

Tartu Ülikool
Humanitaarteaduste ja kunstide valdkond
Ajaloo ja arheoloogia instituut
Arheoloogia osakond

Mairi Kaseorg

Pinnase, matmise ja hoiustamise aja mõju vana DNA säilimisele
Eestist leitud inimluudes

Magistritöö

Juhendajad:
Prof Aivar Kriiska
Prof Kristiina Tambets

Tartu 2023

Sisukord

Sissejuhatus	4
1. Kirjanduse ülevaade	7
1.1. Vana DNA uurimise lühike ajalugu	7
1.2. DNA säilivust mõjutavad tegurid vana DNA uurimustes	9
1.2.1. Keskkond	10
1.2.2. Aeg	12
1.2.3. Luu ja hammaste omadused	13
1.2.5. Muud mõjurid ja laia fookusega tööd	15
1.2.6. Vana DNA säilivuse uuringud Eestis	16
2. Materjal ja meetodika	18
2.1. Materjal	18
2.2. Meetodika	21
2.2.1. Andmete koondamine ja korrastamine	21
2.2.2. Statistiline analüüs	23
2.2.2.1. Statistiliste testide aluseks olevad muutujad	23
2.2.2.2. Töös kasutatud statistilised testid	27
3. Proovide ja proovivõtukohtade kirjeldav analüüs	30
3.1. Pinnas ja pH tase	30
3.3. Matusetüüp, luu vanus ja väljakaevamise aeg	39
3.4. Proovistatud anatoomilised elemendid	42
4. DNA säilivuse analüüs	47
4.1. Pinnas, pH tase ja niiskus	47
4.1.1. Analüüsid mullaliikidega	48
4.1.1.1. Esimene analüüs	48
4.1.1.2. Teine analüüs	50
4.1.1.3. Kolmas analüüs	51
4.1.1.4. Neljas analüüs	53

4.1.1.5. Viies analüüs.....	54
4.1.1.6. Kuues analüüs.....	55
4.1.1.7. Seitsmes analüüs.....	56
4.1.2. Analüüs pH tasemega	57
4.2. Matusetüüp	58
4.3. Luu vanus	60
4.4. Luu väljakaevamise aeg	61
4.5. Statistilise analüüsi tulemuste tabel.....	62
5. Arutelu	63
Kokkuvõte.....	70
The impact of soil, burial, and storage time on the preservation of ancient DNA in human bones found in Estonia.....	73
Kasutatud kirjandus.....	78
LISA 1. Statistiliste testide tulemused R-is	
LISA 2. Andmebaas	
Litsents	

Sissejuhatus

Loodus- ja täppisteaduste ning arheoloogia vaheline koostöö ei ole midagi uut, kuid on muutumas aina sagedamaks. Interdistsiplinaarsed tööd on seega järjest vajalikumad, et tekitada efektiivne tööruum. Tihedam koostöö erinevate valdkondade vahel soodustab uute teadmiste teket ja avastusi ning arheoloogilise pärandi säilitamist tulevastele põlvetele. Tartu Ülikooli juurde on näiteks loodud erialadeülese koostöö koordineerimiseks arheoloogia, geneetika ja lingvistika sidusuuringute kolleegium, mille raames toimub erinevate huvigruppide kaasamisel Eesti ajaloo uurimiseks varasemaga võrreldes mitmekesisem teadustöö.

Käesolevas töös uuriti pinnase, matmise ja hoiustamise aja mõju arheoloogilises aineses säilinud pärilikkusainele ehk nn vana DNA-le Eestist leitud inimluudes. Teades mismoodi keskkonnatingimused ja aeg mõjutavad luude ja DNA säilimist, oleks võimalik kasutada asendamatu arheoloogilist materjali senisest veel säästlikumalt. Keskkonna ja proovi vanuse mõju äratundmisel oleks võimalik ennustada DNA säilivust ning seeläbi teha teadlikumaid valikuid proovide võtmisel, mis on raha- ja ajakulukas ning kätkeb endas haruldase ja asendamatu materjali lõhkumist. Eesti arheoloogilistest inimluudest võetud DNA proove sisaldava andmebaasi loomine võimaldab tulevikus vältida topeltproovide võtmist, mis aitab omakorda ära hoida ressursside raiskamist ning tõhustab proovide kogumist ja analüüsimist. Arheoloogilise materjali säästlikuma kasutamise kontekstis on oluline arvestada mitte ainult proovide asendamatusena, vaid ka eetiliste kaalutlustega. Proovide võtmisel tegeletakse inimsäilmetega, mistõttu peab olema tagatud nende väärikas ja lugupidav käsitlemine. Ühtlasi aitab arusaamine sellest, kuidas DNA laguneb, tuvastada ja võimalusel ära hoida saastamist ning töötada välja efektiivsemaid laboritehnikaid.

