mera om detta senare; låt oss nu först se hur det fungerar.

⁶¹ Metoden är uppkallad efter sin upphovsman; därför skrivs den med stort K, liksom Celsius skrivs med stort C.

Européernas DNA från en geografisk perspektiv



Figur 2-A4. Variogram i nord-syd för det slumpmässigt genererade datasetet. Skillnaden i den valda modellen gentemot föregående variogram (i öst-väst) är att räckvidden (range) för den spatiala korrelationen är högre.

Vad är Kriging? Helt enkelt en matematisk metod för att interpolera fram värden mellan kända punkter, som viktar tillgängliga data efter deras avstånd och med hänsyn till den rumsliga korrelationen. I vissa fall kan vissa data få negativ vikt. Det gör att man med Kriging kan få en realistisk

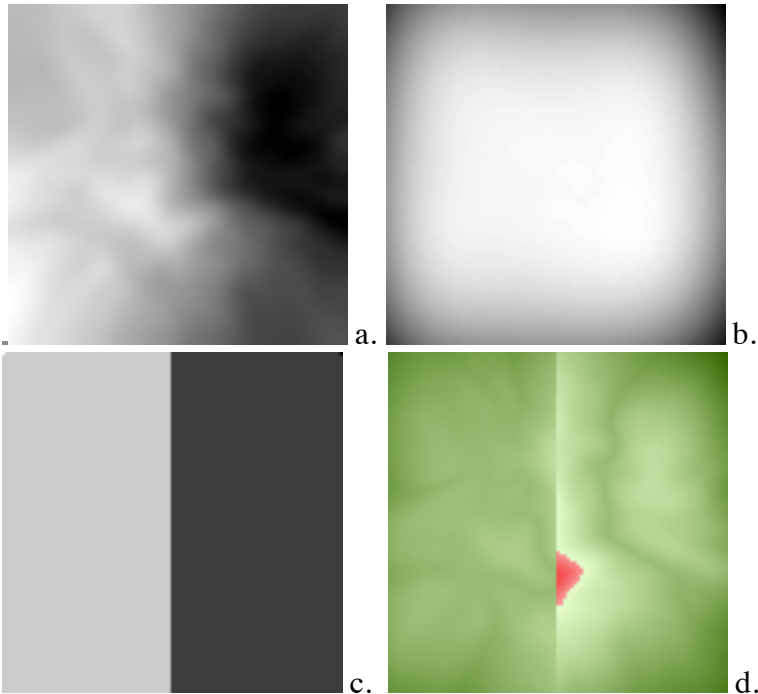
terrängmodell för till exempel en kullens topp, även om man inte har något mätdata just på toppen; metoden 'rundar av kurvan' från sluttningsarna runt toppen.

Krigingen genomfördes med de två variogram som visas i figurerna, med olika 'range' för öst-väst respektive nord-syd. Data beräknades för varje kilometerruta i intervallet $0 \leq x \leq 100$ km, $0 \leq y \leq 100$ km. För varje kilometerruta beräknades värdet för 4 punkter i ett 2×2 block, och ett genomsnitt togs. Detta är en standardprocedur i Kriging, som görs för att ytterligare minska osäkerheten. För varje ruta användes de 50 mest närliggande punkterna i valfri riktning, dock som mest 100 km bort (detta senare kom aldrig att begränsa, och inte heller kom kriteriet att minst 25 punkter skulle användas, att någonsin orsaka att en cell lämnades blank).

Krigingen resulterar i två kartor, en för mest sannolikt värde i varje ruta (medelvärde), och en för värdets osäkerhet (standardavvikelse). Resultaten visas som kartor i Figur 2-A5.

