

SVERTIGEPROJEKTNYHETER

Nr 3, december 2014

Administratörer: Donald Ekberg (donek97@verizon.net), Rolf Berlin (rolf.berlin@telia.com), Magnus Bäckmark (magnus.baeckmark@swipnet.se), Peter Sjölund (dna@sjolunds.se). Co-administratörer: Anders Berg (ftdna@scangen.se), Eva Sjöqvist Persson (ewalakheden@hotmail.se), Jakob Norstedt-Moberg (jakob@hoijen.se).

Innehåll

Tre administratörer presenterar sig: Rolf Berlin, Anders Berg och Donald Ekberg	1
Magnus Bäckmark: Grenar av mtDNA-haplogrupp T1a1 som finns representerade bland Sverigeprojektets medlemmar.....	3
Jakob Norstedt-Moberg: Y-DNA, BigY och sedan Yfull	6
Magnus Bäckmark: Ny kunskap om tiden när jordbrukare mötte jägare-samlare	10
Magnus Bäckmark: Hur många Family Finder-träffar är vanligt att ha?.....	15
Maria Brolin: DNA- och kyrkoboksforskning i harmoni.....	15
Eva Eklund: Hur jag hittade min fars syssling i USA.....	16
Magnus Bäckmark: Vårt projekt växer.....	16
Magnus Bäckmark: Den tredje vanligaste 12-markörshaplotypen i Sverige..	17

Tre administratörer presenterar sig

Rolf Berlin

Jag bor i Järfälla men mina anor kommer till största delen från Morlanda i Bohuslän. Jag ägnar mycket tid åt min hembygdssida www.morlanda.se där befolkningen oftast hade yrkena fiskare och skeppare. Med hjälp av DNA-tester hoppas jag kunna visa att många fiskare invandrade från utlandet under 1500-talet. Jag började som administratör för FTDNA svenska projekt i augusti 2011 och startade kort därefter Facebookgruppen DNA-anor.



Anders Berg

Jag heter Anders Berg och bor i Stockholm. Jag har släktforskning sedan slutet av 1980-talet och mina anor kommer på pappas sida från Skåne och på mammas från Ångermanland (med en liten tårtbit Värmland). Mitt DNA-intresse startade i slutet av 2011, och jag har testat mig både hos Family Tree DNA och 23andMe. Särskilt intresserad är jag av den djupa härstamningen, från mänsklighetens gryning, som kan följas i det raka fädernets och modernets haplogrupper. Min Y-DNA-haplogrupp är I1-Y5473, en ny gren under L22 som hittats tack vare BigY. Mitt mtDNA är U5a1a1b.



Som co-admin i vårt projekt fungerar jag som kontaktperson för södra Sverige (främst Skåne), och är ansvarig för den statistik över projektets haplogrupper som presenteras på Svenska Haplogruppdatabasen (SHD).

Donald Ekberg

Jag bor i Clearwater, Florida, USA. Alla fyra av mina far- och morföräldrar immigrerade till USA för runt 125 år sedan. Min mormor kom från Östergötland, de andra tre kom från Skåne. De slog sig ned i La Grange, Illinois, en förort till Chicago. Sverigeprojektet startades 2006 när jag tillfrågades av FTDNA om att grunda ett efternamnsprojekt. När jag berättade om betydelsen av patronymikon i Sverige föreslog de ett geografiskt ordnat projekt för Sverige. Jag accepterade och vi startade med åtta deltagare. Ann Berge, en av administratörerna för Norgeprojektet, erbjöd sig att hjälpa till och föreslog Rolf Berlin som co-administratör. Som den enda administratören i USA skulle jag gärna se en eller två co-administratörer till i USA. Eftersom jag inte förstår svenska skulle det vara bra om de gör det.



När jag utökar mitt släktträd med hjälp av Arkiv Digital och Heritage är min avsikt att göra DNA-jämförelser mellan svensk-amerikaner och personer i Sverige. Jag skulle också vilja jämföra DNA från förhistoriska personer i Skandinavien med nu levande i Sverige och USA med rötter i Sverige.

Söker du böcker om
DNA-genealogi?

Ett urval finns här:
[http://www.isogg.org/wiki/
Genetic_genealogy_books](http://www.isogg.org/wiki/Genetic_genealogy_books)

Facebookgrupp för
DNA-intresserade

Om du är facebookanvändare, gå
gärna med i gruppen DNA-anor.
(Frågor, svar, efterlysningar m.m.)

Grenar av mtDNA-haplogrupp T1a1 som finns representerade bland Sverigeprojektets medlemmar

MtDNA-haplogruppen T1a avgrenade sig genom en mutation som inträffade i en kvinna för $17\,200 \pm 2\,900$ år sedan, av allt att döma i Främre Orienten. T1a är den stora grenen inom T1, omfattande ca 90 % av dess nu levande medlemmar. T1a är idag vitt utspridd och når sina högsta frekvenser av befolkningarna i Rumänien (ca 9 %), Tunisien (ca 8 %) och nordöstra Iran (ca 8 %). Dess undergren T1a1 beräknas ha avskilt sig för $15\,500 \pm 2\,800$ år sedan och anses ha spridit sig över Europa redan under sen istid, för ca 16–12 000 år sedan (Maria Pala et al., MITOCHONDRIAL DNA SIGNALS OF LATE GLACIAL RECOLONIZATION OF EUROPE FROM NEAR EASTERN REFUGIA, i American Journal of Human Genetics, vol. 90(5), 2012).

Bland personer vars moderlinje dyker upp inom Sverige, så vitt känt, hör minst 1,4–1,5 % till T1a1 (Svenska Haplogruppdatabasen och Sverigeprojektet). Den verkliga andelen är högre (inom totalen av T1 som är 2,6–2,7 %), för tillhörighet till T1a1 framgår hos Family Tree DNA bara om man har gjort ett fullsekvenstest. Många har ännu bara gjort mtDNA-test på lägre nivåer.

På översikten på nästa sida syns en översikt över sambandet mellan konstaterade medlemmar av haplogrupp T1a1 i vårt projekt. De flesta syns som träffar till varandra, det vill säga har max tre skillnader inbördes. Undantaget är moderlinjen som i skriftliga källor är känd från Tofta i Skåne på 1700-talet (längst till höger i översikten); den har ännu inga träffar alls i träfflistan för fullsekvensjämförelse ("HVR1, HVR2, Coding Region"). Den grenen har nyligen på phylotree.org fått ett eget namn, T1a1e (beteckningen syns ännu inte på FTDNA).