Teema olulisusest tulenevalt on DNA säilimist mõjutavaid tegureid laialdaselt uuritud. Senised uurimistööd võib lähtuvalt probleemiasetusest jagada nelja põhirühma. Üks uurimisvaldkond on keskendunud piirkondlikele keskkonna erinevustele, sealhulgas pinnase ja temperatuuri mõjule DNA säilivusele. Teine uurimisvaldkond hõlmab ajategureid,

kusjuures uuritakse nii luude kronoloogilist vanust kui ka arheoloogilise materjali hoiustamise aja mõju. Kolmas valdkond keskendub erinevate anatoomiliste elementide omadustele ja nende potentsiaalile mõjutada DNA säilivust. Neljanda valdkonna moodustavad mitme teguri koos- ja vastasmõju hindavad uurimused. Käesolev töö sobib olemuselt viimasesse kategooriasse, sest siingi proovitakse analüüsida mitut faktorit korraga ja teatud määral ka seda, mismoodi need üksteist mõjutavad. Seni pole arheoloogilisel materjalil põhinevates uuringutes analüüsitud erinevate mullaliikide ja matusetüübi mõju. Ühtlasi on käesolevas töös kasutatud arheoloogilistest kontekstidest inimluid suuremal hulgal kui varasemates uurimustes.

Enamustes seni tehtud uurimustes on välja toodud ja mõneti arvestatud luude pärinemist erinevatest arheoloogilistest ja maastikulistest kontekstidest, kuid see on harva omaette fookuseks. Mullaliik, kui muutuja on olnud lisatud vaid ühe töö statistilisse analüüsi (García jt 1996), kus eristati vaid kahte pinnase tüüpi ning luumaterjal ei olnud arheoloogiline. Matusetüüpi ei ole lisatud ühegi senise uuringu statistilisse analüüsi.

Käesoleva magistr töö peamiseks eesmärgideks oli uurida, kas tegurid nagu pinnas, arheoloogiline kontekst, vanus ja hoiustamise aeg mõjutavad vana DNA säilivust. Vastust otsiti küsimustele kas proovistatud luude endogeense DNA hulk ja selle nukleotiididest ehitusplokkide koosseisu kuuluvate lämmastikaluste – tsütosiini (C) ja tümiini (T) surmajärgsete asenduste arv on seotud:

- a) mullaliigiga, kuhu surnukeha oli maetud (sealhulgas selle pH taseme või niiskusega),
- b) matusetüübiga,
- c) luude kronoloogilise vanusega või
- d) luude väljakaevamise ajaga ehk sellega, kui kaua neid on hoiustatud?

Töö statistilise osa eesmärgiks oli tõestada või lükata ümber vastavad nullhüpooteesid.

Peamise eesmärgi täitmiseks loodi töö käigus andmebaas Eesti arheoloogilistelt muististelt leitud luudest, mis on proovistatud Tartu Ülikooli genoomika instituudi Eesti biokeskuse vana DNA laboris ajavahemikus 01.04.2014–15.03.2022 erinevate teadusprojektide raames.

Neid proove ja kogutud infot kasutati töö analüüside läbiviimisel. Kokku kasutati 286 indiviidi säilmetest eraldatud DNA proovi, mis pärinevad 74-st erinevast muistisest. Matused on dateeritud VI ja V aastatuhande vahetusest eKr kuni 17. sajandini pKr.

Algselt oli tööks vajalik info killustunud erinevatesse andmetabelitesse, mistõttu oli vajalik see koguda kokku ja korrastada ühtseks tervikuks. Info jaotati arheoloogiliseks, keskkondlikuks ja bioloogiliseks ning moodustati andmebaas. Korrastatud teavet kasutati statistilises analüüsis, mis aitaks vastata uurimisküsimustele. Valimi iseloomustamiseks kasutati erinevaid kirjeldavaid statistikuid ja graafikuid, et hinnata andmete jaotust ja tuvastada erandlikke väärtusi. Pidevate tunnuste analüüsimiseks kasutati dispersioonanalüüsi ANOVA ja vastavalt vajadusele Tukey HSD testi ning loodi lineaarse regressiooni mudeleid, et uurida, kuidas erinevad töösse kaasatud tegurid on seotud vana DNA säilivust iseloomustavate tunnustega.

