

## Haploryhmän N\* fylogeneettinen analyysi.

Fylogeneettisen analyysin lopputulokseen eli siihen minkälainen "puu" muodostuu vaikuttavat haplotyyppien ja markereiden lukumäärät. Mitä enemmän haplotyyppejä ja markereita on, sitä todennäköisemmin puu on lähimpänä "todellista puuta". Samasta aineistosta eri ohjelmat voivat tehdä hieman erilaisia. Varsinkin rajatapauksissa ohjelma voi luokitella "noduksen" eri haaraan kuin joku toinen ohjelma. Muutaationopeus ei vaikuta fylogeneettisen analyysin lopputulokseen, koska ajat ovat suhteessa toisiinsa samat.

Fylogeneettisen analyysin lopputulokseen vaikuttavat siis:

\* Millä ohjelma se on tehty.

\* Haplotyyppien lukumäärä. Tulos voi olla hieman erilainen lukumäärän vaihdellessa. Mitä suurempi lukumäärä sitä todennäköisempi tulos.

\* Markereiden lukumäärä. Niiden kasvaessa todennäköisin lopputulos. Varsinkin ajoituksissa tärkeä.

\* Haplotyyppien määrän lisääntyessä nodukset (Kit) voivat siirtyä eri haaraan (eli siis näiden haplotyyppien todennäköisyys - fylogenesis)

153 haplotyyppin 111 markerin fylogeneettinen "puu". Puusta ovat eroteltavissa South Balteilla 7 haaraa, voidaan erottaa 4 alaklaania: L550 L1025, L149,2 L551, L591 ja L1027. Gedimiinit SBG omana haaranaan, samoin PreSouthbaltic PSB (L550, L1025), vain 184210 ja 205133 erovat haarasta, mutta ovat lähellä, onko haploryhmän alaklaani?, joka poikkeaa muista PSB:sta.

Suomalaisilla/varjaageilla on omia haarojaan, joista selvin Rurikidit FR.

Myös Karjalaisilla ja savolaisilla selviä haaroja. Hämäläisten, ugrien, uralinen, prehämäläisten EF haarat jonkun verran limittäin. On muistettava, että Ugrit, uraalit, karjalaiset ja savolaiset ovat veljesklaaneja. Miten uusi snp VL 29 erottelee suomalaiset, hämäläiset, karjalaiset ja savolaiset ja mitä niistä se yhdistää?

Iberialla oma haaransa: 147834 ja 178286.

Vanhempien haarojen nimeämisessä ongelmia. Niille on kuitenkin annettu "työnimi". Nuoremmat South Baltic, suomalaiset, karjalaiset ja savolaiset ovat selväpiirteisempiä. Nimitykset johtuvat usein laatijan mieltymyksistä.

Lopulta SNP ratkaisee aseman Haploryhmä puussa.

111 markerin fylogeneettinen "puu",

Fylogeneettiset puut päivitetään aika ajoin.

[a. Rectangular](#)

[b. Polar](#)

[c. Sirkular](#)

[d. Tekstitiedosto](#)

67 markerin fylogeneettinen "puu",

[a. Rectangular - klusterit](#) [b. Teksitiedosto](#)

A = Altai

F = Finnic/Suomalaiset/Varjaagit

T = Tawastians/Hämäläiset

K = Karjalaiset

S = Savolaiset

EF = East Finns (vanhimmat haplotyytit Suomessa esiintyvät haplotyytit)

EE = East Europeans

NE = North Eurasians

Y = Yakuutit

SB = SouthBaltic

SBG = SouthBaltic Gedimins

FR = Rurikidit

### **Mutaatiot.**

Haplotyyppien STR-lokuksilla on omat mutaationopeutensa.

Paisi näissä tapahtuvaa mutaatiota, mutaatioita voivat aiheuttaa

\* Inosoiva säteily, radioaktiivinen säteily, röntgen säteily.

\* Ultraviolettisäteily.

\* Kemialliset aineet.

\* Virukset

\* Ikä, yli 40 vuoden iässä mutaatiot lisääntyvät.

Yleensä, kun tapahtuu SNP-mutaatio samalla tapahtuu useita markeri (Y-STR lokus) mutaatioita, josta voidaan laskea SNP mutaation ikä. SNP:n ikä voidaan myös laskea, kun tunnetaan SNP mutaationopeus =  $25 \times 10^9$  miinus 9.

Haplotyyppien perusteella voidaan muodostaa modaalihaplotyyppi eli mediaanihaplotyyppi, joka on se STR-lokuksen markerin arvo, jota esiintyy useimmiten. Modaalihaplotyyppi on joskus sama kuin kaikkien haplotyyppinen anestraalinen haplotyyppi.

Joku haplotyyppi voi säilyä sellaisenaan vuosisatoja ja jopa vuosituhansia, se on silloin lähellä ancestraalista haplotyyppiä tai jopa ansestraalinen haplotyyppi. Meidän pitäisi verrata omia haplotyyppejämme tähän ansestraaliseen haplotyyppiin. Käytännössä kuitenkin vertaamme modaalihaplotyyppiin.

Se, että puussani oli myös N1b ja N1c johtui siitä, että halusin ne mukaan ikävertailun vuoksi. Puusta näkyvät suhteelliset ajat ja N1b ikä n. 6500 vuotta ja N1c1 n. 6000 vuotta. Vanhimmissa haplotyypeissä mutaatioita on sattunut eri suuntiin, vaikkakin takaisinmutaatio on harvinainen. Fylogeneettinen analyysi sijoittaa noduksen jonnekin eli lähimpään aineistossa olevaan nodukseen eli muodostaan todennäköisyyspuun. Muutenkin vanhimpia haplotyyppijä on sekaisin eli niitä ei voi haplotyypeistä erotella, vaan ne on eroteltava SNP mutaatioiden avulla.

Yleensä puun muodostumiseen vaikuttavat haplotyyppien lukumäärä ja markereiden lukumäärä. Mitä enemmän kumpaakin on, sitä todennäköisempi tulos on. Puun muodostumiseen vaikuttavat myös se, millä ohjelmalla se on tehty. Samasta aineistosta voi rajatapauksissa tulla hieman erilainen.

67 markerin puussa on käytetty kaikki 67 markeria.

111 markerin puun muodostamisessa ei käytetä kaikkia 111 markeria, vaan kaksoismarkerit on poistettu ja DYS464\* osalta käytetään vain DYS464a eli puun muodostamiseen käytetään kaikkiaan 102 markeria. Näin muodostuvaa puuta pidetään kaikkien todennäköisimpänä oikeaan osuvana?