Inom det kluster som syns som varandras träffar så finns det, ovanligt nog, en grupp av *hela 73 testtagare som har exakt samma fullsekvens*. Det innebär 0,16 % av samtliga hittills 45 689 fullsekvenstestade personer hos Family Tree DNA. Efter äldsta kända ursprungsland på moderlinjen fördelar de sig så här:

Land	testade... av landtotal = procentandel		
Belgien	1	113	(0,9 %)
Ukraina	4	521	(0,8 %)
Rumänien	1	152	(0,7 %)
Slovakien	1	157	(0,6 %)
Norge	5	917	0,5 %
Storbritannien	7	1 684	0,4 %
Sverige	4	1 097	0,4 %
Schweiz	1	299	(0,3 %)
USA	3	1 178	0,3 %
England	9	3 870	0,2 %
Polen	2	1 181	0,2 %
Tyskland	8	3 290	0,2 %
Finland	1	1 263	0,1 %
Frankrike	1	1 001	0,1 %
Irland	2	2 784	0,1 %
Skottland	1	1 483	0,1 %

Parenteser markerar små testantal, som medför skev statistik.

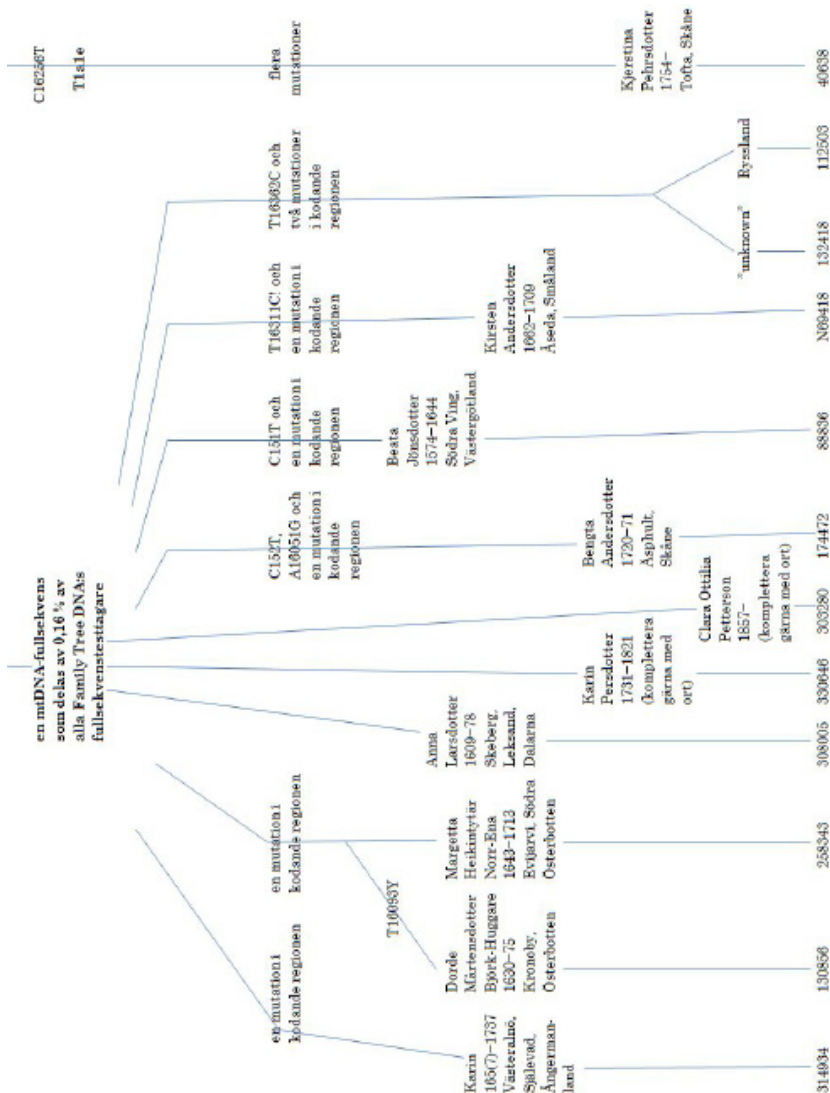
→

Att så många personer är varandras perfekta träffar betyder att deras mtDNA varit oförändrat mycket länge. En samverkande faktor kan vara att modersläktgrenen eventuellt är ovanligt talrik.

När träffresultatet ser ut så här får man tänka på att eventuella nära släktingar kan dölja sig inte bara bland de många perfekta träffarna utan även bland de träffar som har någon eller några få skillnader. Även om någon mutation nu inte har inträffat på länge på linjen fram till en själv, så kan det ju ha hänt inom de senaste generationerna på en annan gren av ens modersläkt.

Ni som hör till T1a1, hör gärna av er till någon av oss projektadministratörer om ni par- eller gruppvis lyckas identifiera gemensamma anmodrar inom historisk tid eller får fram något annat av intresse, så följer vi upp det här i nyhetsbladet.

Magnus Bäckmark



Y-DNA, BigY och sedan Yfull

Test av den manliga Y-kromosomen är ett bra sätt att få en uppfattning om sin faderslinje, alltså vilket ursprung farfars farfars farfars far... hade. Y-kromosomen bevaras i stort sett oförändrad från generation till generation men små förändringar sker och de kan användas till att spåra ursprunget. De män som alla har en viss förändring kan också ha en gemensam anfader.

Det finns flera Y-tester, vissa ger ledtrådar och antydningar medan andra ger ett mer exakt svar.

STR-tester

De flesta börjar DNA-utforskandet av sin faderslinje, sitt Y-DNA, med ett STR-test. Det är de tester som FamilyTreeDNA kallar t.ex. Y-DNA37 eller Y-DNA-67. Med dessa grundläggande tester som bara kan tas på män får man en uppfattning om sin haplogrupp, dvs ursprunget på fädernet något eller några tusen år tillbaka. Man får också ofta många matchningar med andra testade som kan ge ledtrådar till närmare släktskap.

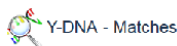
Problemet med dessa tester är att slumpen kan ställa till det. Två personer kan råka få samma förändring utan att vara så nära släkt som man kunde tro. Likheten kan bero på slump. Det gäller att se upp och ta resultaten med en nypa salt.

BigY

De matchningar man får med ett STR-test som Y-DNA67 är alltså inte så säkra och haplogrupsinformationen kan vara grov. Därför är nästa steg att göra BigY-testet. BigY bygger på helt annan teknik. Där STR-tester visar markörer som kan vara nyckfulla ger BigY SNPPer som är mycket stabila.

En SNP är en mutation, dvs ett stavfel i den genetiska koden. Har det väl blivit en mutation så kommer den att följa med i generation efter generation och aldrig försvinna. De män som har en viss SNP har därmed också samma anfader (han som först fick mutationen) och genom att matcha personer med liknande uppsättning SNPPer kan man pussla ihop ett sorts släkträd.

