

Arkeologiset eläinluuaineistot ja muinais-DNA – näytteistä populaatiotutkimukseen

Auli Tourunen ^{1,2} & Marianna Niemi¹

1) *Maa- ja elintarviketalouden tutkimuskeskus, 31600 Jokioinen*

2) *Turun yliopisto, Arkeologian oppiaine, 20014 Turun yliopisto*

Johdanto

Arkeologisista löydöistä eristetyin DNA:n tutkimus on yleistynyt viime vuosina (mm. Loreille ym. 2001; Edwards ym. 2007; Green ym. 2010). Muinais-DNA-tutkimus avaa uusia näkökulmia vanhoihin aineistoihin luomalla uudentyyppistä arkeologista dataa. Tämän tiedon avulla pystytään vastaamaan tutkimuskysymyksiin, jotka olivat aikaisempien menetelmien saavuttamattomissa. Tässä artikkelissa tarkastellaan, mitä mahdollisuuksia arkeologian ja DNA-tutkimuksen yhdistäminen antaa karjatalouden varhaisvaiheiden tutkimiselle Suomessa sekä pohditaan näytteiden valitsemisen käytännön aspekteja.

Kirjoittajat työskentelevät FinnARCH-projektissa, joka on Suomen Akatemian rahoittama, Maa- ja elintarviketalouden tutkimuskeskuksen (MTT) ja Turun yliopiston yhteinen nelivuotinen projekti. Projektin tavoitteena on tutkia varhaisten lammas- ja nautapopulaatioiden geneettistä vaihtelua Suomessa sekä lampaiden ja nautojen historiaa. Materiaalina tutkimuksessa käytetään arkeologisista orgaanisista löydöistä, kuten luusta, eristettyä DNA:ta. Yhdistämällä muinais-DNA:sta ja arkeologisista löydöistä saatavaa tietoa pyritään luomaan monitieteellinen kuva karjanhoidon varhaisvaiheista Suomessa.

Näytteiden valitsemisesta DNA-tutkimusta varten

Arkeolgisin näytteen huolellinen valitseminen on tärkeä osa muinais-DNA-tutkimusta ja sen onnistumista, koska näytteestä saatavan informaation on pystyttävä vastaamaan sille esitettyyn tutkimuskysymykseen. Toisin sanoen, on tärkeää tuntea tutkimuskohteen asema kulttuurisessa verkostossa mahdollisimman tarkasti, jotta siitä saatavan tiedon merkitystä pystytään arvioimaan – esimerkiksi miten todennäköisesti tutkittava näyte on peräisin paikallisesti kasvatetusta eläimestä tai tuontiyksilöstä. Näytteiden valinta voidaan nähdä kolmiportaisena systeeminä, jossa ensiksi valitaan maantieteellisesti, ajallisesti ja kulttuurisesti relevantit arkeologiset kohteet, sen jälkeen selvitetään sopivien näytteiden (esimerkiksi tutkittavien lajien) olemassaolo ja lopuksi arvioidaan DNA:n säilymisen potentiaali.

Koska FinnARCH-hankkeen tarkoituksena on tutkia kotieläinten historiaa Suomessa mahdollisimman laajasti, maantieteellisesti kiinnostava alue on siis käytännössä koko Suomi ja sen lähialueet. Pääpaino näytteissä on eteläisessä Suomessa ja erityisesti Lounais-Suomessa, mikä johtuu hyvälaatuisen ja monipuolisen materiaalin runsaudesta tällä

alueella. Koska tutkimuksen tavoitteena on luoda yleiskuva lampaiden ja nautojen populaatiohistoriasta, valittujen kohteiden tyypille ei asetettu rajoituksia. Materiaali sisältää siis kalmistoja ja asuinpaikkoja, maaseutu- ja kaupunkikohteita, luostareita ja pappiloita. Ajallisesti materiaali rajattiin niin, että nuorimmat näytteet ovat 1700-luvulta. Kontekstien ja kulttuurikerrosten ohuus ja myös sekoittuneisuus Suomessa aiheuttaa sen, että lähes kaikista tutkittavista luista pitää varmistaa, että luut todella kuuluvat oletettuun aikakauteen eivätkä ole joko vanhempia tai nuorempia. Tämän takia keskiaikaiset tai sitä vanhemmat näytteet on radiohiiliajoitettu.

