

Hvem er samenes genetiske forfedre og formødre og hvor oppholdt de seg?

Hammerfest 21.11.17

Av

Jarl Hellesvik

Genteknologien har gitt historikerne et nytt redskap når det gjelder å finne ut av hvor våre genetiske formødre og forfedre har oppholdt seg. Denne metoden benyttes nå til å kartlegge vandringsveiene til alle befolkningsgrupper i hele verden. Samene er intet unntak i så henseende.

I den samepolitiske debatten er det blitt fremmet en rekke uholdbare og udokumenterte påstander knyttet til samenes genetiske opphav. Blant annet at opphavet er på Nordkalotten. I dette lille notatet ønsker jeg å gi en liten gjennomgang av hva genforskningen er kommet fram til når det gjelder den samiske befolkningen.

Gjennomgangen viser at det ikke finnes noe belegg for å kunne hevde at de genetiske forfedre og formødre til dagens samer, bodde på Nordkalotten tidligere enn de genetiske forfedrene og formødrene til andre befolkningsgrupper, som i dag bor på Nordkalotten. Samene er, som alle andre befolkningsgrupper i Fennoskandia, etterkommere av mennesker som kom sørfra og vandret inn i dette området.

Med utgangspunkt i resultatene som en er kommet fram til innen genforskningen, kan det ikke hevdes at samene, genetisk sett, er en urbefolkning eller et urfolk på Nordkalotten, med den begrunnelse at samenes genetiske forfedre og formødre har sitt opphav i dette området, eller at deres genetiske forfedre og formødre var der før de genetiske forfedrene og formødrene til andre etniske grupper som i dag bor i området.

Når det siste er sagt, må jeg tilføye at jeg er uenig i at etnisk tilhørighet skal kunne defineres med utgangspunkt i hvilken struktur genene til et menneske har. Etnisk tilhørighet defineres ut ifra spesifikke, kulturelle særtrekk hos et menneske, og her er språket den viktigste markøren. Historisk sett har begrepet same alltid vært knyttet til personer som har samisk som sitt språk. De menneskene som snakket det ursamiske språket, kan derfor omtales som ursamer – de var de som var de aller første samene.

Språkforskerne/språkhistorikerne mener at det ursamiske språket oppsto i områdene rett øst for dagens Sør-Finland for 2000-2500 år siden. De aller første samene - ursamene - bodde altså i dette området.

Hva er en haplogruppe?

Haplo betyr enkel. En haplogruppe er en gruppe individer som bærer på et felles sett med mutasjoner eller en bestemt genvariant. Disse har dermed felles stamfar eller stammor en gang tilbake i historien. En annen måte å si det på, er at alle individer i en haplogruppe tilhører samme grein i et genetisk slektstre.

Litt om arvestoffet/gener

Det er ikke alle som kjenner til hvordan man i dag ser på dette med arvestoff eller gener. Derfor litt om dette før jeg går videre.

Man kan gruppere arvestoffet inn i tre deler; **autosomalt DNA, Y-DNA og mitokondrie-DNA forkortet til mt-DNA.**

Autosomalt DNA er alle kromosomer i cellekjernen som ikke er kjønnskromosomer. Det er disse kromosomene fra et kjønn som blander seg med kromosomene fra et annet kjønn, under en befruktning. Det er resultatet av denne blandingen som blant annet bestemmer vårt utseende. Jeg nevner her elementer som hudfarge, hårtype, hårfarge og ansiktstrekk.

Y-DNA eller Y-kromosomet, er det mannlige kjønnskromosomet. Det blander seg ikke med noen gener hos det kvinnelige DNA ved en befruktning. Det blir overført som det er og følger derfor mannslinjen, fra far til sønn, sønnesønn osv.

mt-DNA er et eget DNA som finnes i et mitokondrie. Mitokondriene er små organstrukturer som finnes i cellene. Mitokondriene er cellenes kraftstasjoner. Ca. 90% av cellenes energiproduksjon foregår i mitokondriene. Alle kroppens celler har mitokondrier. Det arvestoffet som bestemmer hvordan mitokondrienes oppbygging og funksjoner skal være, overføres fra det kvinnelige kjønn og blander seg ikke med arvestoffet fra det mannlige kjønn.

Det blir overført som det er. Jeg har fått mitt mt-DNA fra min mor, men kan ikke føre det videre fordi at jeg er en mann. Mitokondrie-DNA følger derfor kvinnelinjen.

For hver befruktning blir det dannet nytt autosomalt DNA med nye strukturer. Slik er det ikke med mt-DNA og Y-DNA. Det føres videre i den form som moren og faren avga den ved befruktningen. Disse mt-DNA-molekylene og Y-DNA-molekylene er derfor svært stabile fra generasjon til generasjon.

Med utgangspunkt i mt-DNA og Y-DNA kan man derfor dokumentere mannslinjene og kvinnelinjene bakover i tiden.

I blant skjer det midlertid, endringer i strukturene eller oppbyggingen av disse DNA-molekylene. Disse endringene blir omtalt som **mutasjoner**. Disse mutasjonene har ført til at det er oppstått visse forskjeller i sammensetningen av disse Y-DNA og mt-DNA-molekylene i befolkningsgrupper som har levd isolert fra hverandre. Dette har ført til at man innen de forskjellige befolkningsgruppene som har levd adskilt fra hverandre i lengere tid, finner opphopninger av bestemte varianter av Y-DNA og mt-DNA. Disse forskjellige variantene har genetikerne gitt forskjellige koder. For eksempel betegnelsen haplogruppe U5b1b1 og N1c. De forskjellige variantene blir også omtalt som **motiver**.

Analyser av mt-DNA og Y-DNA fra nye og gamle etterlevninger av mennesker, som er funnet i bestemte områder, er med på å gi innblikk i hvor våre genetiske forfedre og formødre har oppholdt

seg. Metoder for å konstatere alderen til disse etterlevningen er også med på tidsbestemme når de levde.

Haplogrupperammensetningen hos samene

Genforskerne har kommet fram til at samenes haplogrupperammensetning er som følger:

For samiske menn/mannslinjene

(For de 4 variantene som er mest utbredt blant samene.)

Haplogruppe N1c (tidligere betegnet som N3): 47,2%

Haplogruppe I : 25,9%

Haplogruppe R1a: 11%

Haplogruppe R1b: 3,9 %

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1181943/table/TB3/#TB3FNF>

For samiske kvinner/kvinnelinjene

(For de 4 variantene som er mest utbredt blant samene.)