BigY är en analys av större delen av Y-kromosomen och den ger som resultat SNPPer som är kända sedan tidigare. De är katalogiserade och har fått namn och finns inplacerade i de officiella haplogruppsträden, tex det från ISOGG. Men man får också en lista på alla de hittills okända SNPerna som testpersonen har och de kan matchas med andra nya BigY-testers listor. Hittar man samma SNP hos två personer så kan man dra slutsatsen att de är släkt och SNPn är då inte längre ny och okänd.



FILTER MATCHES			
Show Matched For:	The Entire Database	For:	U/
Last Name Surname:		(Optional) New Stock:	Roll
07 MARKERS - 7 MATCHES			
Genetic Distance	Name	Match	More Details
5	...	Y-DNA111 I	
5	...	Y-DNA411	
6	...	Y-DNA111 FF	
6	...	Y-DNA111 FF	
7	...	Y-DNA27 FF	
7	...	Y-DNA111	
7	...	Y-DNA67 FF	

Matchlista för Y-DNA67 STR-test.

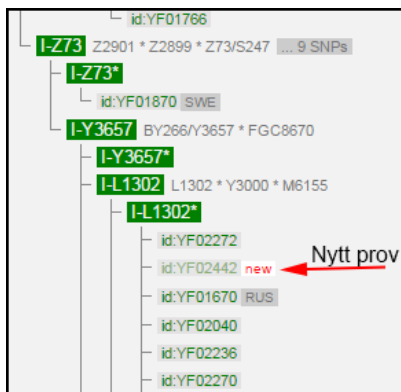
Med BigY säkerställs alltså den exakta platsen i haplogruppträdet och man bidrar också till att trädet utforskas och växer. Ditt BigY-test kan matchas med andras tester så att nya grenar och kvistar kan hittas.

Den matchningen gör inte FamilyTreeDNA. De litar till att det finns haplogrupsprojekt som ställer samman de gemensamma resultaten och det är här Yfull kommer in.

Yfull

Yfull är en helt fristående tjänst för analys av BigY-data.

Med Yfull får man en mycket djupare analys av de data som BigY har producerat. Yfull hittar sådant som sällats bort av FamilyTreeDNA men ändå är av värde och Yfull ger bonusinformation:



Yfull Experimental Tree.

- Du får förutom SNPer många fler STR-markörer än du någonsin kan få med ett vanligt STR-test hos FamilyTreeDNA. Det kan finnas luckor, men oftast får man runt 400st och det ger en mycket säkrare STR-matchning och släktskapsbedömning än om man bara har 37, 67 eller som allra mest 111.
- Du får mtDNA-haplogrupp. Om du inte redan gjort ett mtDNA-test så får du nästan samma grundinformaton med BigY och Yfull. Resultatet blir inte riktigt lika exakt och du får inte någon lista med matchningar men mtDNA-haplogruppen finns faktiskt där på köpet.
- Du blir inplacerad i Yfulls experimentträd som du kan bläddra i här: <http://yfull.com/tree/>.

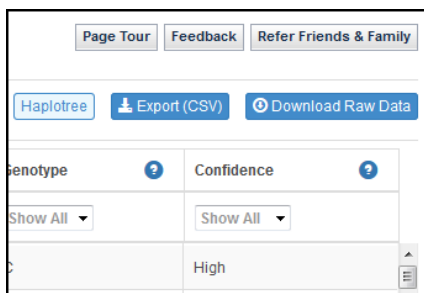
Trädet uppdateras och förändras ofta. Gå tillbaka till trädet då och då och kolla om något hänt med ditt prov. Rätt vad det är kan du ha fått en ny granne.

Yfull-analysen kostar \$49 (c:a 350kr) men är faktiskt nödvändigt för att BigY-testet skall komma till sin rätt. Projektadministratörerna behöver Yfull för att kunna utvärdera ditt BigY-test.

Hur skickar man sitt BigY till Yfull?

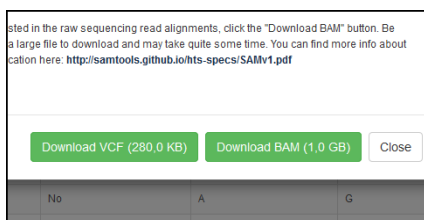
När ditt BigY-resultat är klart så skickar du först ett email till helpdesk@familytreedna.com med ungefär följande text: "I request the BAM file for my kit number xxxxxx". Då görs den stora datafilen, BAM-filen, i ordning till dig. Den är verkligen stor, runt 1 GigaByte och det tar ett par dagar innan den är klar.

När du tycker den bör vara färdig loggar du in på ditt FamilyTreeDNA-konto. Då hittar du en knapp på din BigY-sida (uppe till höger) "Download Raw Data".



Download Raw Data – finns på BigY-sidan.

Klicka på den så skall där finnas ett nytt alternativ ”Download BAM”. Finns den inte där så är filen inte färdig men tar det många dagar eller veckor så är det nog något fel.



Download BAM.

Hämta BAM-filen till din dator. Det kan ta en lång stund att hämta hem den stora filen om du inte har så snabbt internet. När filen finns på din dator går du till Yfull.com, klickar ”Order now” nertill på sidan.

order now

Vill du dela med dig av ditt exempel i Sverigeprojektnyheter?
Har du någon artikel, notis eller tips att publicera?

Kontakta någon av administratörerna.
Det här numret redigerades av
Magnus Bäckmark (magnus.baeckmark@swipnet.se).

Fyll i formuläret

About me
E-mail: <input type="text"/>
Name: <input type="text"/>

NextGen Seq raw data file type
<input type="radio"/> .BAM file <input type="radio"/> .FASTQ files

Testing company
<input type="radio"/> FTDNA "Big Y" <input type="radio"/> Full Genomes Inc. <input type="radio"/> BGI

Source of raw data file (.BAM or .FASTQ)
<input type="radio"/> Upload .BAM file from my computer (*)
<input type="radio"/> Link to a sharing file (for example, Dropbox or Google Drive etc.)

(*) We will send a special link by email. This link will be created to upload only your .BAM broken after 5 days. File name must including only alphanumeric latin characters (number)

Nytt konto hos Yfull.

- **E-mail** och **Name**, dina kontaktuppgifter
- **NextGen Seq raw data file type** – välj .BAM file
- **Testing company** – välj FTDNA (FamilyTreeDNA)
- **Source of raw data file** – här finns två alternativ
 - 1) *Upload .BAM file from my computer* – du får en länk från Yfull som du kan använda för att ladda upp din BAM-fil.
 - 2) *Link to a sharing file* – du laddar upp filen själv till t.ex. Google Docs eller Dropbox, delar den och skickar länken till Yfull. De tar hand om att din hämta fil.