Magistritöö on jaotatud viieks osaks, kus esimeses antakse ülevaade seni tehtud uurimistöödest seoses DNA säilivusega. Teises osas räägitakse töö allikmaterjalidest, analüüsiks kasutatavatest teguritest ja läbiviimisest. Kolmandas osas kirjeldatakse ja analüüsitakse töö andmestikku ning tuuakse välja selle võimalikud kitsaskohad. Neljandas osas uuritakse statistiliselt endogeense DNA ja CT asenduste protsendi varieeruvust seoses uuritavate tunnustega ning viimases osas võetakse kokku ja arutletakse saadud tulemuste üle.

Lõpetuseks soovin tänada oma juhendajaid Aivar Kriiskat ja Kristiina Tambetsit. Lisaks kuuluvad tänusõnad paljudele teistele, kelle abiga oli võimalik koguda kokku töös kasutatav info ja seda analüüsida: Meriam Guellil, Kadri Irdt, Riina Juurik, Alexander Kmoch, Ain Kull, Valter Lang, Anu Lillak, Liisa Loog, Mati Mandel, Marika Mägi, Anton Pärn, Riina Rammo, Lehti Saag, Stefania Sasso, Mari Tõrv, Evelyn Uemaa, Heiki Valk, Liivi Varul.

1. Kirjanduse ülevaade

1.1. Vana DNA uurimise lühike ajalugu

Esimene avaldatud teadustöö vana DNA¹ uurimisest on 1984. aastal ilmunud artikkel Lõuna-Aafrikas elanud sebrataolise hobuslase kvaga (*Equus quagga quagga*) mtDNA² lõigu järjendamisest ehk sekveneerimisest. Tegu oli 100 aastat tagasi välja surnud loomaliigi viimase esindajaga ja ühtlasi muuseumieksponaadilt eraldatud geneetilise materjaliga (Higuchi jt 1984). Töö eesmärgiks oli küll välja selgitada, kas surnud organismist on üldse võimalik DNA-d eraldada, kuid sealhulgas saadi teavet hobuslaste päritolu kohta – kvaga lähimaks sugulaseks osutus mtDNA alusel sebra (*Equus zebra*), mitte hobune (*Equus ferus caballus*) (samas).

1985. aastal võttis üks vana DNA alase uurimistöö pioneeridest, 2022. aastal Nobeli meditsiini- ja füsioloogiapreemiaga pärjatud Svante Pääbo eesmärgiks välja uurida, kas DNA-d on võimalik eraldada ka surnud inimeste säilmetest. Tema uurimisobjektideks olid 23 Egiptuse muumiat. DNA järjestus suudeti väidetavalt kloonida u 2400 eKr surnud poisi muumiast (Pääbo, 1985). Mõni aasta pärast Pääbo publikatsiooni jõudsid bioloogid Berkeley Ülikoolis eesotsas Kary Mullisega uue ja revolutsioonilise võtteni DNA paljundamises ehk amplifitseerimises – polümeraasi ahelreaktsiooni ehk PCR-ini (*Polymerase Chain Reaction*) (Mullis, Faloona 1987). See oli palju efektiivsem meetod DNA paljundamiseks kui seni kasutusel olnud DNA kloonimine (Pääbo jt 1989; Pääbo jt 2004; Malainey 2011).

Peagi sai selgeks, et Pääbo laboris amplifitseeritud muumia DNA lõik kuulus tõenäoliselt hoopis kaasaegsele inimesele. Prooviga tegeleti vana DNA jaoks sobimatutes tingimustes, mis viis selle saastumiseni (Pääbo 2014, 75–76). Siiski, mõned aastad pärast Pääbo töö avaldamist hakati vana DNA-d enam uurima ja avaldati töid, milles väideti isegi miljonite

¹ Desoksüribonukleiinhape

² Mitokondriaalne DNA

aastate vanuste organismide ja taimede DNA kloonimise õnnestumist (Goldenberg jt 1990; DeSalle jt 1992; Cano jt 1993; Poinar jt 1993; Woodward jt 1994).