Haplogruppe U5b1b1: 47,6%

Haplogruppe V 41,6%

Haplogruppe D5: 3,1%

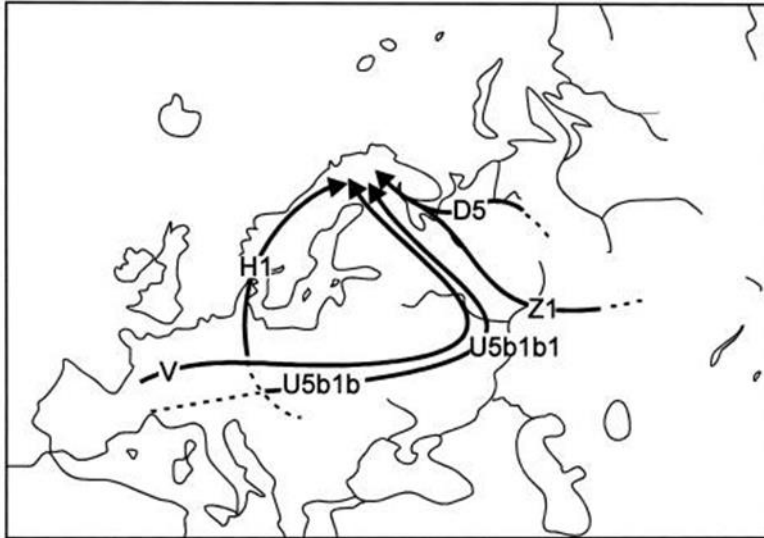
Haplogruppe H1: 2,5%

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1181943/table/>

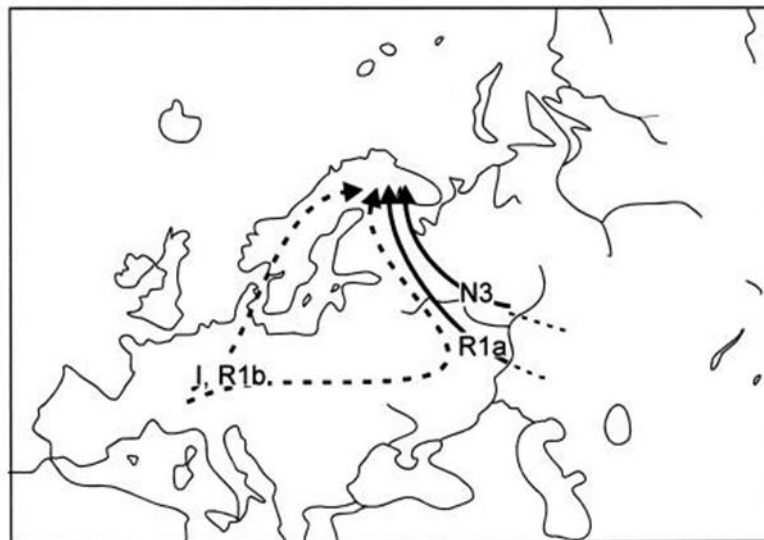
I figurene under vises innvandringsveiene til Nordkalotten for de haplogrupperne som det er størst innslag av i den samiske befolkningen.

Kvinnelinjene i den øverste figuren, manslinjene nederst.

A



B



https://www.ncbi.nlm.nih.gov/core/lw/2.0/html/tileshop_pmc/tileshop_pmc_inline.html?title=Click%20on%20image%20to%20zoom&p=PMC3&id=1181943_AJHGv74p661fg4.jpg

Jeg kommer ettehvert nærmere inn på dette.

Jeg vil i det følgende fokusere på de to mest utbredte variantene for kvinnelinjene og for de tre mest utbredte variantene for mannslinjen. Dvs. haplogruppene **U5b1b1** og **V** for kvinnelinjene og haplogruppene **N1c (tidligere N3)**, **I** og **R1a** for mannslinjene.

Opplysningene er hentet på internett.

Jeg kommer også med noen få personlige bemerkninger og synspunkter knyttet til de opplysninger som jeg har funnet.

Hvordan arbeider genforskerne?

Når genforskerne skal kartlegge våre genetiske forfedre og formødre sine vandringsveier, tar de utgangspunkt i den genetiske sammensetningen til avgrensede definerte befolkningsgrupper **som lever i dag**. Slike befolkningsgrupper kan være befolkningen i et land, for eksempel i Finland eller i Norge, og det kan være den genetiske sammensetningen til menneskene i en språkgruppe eller en etnisk gruppe, som for eksempel samene.

I tillegg analyseres genetiske sammensetninger til funn av etterlevninger av mennesker som **levde i tidligere tider**. Etterhvert som stadig mye funn av etterlevninger av mennesker som levde i tidligere tider blir gjort, det blir bestemt hvor gamle de er, hvor disse menneskene levde og genetiske analyser av disse funnene blir utført, blir puslespillet over hvor våre genetiske forfedre og formødre oppholdt seg, stadig mer komplett.

Genforskerne opererer også med noe de kaller for mutasjonsrate, dvs. hvor ofte mutasjoner skjer innen mt-DNA og Y-DNA.

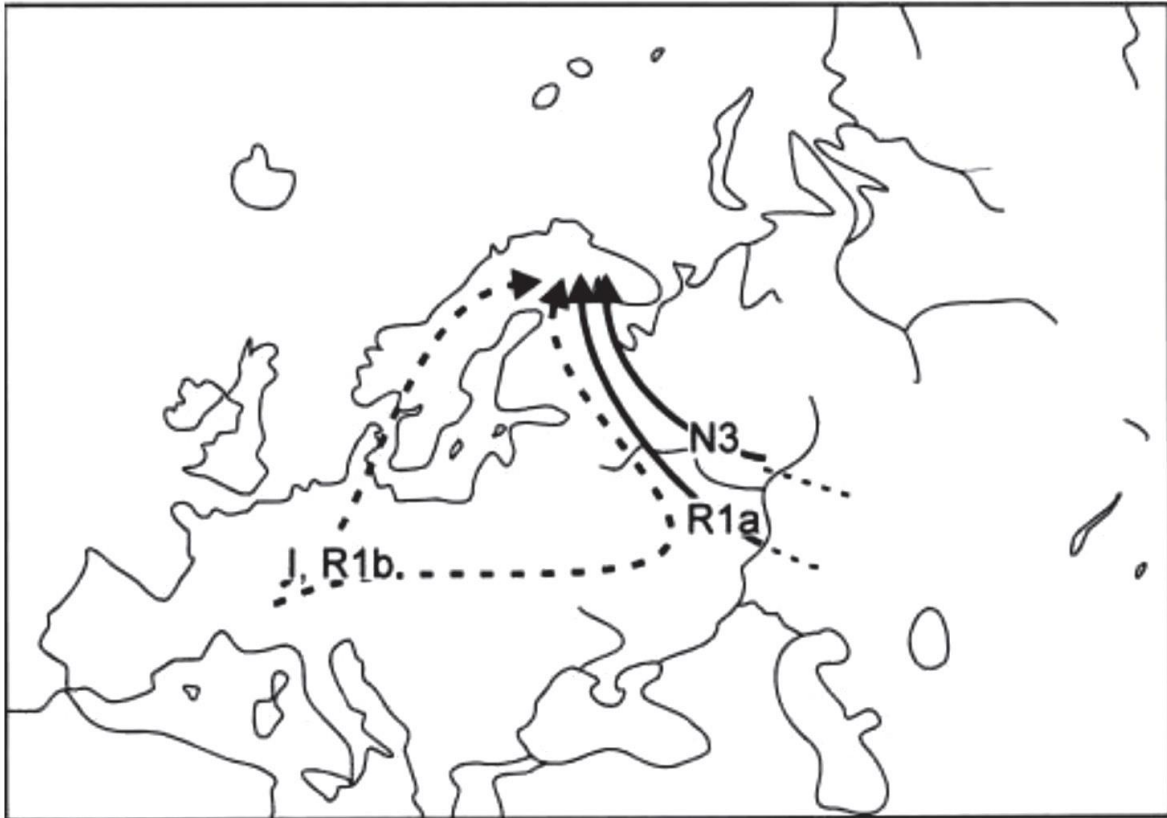
(Enkelt personer kan få analysert sin egen genetiske sammensetning og få dette koplet opp imot kunnskapene om hvor de genetiske linjene til den enkelte går bakover i tid.)