Figur 2-A5a visar att metoden fungerar, men också att det krävs väldigt många fler prov än i t.ex. en terränginterpolation, eftersom den heterogena sammansättningen h_i är så stor (rådata kan ju enbart anta värdet 0 eller 1). Emellertid visar kartan också en annan sak: En skarp gräns som i Figur 2-A5c innehåller en oändlig serie av "övertoner", men med så få data som 200 är det bara grundtonen så att säga som återges. Titta lite över mitten på kartan i Figur 2-A5a, i en profil från vänster till höger; från ca 20% går värdet först ner (kartan blir vitare), sedan stiger värdet snabbt vid gränsen till över 45%, för att slutligen återgå till det rätta värdet, 40%. Gränsen har därför gjorts övertydlig, eftersom den är så skarp (samma fenomen kan man se i en TV-bild). En sådan övertydlig gräns är en klar

indikation på att gränsen är skarpare än vad som kan lösas upp med det antal prov som finns i området.



Figur 2-A5. Kartor med resultatet från Krigingen med 101 x 101 rutor. A: Beräknat värde, 13% - 49%, B: Beräknad osäkerhet, 7% - 18%, C: Rätt värde, 20% resp. 40%, D: Kontroll mot facit – rött betyder att beräknat värde hamnade mer än 2 standardavvikelser från rätt värde. Som synes är osäkerheten störst i hörnen och längs kanterna, men det enda signifikanta felet uppstod invid den (orealistiskt) skarpa gränsen mitt genom kartan. (A och C har samma gråskala, vitt = 13%, svart = 49%.)

Nu invänder kanske någon att om folk bor nära varandra så blandas de upp genetiskt vid gränsen, så att övergången inte blir så skarp som i Figur 2-A5c. Så mycket bättre, eftersom variogrammet är bättre på att identifiera gradvisa än abrupta gränser. Det är därför jag menar att det skulle vara så användbart för att studera genetisk variation just i Europa.

Om man får en kartbild som i Figur 2-A5a kan man ställa upp hypotesen att det finns olika populationer i nordost och nordväst. Däremot är det mera osäkert om det sydöstra området skall höra till det nordöstra, det västra, eller vara ett eget. För att lösa problemet kan man välja att ta ytterligare ca 50 prov i den sydöstra fjärdedelen. Man kan också fokusera ny provtagning till områden där osäkerheten var hög, som i hörnen.

Dessa nya data lägger man till den tidigare databasen, och gör om den geostatistiska analysen. På så sätt kan databasen kompletteras och utökas successivt, och varje ny punkt bidrar på ett meningsfullt sätt till att öka kartans precision.

Därför bör provtagningen, för att vara kostnadseffektiv, göras i minst två omgångar. Först tas ungefär hälften av de prov man har råd med, slumpvis fördelade men så att samtliga områden blir representerade. Därefter beräknas osäkerheten, och 80% av de resterande proven tas så att osäkerheten bringas ner där den är som högst. Man kan spara de sista 20% prov för att eventuellt komplettera provtagningen i ett tredje skede om något område visar sig vara speciellt problematiskt eller intressant.

Slutsats

Ett råd som jag skulle vilja ge alla som sysslar med analys av DNA-data för fylogeografiska studier är att koordinatsätta proven. Detta gäller givetvis även de internationella databaserna. Naturligtvis bör man ändå fortsätta att klassa proven efter personens modersmål, eventuellt självuppgivna etnicitet, med mera, med dessutom bör koordinater anges. Till exempel kan detta göras i latitud och longitud i WGS 84, för att stämma med dagens standard. För att undvika problem med skydd av den personliga integriteten kan positionen anges på en bågminut när, eller till kvadratkilometerruta. Finns flera personer inom samma ruta så får deras genomsnitt användas som indata, så som annars sker för genomsnitt för länder och folk.

Jag kan för övrigt rekommendera boken *Geostatistical Error Management* (Myers, 1997) för design av provtagning och geostatistisk analys.

Länkar

Gratis vetenskapliga tidskrifter på Internet:

AJHG (American Journal of Human Genetics) –

www.ajhg.org/journal

Genome – <http://www.genome.org/>

PNAS (Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA) –

<http://www.pnas.org/>

DNA-data finns också på Internet, i *Genbank*, och där kan man även söka efter artiklar i detta forskningsfält. Länk:

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>

För andra böcker av samma författare, se

<http://lindorm.com/books.html>