Om detta inte fungerar för dig så fråga din projektadministratör om råd.

Vad händer sen?

När du skickat filen eller en länk till den får du efter en stund en bekräftelse på att den tagits emot. Då får du också ditt Yfull-nummer och lösenordet till kontot. Några dagar senare dyker ditt prov upp i experimentträdet men det tar minst en månad innan analysen är klar. Det är först då som du får en uppmaning att betala \$49.

Logga in med din epostadress och lösenordet som du fick efter att du beställt och betala.

När du betalat och fått tillgång till dina data på Yfull skall du gå med i en grupp. Grupperna finns under menyvalet "Groups" när du är inloggad. Välj i första hand den som ditt FTDNA-projekt rekommenderar. Det är ofta samma personer som håller i grupperna hos Yfull som sköter om projekten hos FamilyTreeDNA. Med en Yfull-grupp får de bra grepp om detaljerna i ditt BigY och kan använda det till att bygga ett så exakt gemensamt haplogruppsträd som möjligt.

BigY är ett ganska nytt test, det har bara funnits sedan senhösten 2013. Detta betyder att om man har otur kan det vara rätt långt släktskapsavstånd till närmaste grannen. Men misströsta inte. Antalet testade växer snabbt och förr eller senare finns det flera i din närhet.

Jakob Norstedt-Moberg

Ny kunskap om tiden när jordbrukare mötte jägare-samlare

För omkring 6 000 år sedan började jordbruket att nå Skandinavien. Det nya levnadssättet hade stegvis spridit sig över Europa via Balkan och Medelhavsområdet från Främre Orienten, där det uppstått för minst 10 000 år sedan.

Det landskap som hyste den första betande boskapen och de första primitiva odlingarna var givetvis rätt olik dagens. Gynnsamt för jordbrukets landvinningar var att klimatet var varmare än idag. Ek, lind och alm växte långt upp i Norrland. Östersjön hade fått sin vattenförbindelse med Västerhavet, men dagens Södermanland och Uppland var en skärgård och en bred remsa av norrlandskusten låg under vatten.

Hur gick det egentligen till när jordbruket spreds? Rörde det sig om idé-spridning eller var det människor som flyttade och gradvis tog nya områden i besittning? DNA-analyser har internationellt gett viktiga ledtrådar. I april publicerades en undersökning som ger några belägg vad gäller det nuvarande Sverige: Pontus Skoglund et al., GENOMIC DIVERSITY AND ADMIXTURE DIFFERS FOR STONE-AGE SCANDINAVIAN FORAGERS AND FARMERS, i *Science*, vol. 344, nr 6185.

Studien omfattar lämningar av dels sex människor på Gotland tillhörande den så kallade gropkeramiska kulturen, vilken förknippas med jägande-samlande, dels fyra i Gökhem i Västergötland påträffade medlemmar av trattbägarkulturen, som var en jordbrukskultur. I DNA från lämningarna syns inte om människorna var jägare-samlare eller jordbrukare, men den arkeologiska kontexten på utgrävningssplatsen ger indikationer åt endera hållet, med varierande säkerhet.

Det man funnit är de undersökta förmodade jägarna-samlarna hade en betydligt lägre genetisk diversitet (DNA-variation sinsemellan) än representanterna av förmodade jordbrukare. Det tyder på att de förstnämnda var relativt få till antalet. Möjligen är fyndplatsen Gotlands isolering en delförklaring. Jägarna-samlarna var också rätt olika jordbrukarna. Ett mått på genetisk differentiering är Wright's Fixation Index. Mellan de båda undersökta grupperna hamnade det indextalet på $0,057 \pm 0,017$, vilket kan jämföras med att det mellan de nu levande referensgrupperna i Italien respektive Finland i 1000 Genomes-projektet är $0,013 \pm 0,00059$. En jordbrukare under bondestenåldern inom nuvarande Sverige synes alltså ha varit betydligt mer DNA-mässigt olik en samtida jägare-samlare där än italienare idag är gentemot finnar enligt någon sorts genomsnitt (man får vara medveten om att jämförelsen inte kan vara annat än grovhuggen, men den ger ändå en viss indikation).

Jämfört med nutida referensgrupper, så placerade sig en representant av jägar-samlargruppen (Ajvide58) närmast en nutida referensgrupp från dagens Litauen, medan jordbrukargruppens representant (Gökhem2) synes närmast nu levande sardinier och har betydande likhet mot de människor som idag finns i Sydeuropa och Främre Orienten. (Att bara de bådas DNA använts sammanhänger att minst grad av uppskattad kontamination uppnåddes i de båda proverna.)



Utgrävningssplats i Ajvide.

Foto: Inger Österholm.



Mannen från grav 58 i Ajvide (Ajvide58).



I grav 52 i Ajvide ligger två barn. Till höger syns den ca 7 år gamla pojke vars DNA har analyserats. Han har lagts i graven med fötterna placerade på axlarna till barnet till vänster som var ca 2 år gammalt vid sin död.

De båda olika levnadssätten samexisterade i Norden i mer än tusen år, mer än 40 generationer. Ändå finns inga DNA-signaler i jägarna-samlarna som tyder på nämnvärt inslag av DNA från de inflyttande jordbrukarna. Däremot finns belägg på det omvända, nämligen att jägare-samlare förefaller ha tagits upp successivt i jordbrukarsamhällena.

Studien omfattar också en elfte individ, som är mycket äldre än de andra som har undersökts. Han har hittats i Stora Förvar på Gotland och är ca 7 250 till 7 500 år gammal. Den individen är DNA-mässigt relativt närstående dels de över 2 000 år yngre jägarna-samlarna från samma ö men även en omkring 7 000 år gammal jägare-samlare som påträffats 2006 i La Braña i norra Spanien

(Iñigo Olalde et al., DERIVED IMMUNE AND ANCESTRAL PIGMENTATION ALLELES IN A 7,000-YEAR-OLD MESOLITHIC EUROPEAN, i Nature 507, 2014). Den sistnämnda studien rönte uppmärksamhet tidigare i år, eftersom La Braña-mannen visat sig ha den ursprungligare varianten av genen SLC24A5 som är involverad i hudpigmentering. Detsamma gäller för Ajvide58. Gökhem2



Förslag på hur mannen från La Braña kan ha sett ut.

– liksom så gott som alla som idag har sina rötter i Europa och många i södra Asien (till exempel Indien) – har den yngre varianten, som medför ljusare hy. Gamla skolbäckers illustrationer av jägarstenålderns människor i Norden och Europa såsom ljushyade kan alltså vara en felaktig bild.