Kujutelm hüppelisest edasiminekest vana DNA uurimises ei kulgenud õigustatud kriitikata (Pääbo jt 1991; Lindahl 1993). Ajapikku hakkas ilmuma töid, milles varasemaid katseid uuesti läbi tehti ja saadi hoopis teistsuguseid tulemusi (Sidow jt 1991; Zischler jt 1995; Austin jt 1997; Cooper jt 2000). Peamine põhjus, miks varasemaid katseid polnud võimalik korrata ja seega nende tulemusi tõsiselt võtta, oligi proovide saastatus kaasaegse DNA-ga. Tehtud vead viisid arenguteni ning saastuse kui levinud probleemi vältimiseks on tänaseks koostatud mitmed protokollid ja eeskirjad vana DNA-ga tegelevatele laboritele (Matisoo-Smith jt 2012).

Tehnoloogilised edenemised, kaasa arvatud PCR ja automatiseeritud DNA sekveneerimine, võimaldasid ette võtta suuremahulisemaid uuringuid ka kaasaegsete genoomidega: 1990. aastal kuulutati välja inimese genoomi järjendamise projekt (*Human Genome Project*). 2001. aastaks õnnestus avaliku ja erasektori koostöös avaldada inimese genoomi esmane „visand“ (IHGSC 2001). Inimgenoomi esialgset varianti on nüüdseks palju edasi arendatud ja täna on nii kaasaegsete kui ka mineviku inimeste täisgenoomide tegemine saanud rutiiniks (Nurk jt 2022).

Inimgenoomi pilootprojekt viidi edukalt lõpule, ent see oli kallis ja aeganõudev ettevõtmine. 2005. aastal tuldi välja nn teise põlvkonna sekveneerimistehnoloogiaga (*Next Generation Sequencing*, NGS) (Marguiles 2005), mis avardas tohutult ka vana DNA uurimisvõimalusi (Orlando 2021, 2). Uuem tehnoloogia kujutas endast kiiremat, efektiivsemat ja järjest odavemat sekveneerimisvõimalust, mistõttu on see tänapäeval kättesaadav aina rohkematele teadlastele. Tänu uuele tehnoloogiale sai nüüd uurida proove, mis olid lagunened väga lühikesteks fragmentideks ja ei oleks olnud PCR-i abil uuritavad – tekkis võimalus kümneid ja sadu tuhandeid aastaid vanade proovide uurimiseks. Tehnoloogia areng on teinud võimalikuks varasemalt ulmeliseks peetud saavutused nagu näiteks mammuti (Poinar jt 2006; Miller jt 2008), neandertallase (Green jt 2010, Prüfer jt 2014) ja denisi inimese (Reich

jt 2010) genoomi sekveneerimine, ning arheogenoomika plahvatusliku arengu. 2021. aastal õnnestus eraldada koguni miljoni aasta vanuste mammutite DNA-d (van der Valk, 2021). Need on tänaseks vanimad organismid, kelle DNA-d on uuritud.

Esimene teadustöö, kus kasutati Eesti aladelt pärit (nöörkeraamika kultuuri konteksti kuuluva) indiviidi säilmeid arheogeneetiliseks uurimistööks, kirjeldas Euraasia pronksiaegseid migratsioone (Allentoft jt 2015³). Läänemere idakalda geneetilisele ajaloole keskenduvad tööd avaldati mõni aasta hiljem (Jones jt 2017, Saag jt 2017, Mittnik jt 2018, Saag jt 2019). Vana DNA uurimine sai tuule tiibadesse seoses Tartu Ülikooli genoomika instituudi puhaslabori rajamisega 2018. aastal, tänu millele avanes võimalus biomolekulide eraldamiseks arheoloogilisest materjalist ka Eestis.

1.2. DNA säilivust mõjutavad tegurid vana DNA uurimustes

DNA säilivusuuringuid on tehtud nii looma- kui ka inimluude alusel, need on dateeritud vahemikku umbes 13 000 aastat tagasi kuni 20. sajand. Säilivuse analüüsimiseks kasutatud luud pärinevad erinevatest kontekstidest ja kliimavõõrmetest ning valimites on vaadeldud nii ühte kui mitut anatoomilist elementi. Järgnevas kirjanduse ülevaates kajastataksegi peaaesjalikult neid töid, milles eesmärgiks oli uurida DNA säilivust. Vana DNA säilivuse uurimiseks on võimalik vaadelda erinevaid parameetreid, siin välja toodud töödes vaadati näiteks: endogeense DNA⁴ hulka kogu proovi DNA-st, surmajärgseid DNA modifikatsioone (nt CT asendusi⁵) ja DNA fragmentide pikkusi⁶.