Fortsatt finnes det hull og løse tråder knyttet til denne forskningen. Nye funn, analyser og konklusjoner knyttet til disse funnene, kan derfor kunne komme til å kaste om på en del konklusjoner som er blitt trukket med utgangspunkt i denne forskningen. Det vil i så tilfelle være naturlig, for denne typen forskning er ikke mange årene gammel.

Mannslinjene til samene

Studier av mannslinjene til samene, har ført til at genetikerne trukket visse slutninger om hvor mannslinjene til samene går hen bakover i historien og i geografien. Sagt på en annen måte: Hvor og når forfedrene til samene har levd. Slutningene om vandringsveiene er gjengitt i figuren nedenfor.

En ser av figuren at **N3(N1c) og R1a** kommer inn fra den midtre- og nord-østlige delen av Eurasia. (N1c utgjør 47,2%, R1a utgjør 11%. Dette blir til sammen: 58,2%) Her bør en også merke seg at det blant samene er et innslag på 25,9% av **haplogruppe I** og at bærere av denne gruppen eller det motivet er innvandret fra Vest-Europa. Det er nødvendig å understreke at dette er den gensammensetningen som er påvist hos dagens mannlige samer.



Kvinnelinjene til samene

Studier av kvinnelinjen hos samene har ført til bestemte slutninger om hvor samenes genetiske formødre kom fra eller har levd. Nesten alt kommer fra Vest-Europa. (Haplogruppe **U5b1b1**: 47,6%, Haplogruppe **V** 41,6%. Til sammen 89,2%.) Det er nødvendig å understreke at dette er den gensammensetningen som er påvist hos dagens kvinnelige samer.

Disse slutningene gjengis i figuren under.



Under har jeg lagt inn to tabeller som viser prosentvis sammensetning av haplogrupper, en for menn og en for kvinner. Tabellen gir opplysninger om gensammensetningen til samene og en del andre befolkningsgrupper i Europa. Jeg har kortet av listene, men de kan i sin helhet studeres om en åpner webbadressen som er lagt inn under tabellene.

Den øverste tabellen er for menn (Y-DNA)

Table 3

Frequencies (%) of Selected Y-Chromosomal Haplogroups in the Saami and in Other Eurasian Populations

Region and Population ^a	Language Family ^b	Sample Size	Frequency of Haplogroup(%)							Reference(s)
			I ^c	R1b ^d	R1a	N3	N2	Q	C	
Scandinavia:										
*Saami ^e	U-FU	127 (58) ^f	25.9 ^f	3.9	11.0	47.2	0	0	0	Raitio et al. 2001 ; Wells et al. 2001 ; present study
Swedes	IE-G	141	48.2	22.0	18.4	2.8	0	0	0	Present study
Norwegians	IE-G	72	40.3	27.8	23.6	6.9	0	0	0	Passarino et al. 2002
Danes	IE-G	194	38.7	36.1	16.5	.5	0	0	0	Sanchez et al. 2003
Northern Europe:										
*Finns	U-FU	38	28.9	0	7.9	63.2	0	0	0	Zerjal et al. 2001
Estonians	U-FU	209	18.2	9.1	33.5	30.6	0	0	0	Present study
Latvians	IE-B	86	7.0	9.3	38.4	41.9	0	0	0	Present study
North Russians	IE-S	77	20.8	0	40.3	28.6	0	0	0	Wells et al. 2001
Eastern Europe:										
Russians	IE-S	61	13.1	21.3	42.6	8.2	8.2	0	0	Karafet et al. 2002 (supplementary data obtained by request from the author)
Ukrainians	IE-S	50	18.0	2.0	54.0	6.0	0	0	0	Semino et al. 2000
Poles ^e	IE-S	93	16.1	13.4	55.9	3.2	0	0	0	Present study
Volga-ural region:										
Maris	U-FU	111	8.1	2.7	47.7	31.5	9.9	0	0	Semino et al. 2000 ; present study
Mordvin	U-FU	83	19.3	13.3	26.5	16.9	2.4	0	0	Present study
Komis	U-FU	94	5.3	16.0	33.0	22.3	Volga-Ural 12.8	0	0	Present study
Udmurts	U-FU	87	1.1	2.3	10.3	56.3	28.7	0	0	Present study
Chuvashes	A-T	79	11.4	3.8	31.6	17.7	10.1	0	1.3	Present study
Tatars	A-T	126	4.0	8.7	34.1	18.3	4.8	.8	1.6	Present study

Tabellen under er hentet fra

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1181943/table/TB3/#TB3FNF>

Table 1

Frequencies (%) of the Predominant mt-DNA Haplogroups of the Saami among Other Eurasian Populations