Seuraava askel näytteiden valitsemisessa on selvittää, onko lupaavasta kohteesta olemassa tutkimukselle relevanttia materiaalia, tässä tapauksessa nautan tai lampaan luita. Osteologisia menetelmiä käyttäen lampaiden ja vuohien luiden erottaminen toisistaan on joskus haasteellista, sillä niiden luusto on hyvin samankaltainen. DNA:ta tutkittaessa voidaan käyttää lajispesifisiä laboratoriomenetelmiä. Mikäli lammas/vuoheksi tunnistettu luu on vuohi, lampaan DNA:lle suunnitellut alukkeet eivät toimi eli DNA:ta ei monistu. Alukkeet ovat synteettisiä yksijuosteisia DNA-pätkiä, joita DNA:ta monistava polymeerasientsyymi tarvitsee kiinnittyäkseen DNA-juosteeseen. Tutkimuksessa voidaan siis käyttää myös luita, joita ei ole voitu tunnistaa osteologisin menetelmin varmasti lampaiksi. On kuitenkin varmistettava, että kaikki näytteet edustavat eri eläinyksilöitä, eli tutkimusmateriaali ei sisällä kahta luuta samasta eläimestä. Yksilön tunnistaminen DNA:n perusteella on periaatteessa mahdollista, mutta mikäli runsaasti varioivat toistojaksoalueet (VN-TR-alueet), jotka mahdollistavat yksilöiden erottamisen toisistaan, eivät ole tutkimuksen kohteena, aiheutuu yksilöntunnistuksesta ylimääräisiä kustannuksia. Muinais-DNA:n fragmentoitumisesta johtuen yksilön tunnistaminen voi myös olla teknisesti haastavaa. Tämän takia näyteluuksi valitaan mieluiten ti-

etyen elementin, esimerkiksi kämmenluun, saman puolen luita, jotka ovat varmasti peräisin kahdesta eri yksilöstä. Joskus valinnan kriteerinä on pienemmissä aineistoissa käytetty myös luiden kokoa, eläinten ikää tai muuta morfologista perustetta, jonka perusteella on voitu päätellä, etteivät luut voi olla peräisin yhdestä ja samasta yksilöstä.

Mikäli sopivan lajin luu löytyi sopivasta kohteesta, on vielä arvioitava mikä on sen potentiaali sisältää DNA:ta. Palaneesta luusta DNA:n eristäminen on mahdotonta tai ainakin erittäin haasteellista (Otoni ym. 2009), joten tässä projektissa keskityimme palamattomaan aineistoon. Suomessa palamattoman luun säilyminen on heikkoa happaman maaperän vuoksi, joten tämä rajoittaa saatavilla olevien näytteiden määrää (Fortelius 1981: 11; Ukkonen 1993: 249 ja 2001:7; Mannermaa ja Deckwirth 2010, 54). Luun ulkoisesti havainnoitava säilymisaste ei välttämättä korreloi DNA:n säilymisasteen kanssa. Luu saattaa pintapuolisesti näyttää hyvin säilyneeltä, mutta DNA voi olla huonokuntoista ja joskus luun pinnan rakenteesta arvioiden huonokuntoinen luu saattaa sisältää hyvin säilynyttä DNA:ta. Luuaineksen ja DNA:n säilymiseen vaikuttavat siis todennäköisesti erilaiset tekijät. Esimerkiksi pitkä museosäilytys saattaa vaikuttaa negatiivisesti DNA:n säilymiseen mutta ei luun säilymiseen (Pruvost ym. 2007). Tähänastinen tutkimus viittaa siihen, että ehjät, paksut, tiiviit luut, esimerkiksi naudalla ja lampaalla kämmenluut, ovat hyviä valintoja. Hampaiden kiilteestä ei DNA-eristys ole onnistunut, mutta hampaiden juuriosasta kyllä. Kannattaa myös huomioida, että mikäli hampaasta on säilynyt vain kiillettä, sitä ei voida ajoittaa, jolloin sen hyödyllisyys DNA-näytteenä ei ole kovin korkea.