³ Eestist olid projektiga seotud Lehti Saag, Aivar Kriiska, Mait Metspalu ja Liivi Varul.

⁴ Endogeense DNA termin on eristamaks seda geneetilist materjalist, mis ei kuulu uuritavale organismile ja mis pärineb bakteritelt, seentelt ja mikroorganismidelt, või on proovis kontaminatsiooni tõttu ehk kaasaegselt inimeselt (Poinar jt 2006, 392).

⁵ CT asendus (ingl *cytosine to thymine substitution*) on DNA üks põhiline surmajärgne kahjustus, mis tekib DNA nukleotiidi koosseisu kuuluva lämmastikaluse tsütosiini (C) deaminatsiooni tagajärjel, mille käigus tsütosiin kaotab aminogrupi ja muutub lämmastikalus uratsiiliks (U). Kuna U ei kuulu tavajuhtudel DNA koosseisu, loetakse see sekveneerimisel tüüminiks (T). (Rasmussen jt 2010, 758; Hsu jt 2022, 1).

⁶ DNA molekulid, mis on eraldatud muistsetest proovidest nagu luud, hambad, juuksed või mumifitseeritud koed, on tavaliselt lagununud lühikesteks fragmentideks (Orlando 2021, 1). Kaasaegsete tehnikatega on võimalik eraldada ja analüüsida kuni 35 aluspaari pikkuseid fragmente (sammas, 6).

1.2.1. Keskkond

Seoseid keskkonnatingimuste ja DNA lagunemise vahel on uuritud juba alates 1990. aastatest (Höss jt 1996; Wayne jt 1999). On leitud, et jahedas ja kuivas keskkonnas säilib DNA paremini kui soojas ja niiskes keskkonnas (Allentoft jt 2012; Kistler jt 2017; Pinhasi 2015). Samuti on oluline märksõna keskkonnatingimuste stabiilsus, näiteks temperatuuri kõikumine võib põhjustada DNA kiirema lagunemise (Higginés jt 2015). Ühe olulise muutujana on mõnes töös välja toodud ka päikesekiirgus (Keighley 2021, 1156; Bollogino jt 2008, 92). Ligikaudu 10 aastat tagasi suudeti DNA-d eraldada peamiselt säilmetest, mis pärinesid väga madalate temperatuuridega keskkonnast. Siiani pärinevad kõik vanimad DNA proovid just igikeltsast (umbes 735 000 aastat vana Alaska hobuslane ja miljoni aasta vanused mammutid) (Orlando jt 2013, van der Valk, 2021).

Viimaste aastate jooksul on sellegipoolest avaldatud mitmeid artikleid, kus on kasutatud vana DNA proove Lähis-Idast (Lazaridis jt 2016), Okeaanias (Skoglund jt 2016; Lipson jt 2018), Aafrikast (Skoglund jt 2017; Schlebusch jt 2017; Llorente jt 2015; Lipson jt 2022), Ladinameerikast (Nieves-Colón jt 2019) ja Kariibi mere saartelt (Fernandes jt 2020) ehk väga sooja kliimaga piirkondadest. Lipsonil jt õnnestus hiljaaegu (2022) troopikaaladel eraldada DNA-d isegi paarikümne tuhande aasta vanustest luudest.

Temperatuuri kõrval on teisigi keskkonnategureid, mille mõju DNA-le on uuritud, kuid eeskätt keskkonnamõjule keskenduvaid töid on vähe. 1996. aastal uuriti keskkonnamõjusid hambasäsile ja sellega seoses ka kõige paremini sobivaid DNA eraldamise meetodeid. Nimetatud uurimus põhines eksperimentidel kaasaegse materjaliga, arheoloogilistest leiukohtadest pärit hambaid ei kasutatud. Keskkonnamõjude kohta järeldati, et veega kokku puutunud hambad andsid DNA säilivuse osas kõige halvemaid tulemusi. Matmata, välitingimustes seisnud hambad andsid paremaid tulemusi kui maetud hambad. Temperatuur ei mõjutanud selle töö eksperimentide tulemusi enne, kui jõuti 200 °C (García jt 1996, 128–129).