Region and Population ^a	Language Family ^b	Sample Size	Frequency Haplogroup(%)					Reference(s)
			V	U5b1b1 ^c	H1 ^d	D5 ^e	Z	
Scandinavia:								
*Saami	U-FU	445	41.6	47.6	2.5	3.1	1.3	Sajantila et al. 1995 , corrected by Bandelt et al. 2001 ; Dupuy and Olaisen 1996 ; Delghandi et al. 1998 ; present study
*Swedes	IE-G	503	3.2	.8	3.4	0	.4	Sajantila et al. 1996 ; present study
*Norwegians	IE-G	641	3.4	1.2	1.9	0	.6	Dupuy and Olaisen 1996 ; Opdal et al. 1998 ; Helgason et al. 2001 ; Passarino et al. 2002
Northern Europe:								
*Karelians	U-FU	83	6.0	6.0	6.0	1.2	0	Sajantila et al. 1995
*Finns	U-FU	581	6.4	6.7	3.6	.2	1.5	Pult et al. 1994 ; Sajantila et al. 1995 ; Lahermo et al. 1996 ; Kittles et al. 1999 ; Meinilä et al. 2001
*Estonians	U-FU	545	3.3	.7	4.8	.2	0	Sajantila et al. 1995 , 1996 ; present study
Latvians	IE-B	299	3.0	0	1.0	0	0	Present study
Lithuanians	IE-B	45	2.2	2.2	2.2	0	0	Present study
North-Russians	IE-S	134	0	3.0	2.2	5.2	0	Present study
Eastern Europe:								
*Russians	IE-S	761	3.8	1.2	1.2	0	.3	Orekhov et al. 1999 ; Malyarchuk et al. 2001 , 2002 ; present study
Ukrainians	IE-S	686	4.8	.6	1.5	0	.1	Malyarchuk et al. 2001 ; present study
*Poles	IE-S	583	4.5 ^g	.7	1.0	0	0	Richards et al. 2000 ; Malyarchuk et al. 2002 ; present study
*Northwestern Europe	IE-C/G	1,851 (1,547) ^f	2.8 ^g	0	1.6	0	0	Piercy et al. 1993 ; Richards et al. 1996 , 2000 ; Helgason et al. 2000 , 2001

Mer om kvinnelinjer blant samer

Haplo betyr enkel. En haplogruppe er en gruppe individer som bærer på et felles sett med mutasjoner og dermed har felles stamfar eller stammor en gang lenger tilbake i historien. En annen måte å si det på, er at alle individer i en haplogruppe tilhører samme grein i et genetisk slektstre.

Når det skjer en mutasjon innen en haplogruppe, dannes undergrupper eller nye greiner, på det genetiske slektstreet. Nye greiner dannes om den som er bærer av mutasjonen viderefører sine gener videre til nye generasjoner. Disse nye gruppene får navn eller koder

knyttet til moder- eller fadergruppene. For eksempel så blir undergrupper til-, eller mutasjoner i haplogruppen U, kodet til å få betegnelsene U1, U2 osv. Når det skjer en mutasjon inne en undergruppe, for eksempel innen gruppen U5, får den igjen en ny kode, for eksempel U5a osv. Slik dannes det stadig nye undergrupper og en kan for eksempel, ende opp med en undergruppe som har fått betegnelsen U5b1b1a. Denne er utbredt blant de kvinnelige samene.

Om haplogruppe U

Haplogruppe U er anslått å ha oppstått i den nære Østen eller i Sørvest-Asia for rundt **50.000** år siden. Dette er ca. 15.000 år etter at moderne mennesker (homo sapiens) vandret ut fra Afrika. I en haplogruppe skjer det av og til mutasjoner som fører til nye undergrupper. Disse (yngre) undergruppene får egne betegnelser. En slik undergruppe har fått betegnelsen U5.

Haplogruppe U5

Denne mutasjonen oppsto for omkring **30 000** år siden. Forskerne mener at hun som ble den første bærer av denne mutasjonen, må ha levd i Europa på den tiden. Dette innebærer at mennesker som var bærere av U5 vandret fra det nære Østen og inn i Europa i løpet av disse 20 000 årene

U5b

I denne mt-DNA gruppen, har det igjen skjedd flere mutasjoner som har dannet utgangspunktet for nye undergrupper. Disse undergruppene har igjen fått egne betegnelser. En av disse er **U5b**. Det skjedde for omkring fra **22 000 år til 27 000 år** siden.

U5b1

Denne undergruppen oppsto for **20 000** år siden. Denne greinen oppsto ifølge forskerne sannsynligvis i Spania eller Sørvest-Frankrike, under istidens aller kaldeste periode.

Forskerne har ut fra funn, trukket den slutningen at de menneskene som var bærere av undergrupper til haplogruppen U5, var de første til å befolke sentral- og nord-Europa da isen begynte å trekkes seg tilbake. Disse menneskene levde som steinaldermennesker. De var jegere og samlere.

U5b1b

U5b1b er estimert til å være ca. **11.000** år gammel. Artikkelen på nettet skriver at « *Det finnes også et enkelt U5b1b * testresultat funnet i Russland, og et enkelt testresultat som er pre-U5b1b1 (HM046248 fra Spania)*».

U5b1b1

U5b1b1 er estimert til å være **7200** år gammel. U5b1b1 finnes i hele Europa og blant berberne i Nord-Afrika.

U5b1b1a

U5b1b1a er estimert til å være **4000 år gammel**. U5b1b1a er funnet med svært høyt innslag blant dagens samer i Nord-Skandinavia. U5b1b1a finnes imidlertid også i en viss grad i Øst-Europa, i landene Hviterussland, Slovakia, Polen, Russland, Ungarn, Bosnia og Kroatia. Artikkelforfatterne som jeg har hentet opplysningene ifra skriver at «*En spennende mulighet er at U5b1b1a kan indikere en felles genetisk herkomst blant de som snakker uraliske språk, inkludert finsk og ungarsk.*»

<https://www.familytreedna.com/groups/u-5b/about/results>

På **Eupedia** kan en lese om U5b1b1a at det er: “*found among the Saami (main and almost sole subclade), the Finns and the Yakuts.*”

https://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_U5_mtDNA.shtml

Det er blitt påstått at mt-DNA-gruppen, eller motivet U5b1b1 er bevis for at samenes formødre har bodd på Nordkalotten i minst 10.000 år. Men denne gruppen finnes jo også utenfor Skandinavia. I tillegg så er det slik at det er bare ca. 5000-6000 år siden denne gruppen kom til Europa. Den er maksimalt ca. 2200 år gammel i Skandinavia og forskere har også kommet til at en spesiell variant av denne, som finnes bare hos noen samer, ikke er mer enn mellom 700-1200 år gammel. I tillegg så er det ikke noe særlig stort innslag av denne varianten hos samiske kvinner. Alt dette ifølge «*American journal of Human Genetics*»

Jeg har lagt inn en tabell under som er fra «*American journal of Human Genetics*» som viser akkurat dette («Sa» er forkortelse for samer)

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1181943/table/TB5/>

PMC full text: [Am J Hum Genet. 2004 Apr; 74\(4\): 661–682.](#)

Table 5

Coalescence Ages for Different Subsets of Subhaplogroup U5b1b1

Set of Sequences Considered ^a	<i>n</i>	ρ^b	T^c (years)	ΔT^d (years)
U5b1b1 (without Sa)	118	25/118 = .212	4,300	1,400
U5b1b1 in Scandinavia (without Sa)	55	6/55 = .109	2,200	2,200
U5b1b1 in Scandinavia (with Sa, without subfounder 16148)	187	11/187 = .059	1,200	700
U5b1b1 in eastern Europe (Es/Li/Ma/Mo/Ko/Ru/Uk/Po/Ba/Ch)	47	13/47 = .277	5,600	1,700
U5b1b1 in southern and western Europe (Bo/Cr/Sl/Hu/Fr)	11	3/11 = .273	5,500	3,200

^aPopulation codes are the same as those used in [figure 3](#).