Yleisesti ottaen vaikuttaa siltä, että näytteen ikä ei ole ainoa säilyvyyteen vaikuttava tekijä (Taulukko 1). Taulukon 1 dataa tulkittaessa on vielä huomioitava, että keski- ja uuden ajan näytteet ovat tässä otannassa

kaupunkikaivauksilta tai muuten hyvin säilyneistä kohteista, kun taas osa rautakautisista näytteistä oli hampaan kiilteen kappaleita kohteilta, joissa luu ei ollut säilynyt hyvin. Tämän projektin aikana on tarkoitus kerätä lisää tietoa luun ja DNA:n säilymisestä erilaisissa ja eriaikaisissa kohteissa ja erilaisissa olosuhteissa.

Ajoitus / DNA säilymisaste	1	2	3
Uusi aika		4	7
Keskiaika		1	5
Rautakausi	6		5
Yhteensä	6	5	17

Taulukko 1. DNA:n säilymisaste eräissä arkeologisissa lampaan luissa. Keskiaikaisten ja rautakautisten luiden ajoittuminen varmistettu radiohiiliajoituksella. Säilymisaste: 1 – ei käyttökelpoista DNA:ta säilynyt, 2 – DNA-eristys onnistunut, mutta vaikeaa, 3 – DNA-eristys onnistunut.

Eläinpopulaatioiden historian tutkimisesta arkeologisin ja muinais-DNA:n keinoin

Eläinpopulaatioiden historiaa voidaan tutkia DNA:n avulla usealla eri tavalla. Nyky populaation geenistöä tutkimalla voidaan muodostaa arvio myös sen alkuperästä. Tarkemman käsityksen eläinryhmien geeniperimien muutoksesta kuitenkin saa, mikäli nykytilanteen lisäksi tutkitaan myös esihistoriallisia ja historiallisia ajanjaksoja menneisyydessä muinais-DNA:n avulla. Eräs lähtökohta DNA-tutkimukselle ovat suomalaiset maataisrodut, joiden katsotaan olevan vanhempien paikallisten eläinpopulaatioiden jälkeläisiä. Kun varsinainen rodunjalostus alkoi 1800-luvun lopussa ja 1900-luvun alkupuolella, luotiin rotumääritelmät, joiden ulkopuolelle jäi osa alkuperäisessä kannassa läsnä olevasta variaatiosta. Tämä perimä on kuitenkin säilynyt arkeologisissa luulöydöissä.

DNA-tutkimus voi paljastaa erilaisia valit-

tuja yksityiskohtia populaatiohistoriasta, riippuen siitä, mitä osaa DNA:sta tutkitaan. Vain isältä pojalle periytyvän Y-kromosomin tutkimus kertoo isälinjan historiasta, mitokondrio-DNA (mtDNA) vain emältä tyttärille ja pojille periytyvästä DNA-aineksestä. Mitokondrio on solussa tuman ulkopuolella solulimassa sijaitseva soluhengityselin, jolla on yksi oma rengasmaisen kromosomi. Tämänkaltainen geenitutkimus kertoo siis tarkasti tietyistä osasta eläimen sukuhistoriaa. Esimerkiksi populaatiossa, johon on tuotu uusia urospuolisia siitoseläimiä mutta ei uusia naaraita, Y-kromosomi kertoo uudesta, erilaisesta perimästä kun taas mitokondrio-DNA välittää tiedon emälinjan jatkuvuudesta.

Toisin kuin Y-kromosomi ja mitokondrio-DNA, autosomaalinen DNA periytyy sekä isältä että emältä, yksi DNA-merkin alleeli kummaltakin. Autosomaalinen DNA käsittää tuman kaikki kromosomit lukuun ottamatta sukupuolikromosomeja. Niinpä autosomaalinen DNA määrittää suurinta osaa erilaisista ominaisuuksista, kuten maidontuotantokykyä, silmien ja karvapeitteen väriä, sarvelisuutta tai sarvettomuutta. Ominaisuuksien syntyyn vaikuttaa usein useampia geenejä. Proteiineja koodaavien geenien lisäksi perimässä on myös mitään koodaamattomia DNA-jaksoja. Toisinaan koodaamattomien jaksojen tarkoitus on suojella koodaavaa DNA:ta eli geenejä kromosomien päissä ja solunjakautumisen aikana, mutta toisinaan koodaamattomille jaksoille ei ole selkeää tarkoitusta. Mikrosatelliitit ovat tällaista koodaamatonta DNA:ta. Ne muodostuvat lyhyistä toistojaksoista, joiden määrissä on paljon variaatiota yksilöiden välillä. Mikrosatelliitteja voidaan käyttää populaatiogenetiikan tutkimuksissa.