Vana DNA säilimist mõjutab tõenäoliselt ka luude hoiustamise keskkond – seda nii väljakaevamise ajal kui ka hiljem. Mõjutavad tegurid on näiteks konserveerimisviisid ja -ained ning hoiustamistemperatuur ja niiskustase (Pruvost jt 2007; Sawyer jt 2012; Bollogino jt 2008). Samalaadseks mõjuriks on ilmselt DNA laboris kasutatav tehnika, meetodid ning materjalid. Pidevalt katsetatakse tõhusamaid meetodeid geneetilise materjali eraldamiseks ja võrreldakse olemasolevatega (Damgaard jt 2015; Glocke, Meyer 2017; Nieves-Colon jt 2018). Eraldatava vana DNA koguse suurendamise ning saastuse vähendamise kõrval on uute protokollide väljatöötamise eesmärk olnud võimalikult vähe proovistatavaid luid lõhkuda (Sirak jt 2017).

Pinnase ja õhutemperatuuri, pH taseme, matmisasukoha tüübi või geograafilise asukoha (laius- ja pikkuskraad, kõrgus merepinnast) mõju on enamasti arvestatud või ära märgitud uurimustes, kus töö fookuses on olnud midagi muud. Eesmärk on olnud näiteks uurida saaste põhjuseid, võrrelda või pakkuda variante proovide hoiustamiseks, laborieelseks töötamiseks või sõeluuringuks, leida enim sobivaid anatoomilisi elemente, meetodeid ja tehnikat DNA eraldamiseks või määrata DNA lagunemise aste (Smith jt 2001; Smith jt 2003; Bollogino jt 2008; Adler jt 2011; Allentoft jt 2012; Kontopoulos jt 2020). Eraldi tasub välja tuua töö, mille eesmärk oli võrrelda luu visuaalset säilivust mikro- ja makrotasandil vana DNA säilivusega, kuid arheoloogiliste asukohtade kirjelduses esitati ka mullatüüp ja happelisus (Hagelberg jt 1991, 403–405).

Mõne artikli analüüsis on keskkonna varieeruvuse mõju proovitud minimeerida (Miloš jt 2007) või on seda kasutatud konstandina (Allentoft jt 2012). Keskkonnafaktorit on peetud oluliseks ka uurimustes, kus keskenduti DNA lagunemise sõltuvusele luude vanusest (Gilbert jt 2003; Sawyer jt 2012), samas on vanust analüüsivaid töid, kus luude päritolu keskkonda pole analüüsitud (Colson jt 1997). Gilbert jt (2003, 56–60) uurisid DNA kahjustusi ja leidsid et need pole seotud ajaga, kuid võivad olla seotud arheoloogilise kontekstiga. Nad põhjendasid, et kuna *in vitro* eksperimentide puhul on DNA kahjustuste hulga puhul määravaks aeg ja arheoloogilise materjali puhul see seos nii otseselt välja ei tule, on tõenäoliselt olulisteks mõjuriteks leiukohtade heterogeensus, samuti näiteks surnukeha

lagunemise ulatus enne matmist. Sawyer jt (2012, 3–6) leidsid, et kuna luude matmiskeskond ning hoiustamise keskkond on olulised DNA säilivuse puhul ja varieeruvad tugevalt, on mõistetav, miks aja ja säilivuse puhul ei pruugi olla väga tugevat seost. Nad leidsid, et DNA fragmentide pikkus otseselt ajast ei sõltu. Üldiselt väheneb küll kättesaadav mtDNA kogus, kuid fragmentide pikkus on mitmetest keemilistest reaktsioonidest. Ajaga olid aga seoses CT asendused.

1.2.2. Aeg

Tööd, mis on seoses DNA lagunemisega keskendunud just proovi vanusele, on andnud väga erinevaid tulemusi. On uurimisrühmi, kes on tulemuseks saanud, et proovi vanus ei ole seotud DNA lagunemise või kahjustustega (Pääbo 1989; Hagelberg jt 1991; Colson jt 1997; Gilbert jt 2003), kuid eelkõige on tegemist varaste töödega. On ka neid, kes korrelatsiooni nägid (Adler jt 2011; Sawyer jt 2012; Higgins jt 2015). Hiljuti avaldati artikkel, milles nähti seost aga ainult ühe liigi, morsa puhul (Keighley jt 2021), seda võrdluses Grööni ja hallhülgega. Täpsemalt vaatasid nad endogeense DNA protsenti ja CT asendusi. Muuhulgas järelitati, et proovi vanus võib olla määravaks teguriks pigem homogeensemates proovivalimites, mitte aga selge ja universaalne säilivust mõjutav tegur, nagu tavaliselt arvatakse (Keighley jt 2021, 1159).