Vidare kan nämnas att mannen från Stora Förvar inringats tillhöra Y-DNA-haplogrupp I2a1 (I-P37.2). Det är en gren på mänsklighetens fädernesläktträd som för närvarande 0,5–0,7 % av män med fädernelinje som så vitt känt dyker upp i Sverige konstaterats tillhöra. Fler inom I2 har dock inte gått in för närmare SNP-testning ännu, så andelen är i själva verket högre, ovisst hur mycket inom I2-totalandelen, som är 3,5 % (Sverigeprojektet och Svenska Haplogruppdata-basen). MtDNA-haplogrupp har fastställts för alla individer i studien:

	Datering (år före nutid)	Kön (M/K)	Uppnådd levnadsålder	mtDNA- haplogrupp
Jägare-samlare				
StoraFörvar11	7 500–7 250	M	vuxen	U5a1
Ajvide52	4 900–4 600	M	7	V
Ajvide53	4 900–4 600	K	ca 60	U4d
Ajvide58	4 900–4 600	M	50–60	U4d
Ajvide59	4 900–4 600	M	25–35	U
Ajvide70	4 900–4 600	M	20–25	U4d
Ire8	5 100–4 150	M	40–50	U4d
Jordbrukare				
Gökhem2	5 050–4 750	K	20–30	H1c
Gökhem4	5 280–4 890	M	20	H
Gökhem5	5 050–4 750	K	20–40	K1e
Gökhem7	5 050–4 750	K	20–40	H24

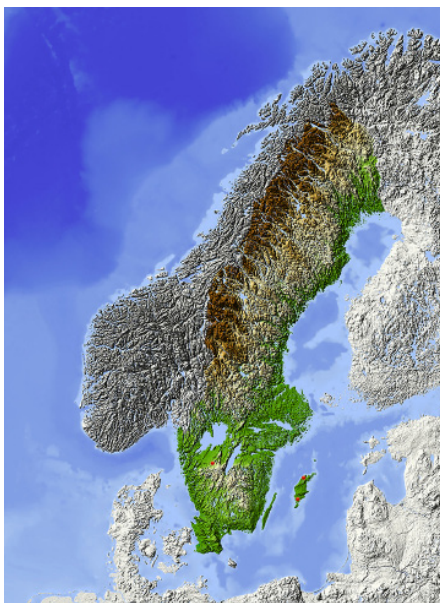
Från tidigare gjorda analyser av stenålderslämningar runtom i Europa är indikerat att mtDNA-haplogrupp U med undergrupper dominerat bland jägare-samlare och att K varit vanligare bland jordbrukare, men båda mtDNA-haplogrupperna förekommer under stenåldern i Europa inom båda samhällsformerna. H är inom Europa hittills bara känd från jordbrukare (Qiaomei Fu et al., COMPLETE MITOCHONDRIAL GENOMES REVEAL NEOLITHIC EXPANTION INTO EUROPE, i PLOS ONE 2013-03-13). V förefaller inte ha påträffats i jägare-samlare-sammanhang tidigare – och bland övriga mtDNA-haplogrupper hör även HV, N, U3 och W till dem som associeras med jordbrukets utbredning, medan J, T och U5a påträffas inom båda samhällsformerna samt U4 och U5b bland jägare-samlare (Oleg Balanovsky et al., ANCIENT DNA FROM EUROPEAN EARLY NEOLITHIC FARMERS REVEALS THEIR NEAR EASTERN AFFINITIES, i PLoS Biology 8(11), 2010).

Atlasprojektet

Sverige kommer att ligga i framkant vad gäller arkeogenetiska undersökningar under de närmaste åren. Omfattande forskningsstöd har nämligen beviljats till forskningsprogrammet "Atlas över förhistoriska människors genom i Sverige" som är ett samarbete mellan Mattias Jakobsson vid Institutionen för ekologi och genetik, Uppsala universitet, Anders Götherström vid Arkeologiska forskningslaboratoriet, Stockholms universitet, och Jan Storå vid Osteoarkeologiska forskningslaboratoriet, Stockholms universitet.

Om sex år är förhoppningen att genetisk information finns om närmare 400 förhistoriska individer i Sverige från tiden då isen smälte bort och framåt, med hela genom för 25 av dem. Genetisk information i kombination med arkeologisk och osteologisk information, datering och isotopinformation sammanställs.

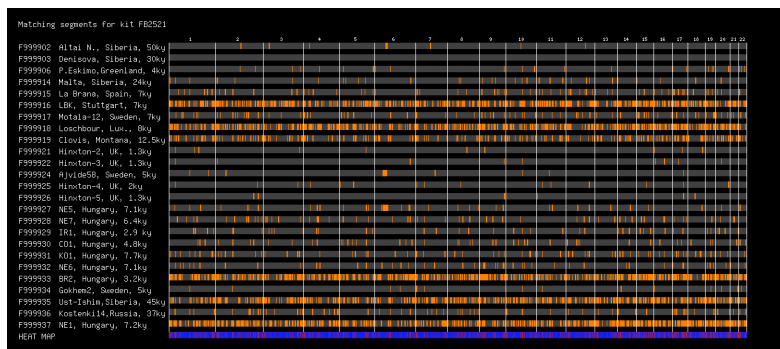
– Med hjälp av dessa data och nya populationsgenetiska verktyg kommer vi att kunna beskriva Skandinavien demografiska förhistoria på ett helt revolutionerande sätt, citeras Mattias Jakobsson på Uppsala universitets webbplats.



Forskningsresultaten från Atlasprojektet kommer att vara tillgängliga på www.theatlas.se. Redan nu kan man gå in och klicka på de röda knappårlarna på kartan och läsa om fynd från Gökhem, Ire och Ajvide.

Magnus Bäckmark

Vilka förhistoriska människor har du DNA-likheter emot?



Bilden visar vilka segment (markerade med orange färg) som är gemensamma i mitt autosomala DNA med 25 olika förhistoriska individer. Tröskelvärdet här är satt till 1 cM<. När jag ändrar till 4 cM< kvarstår i mitt fall bara tre segment, ett vardera gentemot stenåldersmänniskor påträffade i Ungern och Tyskland. Individernas ålder är angiven i tusentals år (kilo years, ky).

På GEDmatch har nyligen 25 olika DNA-uppsättningar från förhistoriska människor tillgängliggjorts för individuell jämförelse med hjälp programmeraren Felix Chandrakumar i Adelaide, Australien.

När du har loggat in, välj **Archaic DNA matches**. Man jämför egen uppladdad rådata mot de 25 förhistoriska genomen på en och samma gång. Tröskelvärdet för visade gemensamma segment kan ändras från 0,5 cM till 10 cM. I resultatbilden ser du GEDmatch-kitnumren till de förhistoriska proven. Dem kan du använda vid jämförelse en-mot-en också, för att ta reda på över vilka positioner som eventuella gemensamma segment sträcker sig. En känd bugg är att träffbilderna ofta är likadan oavsett hur man ändrar tröskelvärdet. Buggen åtgärdas genom att ladda om sidan (genom att trycka antingen på den cirkelrunda pilen bredvid url-raden i din webbläsare eller på F5 på tangentbordet).