DNA:sta saatava tieto populaation muutoksesta pyritään yhdistämään arkeologiseen tietoon karjanhoidon kehityksestä Suomessa. Tämän vuoksi projektin puitteissa analysoidaan myös palaneita suomalaisia eläinluuain- eistoja myöhäskivikaudelta metallikaudelle

karjanhoidon alkamisen, yleistymisen ja leviämisen tutkimiseksi. Lisäksi tutkimuksen apuna hyödynnetään historiallisia lähteitä, esimerkiksi 1700-luvulla maatiaiskannan parantamiseen tuotujen eläinten alkuperän selvittämisessä.

DNA-tutkimuksen kannalta on tärkeää tietää, minkälainen prosessi karjanhoidon omaksuminen oli, sillä tämä saattaa vaikuttaa populaation geeniperimään ja geneettisen materiaalin jakautumiseen. Karjanhoito voidaan omaksua uudelle alueelle pikkuhiljaa – on tulkittu, että näin tapahtui esimerkiksi Baltiassa, jossa karjanhoito tunnettiin tuhansia vuosia ennen kuin siitä tuli merkittävä elinkeino (esim. Zvelebil ja Dolukhanov 1991; Løugas ym. 2007). Tällaisessa tapauksessa karjan geneettinen aines saattaa olla tulosta useista erillisistä tuontikerroista tuhansien vuosien aikana. Tällöin pienessä populaatiossa uusien tulokkaiden geneettisellä variaatiolla voi olla suuri vaikutus. Toinen vaihtoehto on karjaa hoitavien ihmisten siirtyminen uudelle alueelle, jolloin muutos luuaineistoissa voi olla hyvinkin äkillinen. Esimerkiksi Ruotsissa karjanhoito omakutti nopeasti – saattaa olla, että alkuperäisväestön omaksui uuden elinkeinon nopeasti, joskin uudet geneettiset tutkimukset viittaisivat siihen, että neoliittinen ihmiskansapopulaatio eroaa perimältään ja laktoosia kestävyydeltään mesoliittisesta populaatiosta (Zvelebil ja Dolukhanov 1991, 266; Malmström ym. 2009; Malmström ym. 2010). Maanviljelyn nopea leviäminen Ruotsin eteläosan halki saattaa heijastaa nimenomaan maahan muuttavaa uutta väestöä. Mikäli kyseessä oli nopea prosessi ja kotieläimet saapuivat maahanmuuttajien mukana, ensimmäinen kotieläinpopulaatio tuotiin keskitetysti maahan ja se oli geneettisesti todennäköisesti kohtuullisen yhtenäinen.

Lopuksi

Karjanhoidon omaksuminen on monimutkainen ja usein monivaiheinen prosessi,

jonka tutkiminen hyötyy monitieteellisestä lähestymistavasta. Prosessiin liittyy kulttuurisia ja sosiaalisia aspekteja, joita voidaan tarkastella arkeologian näkökulmasta, että biologisia muutoksia, joihin geneettinen tutkimus voi vastata. Haasteena monitieteellisessä tutkimuksessa on kahden toisilleen vieraan tutkimusperinteen ja tietopohjan yhdistäminen niin, että molemmat osapuolet pystyvät osallistumaan tasapuolisesti hedelmälliseen diskurssiin. Avoin tietojen vaihto ja terve tutkimuksellinen uteliaisuus auttavat kuitenkin ylittämään raja-aidat turvallisesti.

Kirjallisuus

Edwards, C. J., Bollongino, R., Scheu, A., Chamberlain, A., Tresset, A., Vigne, J. D., Baird, J. F., Larson, G., Ho, S. Y., Heupink, T. H., Shapiro, B., Freeman, A. R., Thomas, M. G., Arbogast, R. M., Arndt, B., Bartosiewicz, L., Benecke, N., Budja, M., Chaix, L., Choyke, A. M., Coqueugniot, E., Döhle, H. J., Göldner, H., Hartz, S., Helmer, D., Herzig, B., Hongo, H., Mashkour, M., Ozdogan, M., Pucher, E., Roth, G., Schade-Lindig, S., Schmölcke, U., Schulting, R. J., Stephan, E., Uerpman, H. P., Vörös, I., Voytek, B., Bradley, D. G. ja Burger, J. 2007. Mitochondrial DNA analysis shows a Near Eastern Neolithic origin for domestic cattle and no indication of domestication of European aurochs. *Proceedings. Biological sciences. The Royal Society* 274:1616 (June 7), 1377–1385.