Peamiselt on vanusega seotud uuringutes fookus proovi kronoloogilisel vanusel, aga mitte sellel, kui kaua aega tagasi proov välja kaevati ehk kui kaua seda hoiustati enne kui DNA proov võeti. Mõned erandid siiski on. Näiteks 2012. aastal avaldati publikatsioon, milles DNA lagunemise astme määramisel peeti oluliseks muutujaks hoiustamise aega, luude vanuse ja temperatuuri kõrval (Allentoft jt 2012). Nad leidsid, et sellel ei ole suurt efekti säilivusele (Allentoft jt 2012, 4730). Samas, kui eespool mainitud Keighley jt 2021 uurimuses leiti, et morsa puhul oli hiljuti välja kaevatud luude endogeense DNA sisaldus madalam. Ühe võimaliku järeldusena pakuti, et uued väljakaevamiste ja hoiustamise jaoks mõeldud meetodid ei ole kaasa toonud oodatavad paranemist luude säilimisel (Keighley jt 2021, 1161). Leidub isegi töid, kus on mõjurina kaalutud indiviidi vanust suremise hetkel,

(Higgins jt 2015; Keighley jt 2021), kuid kus on siiski järeldatud, et see ei ole oluline DNA säilivuse seisukohalt.

1.2.3. Luu ja hammaste omadused

DNA säilivust erinevates anatoomilistes elementides uurides on valdavalt järeldatud, et see säilib kõige paremini oimuluu siseküljel kaljuluus (Gamba jt 2014; Pinhasi 2015). 2015. aasta katsete tulemustest Ron Pinhasi ja kolleegide töös (2015) järeldati, et proov trummiõõne plinkollusest üksinda annab parema tulemuse kui võtta analüüs kombineerituna nii kaljuluu käsnoollusest kui plinkollusest trummiõõne ümbruses. Tähelepanuväärset DNA sisalduse varieeruvust erinevates kuulmeluudes ei ole täheldatud (Sirak jt 2020).

2017. aastal leiti, et DNA säilivus hambajuurt katvas luukoes ehk hambatsemendis on oimuluuga võrreldav (Hansen jt 2017). Järeldusele, et DNA proovideks tasub kasutada hambatsementi, jõuti ka paar aastat varasemas uurimuses, kus võrreldi tsemendi, hambasäsi ja dentiini struktuuri muutusi ajas (Higgins jt 2015). Muuhulgas räägib hammaste proovistamise kasuks võimalus uurida patogeene, sest hambakoe tihe veresoontevõrgustik toob sinna veres ringlevad patogeenid (Margaryan jt 2018). Geneetilise materjali head säilivust hambas on põhjendatud sellega, et hambad paiknevad luupesades ja neid katab tihe emaili kiht, mis kaitsevad neid lagundavate faktorite eest (Higgins jt 2015).

2019. aastal tehtud katsed näitasid, et põia- ja eriti kämblaluude proovistamise tulemused on võrreldavad hammastest ja oimuluust saadava geneetilise materjaliga (Geršak jt 2019). DNA sisaldust erinevates anatoomilistes elementides uuriti põhjalikult 2018. aastal, mil võrreldi omavahel keskaegsete luustike hamba, kaljuluu, rangluu, roide, rinnalülide, erinevate käelaba ja kämblaluude, vaagnaluu istmikuköprude, reieluu ja kontsluu erinevate osade DNA sisaldust. Tulemuseks saadi, et kaljuluu teokanal on parim variant vana DNA proovi saamiseks. Töös otsiti aga ka alternatiivseid variante, juhuks, kui kaljuluud ei ole võimalik kasutada. Leiti seitse anatoomilist elementi, mida tasuks sellisel juhul proovida (Parker jt 2020). Sarnane töö avaldati 11 aastat varem, kus analüüsiti 20. sajandil elanud inimeste luid.

Parimad tulemused saadi reieluust, teisena hambast ning käte toruluud andsid palju madalamaid tulemusi kui eelmainitud luud (Miloš jt 2007).