^bAverage mutational distance to the founder haplotype of the cluster.

^cCoalescence time, calculated by means of ρ with a mutation rate of 1 transition per 20,180 years in the HVS-I segment between nps 16090 and 16365 (Forster et al. [1996](#)).

^dSD for ρ , calculated as in the study by Saillard et al. ([2000](#)).

“American journal of Human Genetics» opererer ikke med haplogruppen U5b1b1a slik som for eksempel Eupedia gjør.

Min betraktning

Spørsmålet er: Hvor levde «urmoderen» til U5b1b1a? Hvor ble denne haplogruppen utbredt til å begynne med? Var det blant de som snakket det språket som uralierne brakte med seg til områdene øst for dagens Sør-Finland, som U5b1b1a først og fremst ble spredt blant, i starten av utbredelsen? Når en ser i hvilke språkgrupper og i hvilke områder denne mutasjonen er påvist i, er dette sannsynlig. Språkhistorikerne mener at uralierne kom til disse områdene for omkring 4000 år siden, eller en gang ikke så lenge etter dette. Ut fra det uraliske språket vokste det fram en språkgruppe som blir omtalt som finsk-ugrisk. De samiske språkene tilhører den finsk-ugriske språkgruppen. Det blir ikke vist til at det er gjort funn av denne haplogruppen blant svensker og nordmenn. Det er nesten ikke innslag av U5b1b1 som er modergruppen til U5b1b1a, blant nordmenn (1,2%) og svensker (0,8%). Dette, sammen med plassering av funn av gruppen U5b1b1a blant finner og yakutere, indikerer at det ikke var i Skandinavia at denne mutasjonen ble brakt inn i eller oppsto i, og derfra igjen etterhvert ble utbredt til den ursamisktalende språkgruppen, eller senere inn i den samisk talende befolkningen.

Et annet og mer sannsynlig alternativ, er at det ursamiske språket oppsto og utviklet seg i en befolkning som i betydelig grad var bærere av haplogruppe U5b1b1a . Språkforskerne synes å være samstemte i at det ursamiske språket oppsto i Ladoga-Onega-området i Nord-Vest Russland. Dette området ligger rett øst for dagens Sør-Finland. Det er blitt påvist 6% innslag av U5b1b1 som er modergruppen til U5b1b1a, blant karelere og 6,7% blant finnene.

Det er ikke påvist noe i nærheten av så stort innslag av haplogruppen U5b1b1a eller dets modergruppe i de andre befolkningsgruppene som lever i de samme områdene, som de samisktalende har oppholdt seg, og i de områdene som de ursamisktalende har oppholdt seg i. Her skiller den samisktalende befolkningen seg klart ut fra de andre befolkningsgruppene i disse områdene.

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1181943/table/TB1/>

Haplogruppe V

Genetiske undersøkelser viser at ca. 40% av samene er bærere av haplogruppe V.

Denne gruppen er en dattergruppe av mt-HV som antas å ha oppstått i Europa, på den Iberiske halvøya for 12 000 – 15 000 år siden. Haplogruppe HV er den mest vellykkede kvinnelinjen i Europa og i det Nære Østen. Over halvparten av den europeiske befolkningen og mellom 25% og 40% av befolkningen i Det nære Østen, kommer fra en enkelt mutasjon som oppsto for minst 25.000 år siden, og kanskje så mye som for 40.000 år siden. Denne formoren er grunnleggeren av HV-linjen. De fleste europeerne som tilhører HV-linjen, stammer fra en gren som heter H.

En annen liten mutasjon eller linje derfra, med et betydelig innslag i den europeiske befolkningen, har fått navnet **haplogruppe V**.

https://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_V_mtDNA.shtml

Haplogruppe mt-V er funnet i 4% av den europeiske befolkningen. 40% av samene er bærere av denne haplogruppen. **Her som med u-varianten, skiller den samisktalende befolkningen seg klart ifra de andre befolkningsgruppene i området med sitt store innslag av haplogrupp-V.**

Blant resten av befolkningen i Norge finnes det et lite innslag av denne gruppen.

Det eldste kjente funn av V er fra Portugal og dateres til rundt 5000 f.Kr. V er også funnet i utgravninger på Gotland, datert til rundt 2800 f.Kr. <http://www.norwaydna.no/mtdna/mtdna-haplogrupper/v-mt-haplogruppe/>

Eupedia skriver blant annet at «*Samene (også kjent som «Lapper») var Europas siste jegere-samlere. De har holdt en semi-nomadisk livsstil til moderne tider, og holdt hovedsakelig reinsdyr og noen sauer. De er knyttet språklig opp mot til finlenderne, som også snakker et uralsk språk, men er veldig genetisk forskjellig fra andre europeere. Samene er den eneste europeiske gruppen som ikke har noen kaukasiske, vestasiatiske, sørvest-asiatiske eller afrikanske autosomale innslag. De har også det høyeste nivået av mesolittiske (Mellomsteinalder 9500-4000 år f.Kr.f. min bemerkning) europeiske og eldgammelt («ancient») nord-eurasiske genetiske innslag. Deres kvinnelinjer er overraskende lite varierte/sammensatte, med 48% av U5b1b1 og 42% av V (V1a1a og V5).*»

https://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_V_mtDNA.shtml

Litt om autosomalt DNA hos samene

Eupedia skriver altså rett ovenfor at «*Samene er den eneste europeiske gruppen som ikke har noen kaukasiske, vestasiatiske, sørvest-asiatiske eller afrikanske autosomale innslag.*»

Jeg supplerer denne opplysningen med opplysninger fra «*European Journal of Human Genetics*». De oppsummerer resultatene av undersøkelsen av autosomalt DNA hos samer i Finland slik. “*This study affirms an east Asian contribution to the predominantly European-derived Saami gene pool.*” (Denne studien bekrefter et øst-asiatisk bidrag, til overveiende europeisk-avledete samiske gener.) Dette funnet samsvarer med funnet av et betydelig innslag av østlig-eurasiatisk Y-DNA («mannslinjen») hos samer.