Fortelius, M. 1981. Johdatus arkeologiseen luuanalyysiin. Museoviraston esihistorian toimisto, Julkaisu 1.

Green, R. E., Krause, J., Briggs, A. W., Maricic, T., Stenzel, U., Kircher, M., Patterson, N., Li, H., Zhai, W., Fritz, M. H., Hansen, N. F., Durand, E. Y., Malaspinas, A.-S., Jensen, J. D., Marques-Bonet, T., Alkan, C., Prüfer, K., Meyer, M., Burbano, H. A., Good, J. M., Schultz, R., Aximu-Petri, A., Butthof, A., Höber, B., Höffner, B., Siegemund, M., Weih-

- mann, A., Nusbaum, C., Lander, E. S., Russ, C., Novod, N., Affourtit, J., Egholm, M., Verna, C., Rudan, P., Brajkovic, D., Kucan, Ž., Gušić, I., Doronichev, V. B., Golovanova, L. V., Lalueza-Fox, C., de la Rasilla, M., Fordea, J., Rosas, A., Schmitz, R. W., Johnson, P. L. F., Eichler, E. E., Falush, D., Birney, E., Mullikin, J. C., Slatkin, M., Nielsen, R., Kelso, J., Lachmann, M., Reich, D. ja Pääbo, S. 2010. A Draft Sequence of the Neandertal Genome. *Science* 328, 710.
- Loreille, O., Orlando, L., Patou-Mathis, M., Philippe, M., Taberlet, P. & Hänni, C. 2001. Ancient DNA analysis reveals divergence of the cave bear, *Ursus spelaeus*, and brown bear, *Ursus arctos*, lineages. *Current Biology* 11:3 (Febr. 6), 200–203.
- Lõugas, L., Kriiska, A. & Maldre, L. 2007. New dates for the Late Neolithic Corded Ware Culture burials and early husbandry in the East Baltic region. *Archaeofauna* 16, 21–31.
- Malmström, H., Linderholm, A., Lidén, K., Storå, J., Molnar, P., Holmlund G., Jakobsson, M. & Götherström, A. 2010. High frequency of lactose intolerance in a prehistoric hunter-gatherer population in northern Europe. *BMC Evolutionary Biology* 2010, 10:89.
- Malmström, H., Gilbert, M. T. P., Thomas, M. G., Brandström, M., Storå, J., Molnar, P., Andersen, P. K., Bendixen, C., Holmlund, G., Götherström, A., & Willerslev, E. 2009. Ancient DNA Reveals Lack of Continuity between Neolithic Hunter-Gatherers and Contemporary Scandinavians. *Current Biology* 19, 1758–1762.
- Mannermaa, K. & Deckwirth, V. 2010. Suomen varhaisin karjatalous: tutkimuksen nykytila ja ongelmat. Teoksessa: Hirvilammi, J. (toim.), *Varhainen viljely Suomessa*, 54–81. Loimaa: Suomen maatalousmuseo Sarka.
- Ottoni C., Koon, H. E. C., Collins M. J., Penkman, K. E. H., Rickards O. & Craig O. E. 2009. Preservation of ancient DNA in thermally damaged archaeological bone. *Naturwissenschaften* 96, 267–278.
- Pruvost, M., Schwarz, R., Correia, V. B., Champlot, S., Braguier, S., Morel, N., Fernandez-Jalvo, Y., Grange, T. & Geigl, E. 2007. Freshly excavated fossil bones are best for amplification of ancient DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 104, 739–744.
- Ukkonen, P. 1993. The post-glacial history of the Finnish mammalian fauna. *Annales Zoologici Fennici* 30, 249–264. (Myös teoksessa: P. Ukkonen, 2001, *Shaped by the Ice Age. Reconstructing the history of mammals in Finland during the Late Pleistocene and Early Holocene*. University Printing House, Helsinki.)
- Ukkonen, P. 2001. *Shaped by the Ice Age. Reconstructing the history of mammals in Finland during the Late Pleistocene and Early Holocene*. University Printing House, Helsinki.
- Zvelebil, M. & Dolukhanov, P. 1991. The Transition to Farming in Eastern and Northern Europe. *Journal of World Prehistory* 5:3, 233–278.