Till GEDmatch (www.gedmatch.com) kan man ladda upp sin rådatafil för fler sorts jämförelser än vad som är tillgängliga på Family Tree DNA. Uppladdningen kostar inget, men en möjlig nackdel ur integritetssynpunkt är att sajten är helt öppen: dina träffpersoner ser ditt GEDmatch-kitnummer och kan använda det för olika jämförelser lika enkelt som du själv kan. Din meddelade e-postadress syns också i träfflistan. Den är den enda ledtråden till vilken individ som rådatan tillhör. Det här är bra att vara medveten om. Skulle man inte vilja ge någon ledtråd till vem rådatan tillhör, så är alltså det bästa att i så fall använda en anonymiserad e-postadress.

**[GED
match]**

Den autosomala DNA-jämförelsen mellan förhistoriska människor och nu levande människor visar att den slump som styr hur DNA ärvs ibland fått effekten att båda individerna råkar ha något oväntat långt segment gemensamt sinsemellan. DNA-slumpen har i så fall varit så gynnsam att spår från personernas inbördes släktskap finns kvar trots det långa tidsavståndet. Gemensamma segment på över 5 cm är inte helt ovanliga hos nu levande människor gentemot några få av de förhistoriska proven. I extremfallen är något enstaka sådant segment så stort som drygt 10 cM. Det är då i regel bara den biten som är gemensam (och inga andra småbitar därutöver).

Det här framgår av att Chandrakumar har överfört de förhistoriska provernas rådata till GEDmatch och till Family Finder.

Ett segment som seglat ned oförändrat genom väldigt många generationer, om några fler småsegment också finns gemensamt, upphov till att släktskapet syns i Family Finder (uppskattning mot nu levande personer i de här fallen då *sexmänning till avlägsen släkting*, "5th Cousin – Remote Cousin"). GEDmatch ger det uppskattade avståndet "5.1" generationer och uppåt till senaste gemensamma ana. Även mannen från Ust'-Ishim (se rutan ovan) har olika segment på något över 10 cM som en handfull nu levande personer råkar ha kvar. Det exceptionella rekordet för längsta gemensamma segment mot en nu levande person (om nu datan är korrekt!) har "NE1" från en 7 200 år gammal fyndplats i Polgár-Ferenci-hát i Ungern: 29,2 cM.

Family Finder-användare vet ju att personer som uppskattas vara avlägsna släktingar ("4th/5th Cousins – Remote Cousins") kan vara just avlägsna – samtidigt som de också kan vara omkring fem- eller sexmänningar till en själv. Jämförelsen mot förhistoriska DNA-uppsättningar gör att man får upp ögonen för möjligheten att "avlägset" faktiskt kan betyda släktskap som spänner inte bara över medeltiden, utan i enstaka fall över många tusen år!

Magnus Bäckmark

Felix Chandrakumar: Felix Thought Logs,
<http://www.fc.id.au/2014/11/ust-ishim-ancient-dna-has-matches-with.html> (2014-11-20),
<http://www.fc.id.au/2014/11/ancient-hungarian-neolithic-ne1-dna.html> (2014-11-25).



År 2008 hittades det här lårbenet vid floden Irtyshs strand i Ust'-Ishim i Sibirien. Det daterades med kol-14-metoden vara ca 45 000 år gammalt. Ett forskarlag lett av Svante Pääbo vid Max Planck-institutet i Leipzig har sekvenserat genom, som är det för närvarande äldsta för en modern människa utanför Afrika och Mellanöstern. Det har visat sig att mannen från Ust'-Ishim hade neanderthalpåbrå, som beräknas bero på en blandning med neanderthalare 7 000–13 000 år före hans livstid. Det indikerar att kontakterna med neanderthalmänniskor bör ha inträffat rätt snart efter den moderna människans expansion från Afrika och Mellanöstern.

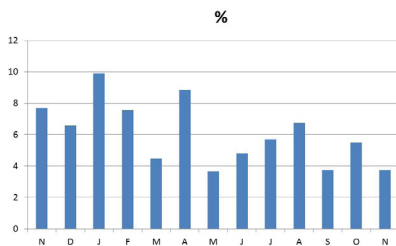
Max Planck-institutets webbplats (<http://www.mpg.de/8710423/genome-earliest-modern-human>), 2014-10-22.

www.lagranepoca.com

Hur många Family Finder-träffar är vanligt att ha?

Här baseras svaret på den frågan på vad personer har svarat på enkäter i facebookgruppen DNA-anor. Statistiken gäller alltså svenskspråkiga personer, vilka förstås har skiftande bakgrunder. Men siffrorna ger i varje fall en hint om vad man kan förvänta sig för antal träffar om man har många av sina rötter i Sverige.

Vid utgången av juni 2014 varierade antalet träffar mellan 107 och 863. Genomsnitt: 261. Vid utgången av november 2014: **mellan 120 och 1 079, i genomsnitt 331.** (Antalet enkätsvar har varierat mellan 26 och 168, i genomsnitt varit 97 per månad.)



Genomsnittlig ökning per månad av antal träffar.

Magnus Bäckmark

DNA- och kyrkoboksforskning i harmoni

När jag började släktforska för fem år sedan hade jag haft en sådan tur att ha fått ärva en gedigen släktforskning som gjorts av min morfars bror under flera årtionden. I den här omfattande forskningen fanns det mycket intressant, bland annat spår till ättlingar i USA. Min morfars pappa Herman hade fem syskon varav en bror, Sven Fredrik. Denne bror utvandrade till Amerika 1893, när han var 20 år. Yngre generationer i släkten har kompletterat forskningen och på vår familjs webbsida kan man läsa att denne mannen gifte sig i USA med en kvinna som också hon kom från samma socken i Skaraborg. Det här svenskättade paret fick fem barn.

I början av oktober fick jag en ny matchning på Family Finder med beräknat släktskap tremänning till femmänning ("2nd-4th cousin"). Denna Marsha hade inget träd upplagt men jag skickade iväg ett mail och fick då till svar att hennes pappa hette Brolin! Tack vare släktnamnet kunde vi snabbt hitta vår gemensamma koppling och med hjälp av den information som jag hade kunde jag hjälpa henne att komplettera hennes uppgifter. Vår exakta koppling är fyrmänning ("3rd cousin") och Family Finders beräkning av släktskapet stämde precis.