Dette funnet samsvarer også med det faktumet at relativt mange samer særlig i tidligere riger, hadde en ansiktsform som i varierende grad, hadde en østlig-urasiatisk ansiktsform. I tillegg hadde de ofte mørkt hår. Tidligere trodde en derfor at samene nedstammet fra mongolene, men genforskningen finner ingen genetisk tilknytning til mongolene. Den økende tendensen i løpet av det siste 100 året, til samgifte mellom samer og ikke-samer, har ført til at dette utseendet er blitt avdempet og/eller har forsvunnet blant den samisktalende befolkningen.

Nedenfor har jeg lagt inn en figur som viser resultater av undersøkelsen av den genetiske sammensetning for autosomalt DNA hos en del befolkningsgrupper.

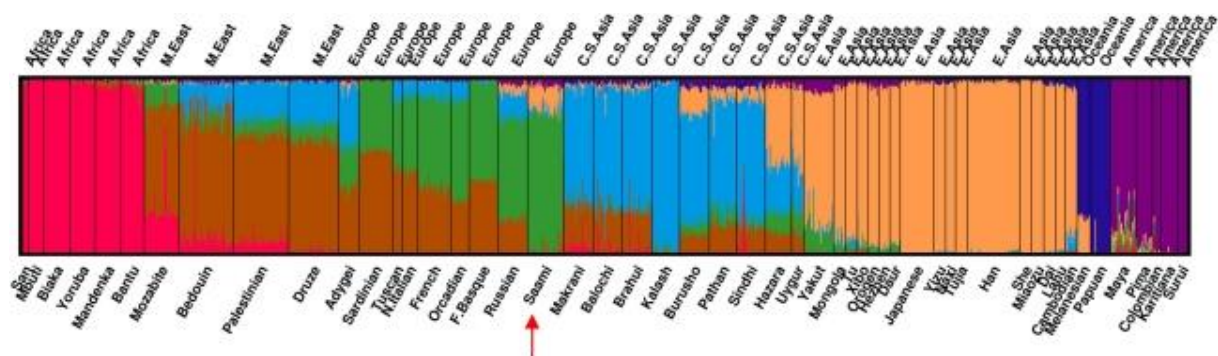
Under har jeg lagt ved en figur som illustrere sammensetningen av autosomalt DNA hos forskjellige befolkningsgrupper. Der finner en også sammensetningen for autosomalt DNA hos samene.

Fargekoder

Rød-> Afrikansk. Brun-> Midt-Østen. Grønn-> Europeisk. Lys-brun-> Øst-asiatisk. Lyse-Blå-> Sentral-asiatisk. Fiolett-> Amerikansk. Mørke-blå-> Oceaniatisk (Stillehavet)

De som ønsker å studere denne undersøkelsen nærmere kan gå til.

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3062008/>



Det det som jeg har funnet om autosomalt gensemsetning hos samene.

Tilbake til Eupedia....

Eupedia skriver også at «Samene ser ut til å stamme fra en sammensmelting av mesolittiske jægersamlere fra Sør- og Sentral-Europa (henholdsvis representert av deres to hovedmorslinjer: V og U5b). Disse mesolittiske (Mellomsteinalder 9500-4000 år f.Kr.f. min bemerkning) nomadene er blitt presset lenger nord og vest av bølgen av neolittiske (bondesteinalderen, yngre steinalder) bønder som raskt koloniserte sørøst og så Sentraleuropa. Proto-Indo-europeerne fra Corded Ware-kulturen invaderte senere Sørskandinavia og de baltiske områdene, og presset restene av U5b og V-jegerne og samlere til Nord-Europa.»

https://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_V_mtDNA.shtml

V1a1a er funnet i Skandinavia (inkludert Lapland), Finland og de baltiske landene.

«The woman who started this branch lived at some point between recent generations and 6,400 years ago (Behar et al., 2012b). Age: $2,681.4 \pm 3,764.7$ “

Det opplyses ikke om at andre varianter av V- mt-DNA finnes i dette området, så jeg antar at det er denne varianten av denne haplogruppen som betegnes som V1a1a - som det er funnet et stort innslag av hos samene.

Funn av haplogruppe V blant nordmenn og svensker er på 3-4%.

Mer om noen mannslinjer blant samene

Haplogruppe N

Haplogruppen N oppsto i Mongolia/Nord-Kina for omkring 18 000 år siden.

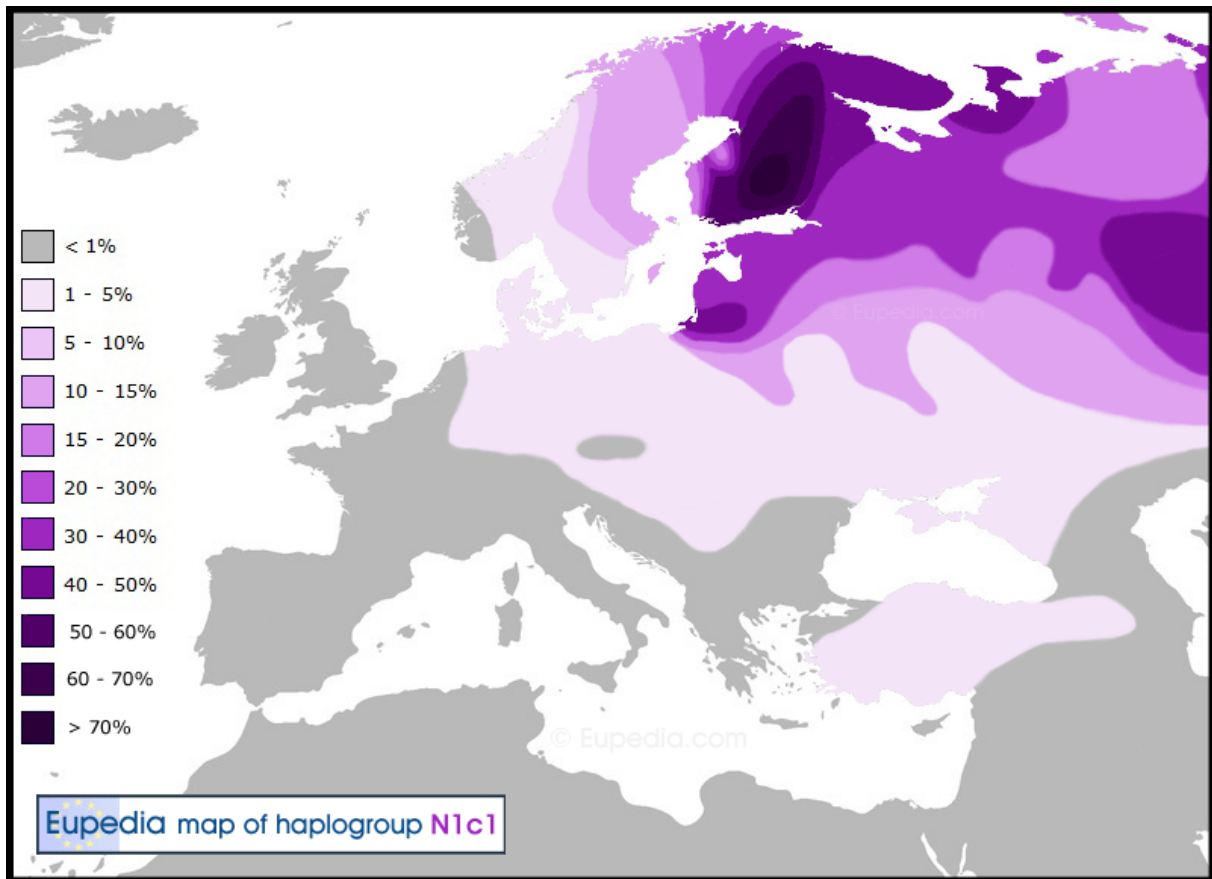
Undergruppen N1 oppsto i Sibir for omkring 10 000 år siden.

Undergruppen N1c oppsto i Sibir/Nord-Vest Kina for omkring 6700 år siden.

Undergruppen N1c1 oppsto i Sør-Sibir for 6000-7000 år siden.

Fra «**The Peopling of Europe**» nettsiden finner man den følgende informasjon: *“Innen Europa er undergruppen N1c1 sterk blant folk som snakket uralske språk, slik som finsk, samisk og estisk. Disse språkene sprang ut fra en gruppe folk som levde i nærheten av Uralfjellene. Den vestlige grenen ankom antagelig til Finland med “Kam Ceramic Kulturen” mellom 4000 og 3000 f.Kr.»*

<http://www.norwaydna.no/y-dna/y-dna-som-verktoy-haplogruppe-n/>



<http://www.norwaydna.no/y-dna/y-haplogrupper/n-ydna/>

Eupedia forteller at...

Slektskapstreet av N1c1 viser at splittelsen mellom balto-finnene og uralierne (inkludert de ugriske) folkene fant sted rundt 4400 år siden. Den uraliske grenen ble dannet først for 4200 år siden, etterfulgt av den ugriske grenen og til slutt den baltisk-finske-grenen for 3600 år siden. Sistnevnte splittet umiddelbart mellom «Chudes», i øst, og baltifinnene i vest. Fennoskandinavene og balterne ble splittet rundt 2600 år siden.

Eupedia skriver at..

«Haplogroup N1c1 er sterkt forbundet med uraliske folk, som er delt inn i følgende familier.

Samoyedic (Nganasans, Enets, Nenets og Selkups)

Finsk-ugriske

Finsk-Permic

Baltic Finnic (finsk, karelsk, estland, etc.)

Permic (Komi, Udmurt)

Saami (samisk)

Volgaic (Mari, Mordvin)

ugriske

ungarsk

Ob-Ugrisk (Khanty, Mansi)

https://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_N1c_Y-DNA.shtml

Eupedia skriver også at: «Haplogruppe N1C finnes hovedsakelig i Nord-Europa, spesielt i Finland (61%), Lappland (53%), Estland (34%), Latvia (38%), Litauen (42%) og Nord-Russland (30%), og til en lavere grad også i det sentrale Russland (15%), Hviterussland (10%), Øst-Ukraina (9%), Sverige (7%), Polen (4%) og Tyrkia (4%). N1C er også fremtredende blant de uraliske talende etnisiteter i Volga-Ural-regionen, inkludert Udmurts (67%), Komi (51%), Mari (50%) og Mordvins (20%), men også blant sine tyrkiske naboer som Chuvashs (28%), Volga tatarer (21%) og Bashkirs (17%), samt Nogais (9%) i det sørlige Russland»

http://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_N1c_Y-DNA.shtml

Haplogruppe R

Haplogroup R oppsto i Nord-Asia rett før siste istid (26.500-19.000 år siden).

Et eksemplar med haplogruppe R, av menneskelige etterlevninger, som er på 24 000 år, er funnet ved Baikalsjøen

Haplogruppe R1

Jeg finner ingen opplysninger om R1.

Haplogruppe R1a

Haplogruppe R1a har sannsynligvis forgrenet seg fra R1 i løpet av eller kort tid etter siste istid. Det sannsynligste opprinnelsesstedet til R1a er Sentral-Asia eller Sør-Russland /Sibir. Derfra kan R1a ha migrert direkte til Øst-Europa (Europeisk Russland, Ukraina, Hviterussland), eller først sørover gjennom Sentral-Asia og Iran.

Du kan lese mer om haplogruppe R på...

https://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_R1a_Y-DNA.shtml

Haplogruppe I

Haplogruppen I er den eldste av de store haplogruppen i Europa og er sannsynligvis den eneste store haplogruppen som oppsto i Europa. Det har nå blitt bekreftet av gamle DNA-tester at de første homo sapiensene/menneskene som kolonisere Europa i Aurignacian-perioden (45.000 til 28.000 år siden) tilhørte haplogruppene CT, C1a, C1b, F og I.

Haplogruppe I1

Haplogruppe I1 er anslått å ha mutert ut fra haplogruppe I for omkring 27 000 år siden. Det er ikke avklart hvor i Europa denne mutasjonen skjedde.

Haplogruppe I1 er den vanligste typen innen haplogruppe I i Nord-Europa. Den er hovedsakelig funnet i Skandinavia og Finland, hvor den finnes i over 35% av Y-kromosomene. Blant de norske er I1 funnet på alle steder som ble invadert av gamle germanske stammer og i områder som senere er blitt invadert av vikingene. Fra kjernen i den gamle germanske sivilisasjonen i Skandinavia, er de høyeste frekvensene av I1 registrert i andre germansktalende regioner, som Tyskland, Østerrike, «Low Countries» (Hvor er det?), England og det skotske lavlandet, som alle har mellom 10% og 20% av I1 linjer.

Genforskere mener at haplogruppe I1 kom til Skandinavia i perioden ca. 4000 år til ca. 2000 år f.Kr.f.