Tack vare DNA-testningen hittade jag enkelt mina amerikanska släktingar. Hade jag endast ägnat mig åt forskning i böcker och arkiv hade det inte varit lika enkelt. Nu har jag fått en ny gren på mitt familjetråd och snart kommer det att gå ett julkort över Atlanten med hälsningar från Sverige.

Maria Brolin



Svante Brolin (f.1847) och Anna-Stina Svensdotter (f. 1849). Föräldrarna till de två bröderna Herman och Sven Fredrik.

Hur jag hittade min fars sysling i USA

I min farmors låda med gamla fotografier hittade jag i slutet av 1990-talet detta foto och fick veta att det föreställde hennes morbror John Jacobsson som emigrerat från Ås socken i Jämtland till Amerika i början av 1900-talet. Jag blev nyfiken och började söka efter honom men det var omöjligt att hitta honom i Amerika. Så småningom reste hans yngsta syster till honom och henne hittade jag i Ellis Islands företeckning över invandrare, i dokumenten stod att hon skulle till sin bror John Jacobsson i Duluth, Minnesota – då kunde jag börja följa honom och hans liv i det nya landet. Jag hittade hans familj, fru och 4 barn och några barnbarn. Av någon anledning lade jag det här åt sidan.

Häromdagen när jag kollade mina matchningar på FTDNA såg jag ett namn som verkade bekant – Sharon Cooper, hon skulle vara "2nd-3rd cousin" och ha 235 cM gemensamt. När jag kollade i min släktdatabas hittar jag en kvinna med det namnet och hon är syssling till min pappa. Sharon hade inte lagt upp något släkträd så jag kunde inte få hjälp den vägen, jag skickade ett mail till henne med några frågor och efter bara några timmars väntan hade jag ett svar att det stämde – hennes morfar hette John Jacobsson och kom från Sverige.

Det var en obeskrivligt skön känsla att få veta att mina forskningsresultat stämde till 100 % och att FTDNA hade gjort rätt uppskattning när det gäller släktskapet, det gör att jag känner mig mer säker på de resultat som kommer fram där.

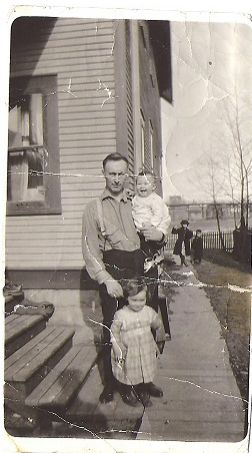
Eva Eklund

Vårt projekt växer

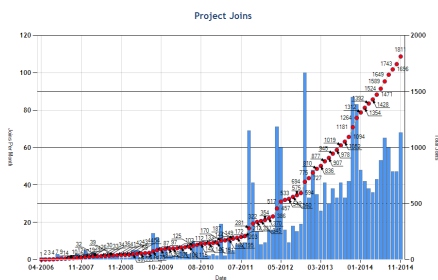
Per 2014-11-30 har vi 1 811 medlemmar, efter en ökning med 20 % på fem månader. Av dessa personer runt om i världen med någon anknytning till Sverige har 1 111 gjort Family Finder (+ 25 %) samt 1 146 Y-DNA (+ 19 %) och 1 096 mtDNA (+ 18 %) på någon av de nivåer som finns vad gäller de båda analyserna.

På ett år och två veckor, sedan 2013-11-17, har ökningen inom projektet vad gäller totala antalet projektmedlemmar varit + 59 %, testtagare av Family Finder + 87 %, av Y-DNA + 56 % och av mtDNA + 61 %.

Magnus Bäckmark



John Jacobsson och hans två döttrar.



Den tredje vanligaste 12-markörshaplotypen i Sverige

I SVERIGEPROJEKTNYHETER nr 1 och nr 2 undersöktes de 12-markörshaplotyper som är de två vanligaste bland vårt projekts medlemmar. Nu är det dags för den tredje vanligaste i vårt projekt. Statistiken visar att den samtidigt är den tredje vanligaste bland personer som uppger att deras äldste kände fädernestamfader levde inom nuvarande Sverige. Nedan används förkortningen ht 3 för haplotyp 3, den här haplotypen, som har värdena 13-22-15-10-13-14-11-14-11-12-11-28 (markörerna i FTDNA:s ordningsföljd).

De fyra markörerna (fetstilade) som är olika gentemot ht 1 och 2 är DYS390, där värdet är 22 i stället för 23, DYS319, där värdet är 15 i stället för 14 och dubbelmarkören DYS385. Den, som representeras av två värden, har 13-14 där ht 1 har 14-15 och ht 2 13-14. Den här sistnämnda markören är mer instabil än de två förstnämnda. Notabelt är att det bara var en skillnad mellan ht 1 och ht 2 – till ht 3 är det däremot från dem fyra respektive tre skillnader.

Man får ha klart för sig att en viss haplotyp inte uppträder inom bara en gren. Mutationsslumpen gör att vissa släktlinjer från granngrenar har fått värden som sammanfaller. Samma mutationsslump gör förstås också att en persons fädernelinje kan ha tillhört exempelvis ht 3 i flera tusen år, men en inträffad mutation i närtid på någon av de 12 markörerna gjort att släktlinjen därefter tillhör en grannhaplotyp i stället.

640 testtagare – 1,2 promille av FTDNA:s 516 767 Y-DNA-testtagare – har ht 3, varav 24 är medlemmar av Sverigeprojektet. Fädernelinjer dyker så vitt känt upp i följande länder:

Norge 2 %	England 0,4 %	Skottland 0,1 %
Sverige: 49 av 2 702 testtagare eller 1,8 % av personer med uppgiven fädernelinje från Sverige	Nederländerna 0,4 %	Tjeckien (0,1 %)
Wales 0,7 %	Storbritannien 0,3 %	Ungern 0,1 %
Finland 0,6 %	Tyskland 0,3 %	USA (0,1 %)
Kanada (0,5 %)	Ryssland 0,2 %	Parenteser ovan markerar testantal under 1 000, vilket leder till mindre säker statistik. Ännu alltför litet underlag finns vad gäller Jamaica (1 av 60) och Kuba (1 av 79).
Belgien (0,4 %)	Schweiz 0,2 %	
	Danmark 0,1 %	
	Frankrike 0,1 %	
	Irland 0,1 %	
	Litauen 0,1 %	
	Polen 0,1 %	

Släkter inom I-Z60 (I1a2a1) med den här haplotypen

61 testade män tillhörande en släkt **Hull** bär ht 3. Namnet är vanligt, så Hullkluster med helt andra Y-kromosomer finns också, men bland de testade som har det här efternamnet är den här släkten den dominerande. Namnet kan i de olika släkternas fall vara avlett från en rad olika ortnamn Hull i England med betydelsen hill, 'kulle', men även av mansnamnet Hulle, en smeknamnsform av det normandiska namnet Hugh/Hugo. I Normandie var det vanligt med personnamn med germanska rötter men förfranskat uttal, som det här. Namnet innehåller ett ord, på fornsaxiska *hugi*, på fornhögtyska *hugu*, besläktat med vårt håg och med betydelsen 'sinne (glädje), mod, håg'. Ungefär hälften av de 61 testtagarna härstammar enligt skriftliga källor via tidiga emigranter till Massachusetts (på 1620-/1630-talen) från två olika söner till Richard Hull som bodde

→

i staden Crewkerne i Somerset i sydvästra England. Hans testamente uppgjordes 1599. För nio släktgrenar Hull i USA som inte kan följa sin fädernelinje längre tillbaka än 1700- eller 1800-talet har DNA-test visat att de också hör till den här slakten.

Relativt nära besläktade med Hulls är dels åtta personer som heter **Seamans**, **Seamands**, **Simmons**, varav flera har i skriftliga källor känd härstamning från antingen William Seamans († 1820) eller Joseph Seaman(d)s/Seamons (1683–1730), Richmond county, Virginia (DNA-testningen har

visat att det rör sig om en och samma släkt, inom vilken stavningsvarianter av namnet uppkommit), dels tre personer som heter **Gibson**. Dessa tre kan följa sina släktlinjer tillbaka till David Gibson (ca 1842–1910) i Clay county, Kentucky, John Gibson (1795–1879) respektive Henry Gibson (1563–). Testtagaren som härstammar från sistnämnde person har testat positivt för SNP:n CTS1679, vilket gör att man kan förmoda att även släkterna Hull och Seamans finns i varje fall inom haplogrupp I-Z60 (I1a2a1), som nämnda SNP finns inom.

Inom I-L1302 (I1a2a1b1)

Släktnamnet **Norstedt** antogs av Christoffer Larsson Norstedt (1672–1755), som var fjärde generationens bergsman på gården Höjen utanför Falun. Genom att fyra ättlingar till två olika av hans söner har gjort Y-DNA-test är hans Y-DNA-profil inringad på de flesta markörer. På den tredje markören har den yngre släktgrenen värdet 16 (i stället för 15) och av de två testtagarna på den äldre har den ena det individuellt avvikande värdet 27 (i stället för 28) på den sista markören av de tolv, så det blir bara en (324479) av de fyra testtagarna som bär ht 3 och det är tills vidare osäkert om släktlinjen ursprungligen haft den eller den närliggande 12-markörshaplotypen med värdet 16 på tredje markören. Genom SNP-test av båda släktgrenarna är visat att slakten Norstedt hur som helst hör till haplogrupp I-L1302 (I1a2a1b1).



Karta från 1655 med Höjen ("Höge(n)") ovan till i bildutsnittets mitt, från Jakob Norstedt-Mobergs hemsida <http://hoijen.se/category/dnaresultat/>.

→



Staden Crewkerne, där Richard Hull levde i slutet av 1500-talet, hade växt upp under senmedeltiden runt textilnäringsen. Fotot som visar hur torget ser ut idag är hämtad från stadens webbplats.



Furstliga ätten Vorontsovs vapen.

En **Vorontsov** och en **Vorontsov-Veliaminov** har ht 3 (och därtill en **Vorontsov-Velyaminov** en närliggande 12-markörshaplotyp med en skillnad från dessa två). De härstammar enligt traditionen från en högättad nordman som verkade i Kievriket, där han beläggs ha deltagit i en strid 1068. I en 1200-talshandskrift omnämns han ha varit brorson till "Jakun" som deltog i slaget vid Listven 1024 men ha förvisats av denne efter sin fars död. I det nya språkområdet kallades han Šimon Afrikanovich. Det har föreslagits att hans nordiska namn bör ha varit Sigmundur och att han kan ha varit son till en i skriftliga källor obelagd

bror (Afreki?) till Håkon Eriksson av ladejarlarnas ätt. Jarl Håkon var Norges regent under danskt styre till sin död 1029.

Några av vårt projekts medlemmar har någon eller några av de här tre testtagarna synliga också i sin 37-markörersträfflista, i så fall med fyra skillnader till dem; med andra ord syns de nätt och jämnt i träfflistan på den nivån.

SNP:n BY126 hittade medlem av vårt projekt i dels sitt Big Y-resultat, dels Vorontsovs. Efter inrapportering till ISOGG upptogs BY126 i år som en ny undergrupp (I1a2a1b1b) under L1302. Hittills är det utöver Vorontsov tre västerbottningar och två ångermanlänningar som har testat positivt för den, alla via Big Y (men den är testbar med enskilt SNP-test hos FTDNA också). För grupperna L1302 och L1301 har under året varsitt projekt startats upp som nog kommer att ge mycket intressant framöver. Mer information, se www.familytreedna.com/groups/i1-11302 respektive -11301.

Inom I-M227 (I1a1a)

Ht 3 bärs också av av nio av elva testade fäderneättlingar till John **Littlechild** († 1551), Essex, England. De resterande två har helt närliggande haplotyper, med varsin skillnad gentemot sina släktingar på de tolv markörerna. En av de nämnda två släktmedlemmarna har genom SNP-test visat att slakten hör till haplogrupp I-M227 (I1a1a).

Haplotypens förekomst inom olika haplogrupper

Haplotypen synes huvudsakligen finnas inom I-DF29/S438 (I1a) med undergrupper. Dess fadergrupp I-M253 (I1) anses ha avgrenat sig för 4 000–5 000 år sedan i Europa, möjligen i nuvarande Danmark (se den engelskspråkiga Wikipedia-artikeln om I-M253 med där angivna källor). I1a bör inte vara mycket yngre än så. Inom ht 3:s bärargrupp observeras personer som tillhör *olika* undergrupper under I1a men ändå syns som varandras träffar på 37-markörersnivån, som närmast med tre skillnader från varandra.

→

Tack vare dem som hittills gjort noggrannare testning framgår att haplogrupp I-Z60 (I1a2a1) med undergrupper verkar ha en särskilt hög frekvens av ht 3-personer. Jämför uppställningen nedan. Land är uppgivet äldsta kända ursprungsland för aktuell fädernelinje. Översikten visar samtidigt hur medlemmar med ht 3 ligger till med SNP-testning.

Notera att kunskapen om den här delen av trädet förbättras ständigt. FTDNA använder SNP'n CTS743, till skillnad från ISOGG och Yfull. CTS743 och CTS1679 anses fylogenetiskt ekvivalenta med Z73. De som hos FTDNA för närvarande har etiketten I-CTS743 återfinns därför nedan under I-Z73.