Nordkalotten var Europas siste område hvor jeger-samler kulturen var den dominerende kulturen.

Genforskere hevder at forholdet mellom de mannlige haplogruppene hos samene, altså forholdet mellom haplogruppene N1c1, I1, R1a og R1b indikerer at de tre sistnevnte gruppene ble innlemmet i den samiske genpoolen, fra- eller etter vikingetiden.

(Min merknad: Denne konklusjonen stemmer ganske så godt overens med det som språkforskerne/språkhistorikerne har kommet fram til, når det gjelder de samiske språkernes forhistorie. De mener at det samiske urspråket har utviklet seg fra et uralsktalende språk, i områdene rundt Ladoga-Onega i dagens Nord-Vest Russland, rett øst for dagens Sør-Finland. Den finske språkforskeren Mikko K. Heikkilä mener seg å ha påvist at det ursamiske språket oppsto omkring 300 år før vår tidsregning i dette området. De ursamisktalende spredte seg etterhvert til Sør-Finland og derfra videre nordover og inn på Nordkalotten. Heikkilä mener at de ursamisktalende beveget seg inn på Nordkalotten tidligst omkring år null.

Heikkilä mener seg også ha påvist at det er så mye låneord fra indoeuropeisk, urgermansk, urnordisk og norrønt i de ursamisktalende sitt ordforråd, at de ursamisktalende opp igjennom tiden, må ha hatt betydelig kontakt med mennesker som tilhørte disse språkgruppene. Dette utreder han i doktorgradsavhandlingen «BIDRAG TILL FENNOSKANDIENS SPRÅKLIGA FÖRHISTORIA I TID OCH RUM» som ble lagt fram ved Universitetet i Helsinki i 2015. Avhandlingen er lagt ut på nettet.)

Genforskere mener at før N1c1 kom til Fennoskandia, besto sammensetningen av haplogrupper i den fennoskandinaviske befolkningen av Y-haplogruppene **I og I2**, og av mt-haplogruppene **U5b og V**.

N1c1 kommer østfra fra de østlige delene av Eurasia. Denne haplogruppen ble brakt inn i på det fennoskandiske området av de finsk-ugrisk talende mennene.

Jeg velger her å gjengi en betraktning fra det som **Eupedia** skriver om innslaget av haplogruppen **I1** blant samene. Betegnelser som for eksempel L258 er varianter innen I1-gruppen.

Eupedia skriver at...

“Most of the Sami either belong to the L258 clade like the Finns, or to the L1302 subclade of I1-Z60, a branch more generally associated with West Germanic tribes. L258 is found mostly among the eastern Sami from north-east Norway and Finland, while L1302 is more common in the rest of Norway and in Sweden. The more recent age of I1-L1302 found among the Sami, combined with the higher percentages of R1a (13%) and R1b (7%) and the presence of E-V13 and J2 suggests that some, if not all of the Sami I1 resulted from an introgression in Germanic times, probably through centuries of occasional intermarriages between Sami women and Scandinavian men. Nowadays, approximately half of all paternal Saami lineages are of Scandinavian origin.”

Til norsk: De fleste av samene hører enten til L258-koden som også finnerne er bærere av, eller til L1302-underkatalogen av I1-Z60, en gren som generelt er forbundet med de vesttyske stammene. L258 finnes hovedsakelig blant de østlige samene fra Nordøst-Norge og Finland, mens L1302 er mer vanlig i resten av Norge og i Sverige. Nyere dateringer av I1-L1302 funnet blant samene, kombinert med de høyere prosentene av R1a (13%) og R1b (7%), og tilstedeværelsen av E-V13 og J2 antyder at noen, om ikke alle samene som er bærere av I1, er et resultat av en introgression/innstrømming av denne haplogruppen i germanske tider. Dette sannsynligvis gjennom århundrer med sporadiske giftemål mellom samiske kvinner og skandinaviske menn. I dag er omtrent halvparten av alle mannlige samiske linjer av skandinavisk opprinnelse.

(https://www.eupedia.com/europe/Haplogroup_I1_Y-DNA.shtml)

Min merknad: At den genetiske sammensetningen i en språkgruppe endrer seg over tid, og av og til ganske så raskt, er ikke uvanlig. Dette kan skje ved giftemål over språkgrensene og ved innvandring til et område hvor det tales et språk, og etterkommerne av innvandrerne vil begynne å snakke språket til de som bodde der fra før av. En slik endring av genpoolen/gensammensetningen skjer i Norge i disse tider pga. en betydelig innvandring til Norge.

Det at det vandret ursamisktalende inn i Finland og videre inn på Nordkalotten og at genpoolen/gensammensetningen til de samisktalende etter hvert fikk et betydelig innslag av haplogrupper av skandinavisk opprinnelse, pga giftemål over språkgrensene, gjør ikke de som bodde på Nordkalotten, før de ursamisktalende kom til området, til «førsamer». Begrepet same er som kjent historisk sett, knyttet til de som snakket samisk. Dersom en velger å benytte ordet «førsame» så må dette ordet derfor knyttet til de som er de samisktalende sine språklige forfedre og formødre.

Avslutning

Denne gjennomgangen viser at det ikke finnes noe belegg for å kunne hevde at de genetiske forfedre og formødre til dagens samer, bodde på Nordkalotten tidligere enn de genetiske forfedrene og formødrene til andre befolkningsgrupper, som i dag bor på Nordkalotten. Samene er, som alle andre befolkningsgrupper i Fennoskandia, etterkommere av mennesker som kom sørfra og vandret inn i dette området .

Med utgangspunkt i resultatene som en er kommet fram til innen genforskningen, kan det ikke hevdes at samene, genetisk sett, er en urbefolkning eller et urfolk på Nordkalotten, med den begrunnelse at samenes genetiske forfedre og formødre har sitt opphav i dette området, eller at deres genetiske forfedre og formødre var der før de genetiske forfedrene og formødrene til andre etniske grupper som i dag bor i området.

Når det siste er sagt, må jeg tilføye at jeg er uenig i at etnisk tilhørighet skal kunne defineres med utgangspunkt i hvilken struktur genene til et menneske har. Etnisk tilhørighet defineres ut ifra spesifikke, kulturelle særtrekk hos et menneske, og her er språket den viktigste markøren. Historisk sett har begrepet same alltid vært knyttet til personer som har samisk som sitt språk. De menneskene som snakket det ursamiske språket, kan derfor omtales som ursamer – de var de som var de aller første samene.

Språkforskerne/språkhistorikerne mener at det ursamiske språket oppsto i områdene rett øst for dagens Sør-Finland for 2000-2500 år siden. De aller første samene - ursamene - bodde altså i dette området.