DNA suhteliselt head säilivust kaljuluus on põhjendatud asjaoluga, et see on tihedaim luu imetajate kehas (Frisch jt 1998). Luu poorsus määrab luu lagunemise protsessi (Nielsen-Marsh, Hedges 1999). Luu võib leidmise hetkeks olla aga poorne ka seetõttu, et näiteks mikroobid (Keighley jt 2021, 1151) või vesi (Kendall jt 2018) on seda juba hävitanud. Luu orgaanilisi komponente nagu kollageen ja DNA lagundavad ka teatud seened ja bakterid (Bollogino jt 2008, 92; Pruvost jt 2007) ning orgaanika lagunemise tõttu muutubki luu poorsemaks (Hedges jt 1995, 205–206), kuid see toimub lisaks mikroorganismide tegevusele ka keemiliste protsesside tagajärjel (Lindahl 1993; Wess jt 2002, 3). Milliste bakteritega luu kokku puutub ja kui palju kahjustusi need põhjustavad sõltub siiski palju keskkonnast, kuhu luu on maetud (Eriksen jt 2020).

DNA säilimisel on ka seos paljude valkude säilimisega luus (Poinar, Stankiewicz 1999). Götheström jt (2002) järeldasid, et eriti tähtis valk on kollageen – üks põhilisi struktuurvalke organismis. 2020. aastal tehtud katse tulemused näitasid siiski, et kollageeni hea säilivus ei garanteeri DNA olemasolu. Kui aga kollageeni on luus alla 5%, siis on uuritavas koguses DNA leidmine samuti ebatõenäoline (Kontopoulos jt 2020). Sarnast seost nägid ka Sosa ja teised (2013, 108): amplifitseeritava koguse DNA-ga luus oli kollageeni sisaldus enamasti üle 12 protsendi. Orgaanika kõrval on DNA säilimisega seotud luu mineraalsete komponentide säilivus. Näiteks leiti, et DNA säilimine on statistiliselt olulises seoses hüdroksiapatiidi – hammaste ja luude koostises oleva mineraali – kristallilisusega (Götheström jt 2002, 399; Sosa jt 2013, 108). DNA säilivus võib olla seotud ka sellega, mismoodi DNA biopolümeerina on luusse „pakitud“ (Collins jt 2000) või sellest, milline on DNA enda struktuur. On näiteks leitud, et mtDNA laguneb aeglasemalt kui tuuma DNA. See võib olla mtDNA rõngasstruktuuri tõttu, mispärast on see eksonukleaasi eest paremini kaitstud (Allentoft jt 2012, 4730). Erinevus võib tuleneda veel paljudest muudest aspektidest näiteks mtDNA-d kaitseb mitokondri topeltmembraan ja mtDNA-l ja tuuma DNA-l on erinevad endonukleaasi aktiivsustasemed (Schwarz jt 2005, 3225).

Oluliseks on peetud ka luu visuaalset säilivust, viimast nii makrotasandil ehk n-ö luule peale vaadates (Hagelberg jt 1991; Haynes jt 2001; Vullo jt 2019) kui mikrotasandil ehk erinevate mikroskoopide vaates (Hedges jt 1995; Colson jt 1997; Ciporallo jt 1998; Sosa jt 2013; Higgins jt 2015). Küllaltki üheselt näitavad uuringute tulemused, et DNA on säilinud suurema tõenäosusega siis, kui luu on visuaalselt paremas seisus nii mikro- kui ka makrotasandil. Samas võib juhtuda, et makrotasandil halvasti säilinud luul on osi, mis on siiski mikrotasandil hästi säilinud (Hagelberg jt 1991, 406). See tähendab, et makrotasandil tehtud vaatlus ei pruugi olla piisav.

Mainitud uuringute tulemustest saab järeldada, et luu visuaalne säilivus sõltub suure osas selle ehituslikest ja biokeemilistest omadustest ja need on omakorda seotud DNA säilivusega. Mil moel nendest oleneb DNA säilivus, ei ole üksikasjalikult selge, kuid luu anorgaanilist struktuuri ja selle teisi, orgaanilisi osi (nt kollageeni), hävitavad keskkonnamõjud hävitavad tõenäoliselt ka DNA-d. Tunduvalt rohkem on uuritud keskkonna ja aja mõjusid luule ja selle ehituslikele omadustele.

2000. aastal avaldati artikkel, milles käsitleti muuhulgas erinevate pinnaste ja nende veerežiimi mõju luu omadustele. Järeldati, et luud säilivad paremini, kui veetase muutub vähe (Nielsen-Marsh, Hedges 2000, 1197) Samuti uurisid Götheström ja teised (2002, 398) eespool väljatoodu kõrval seda, kas niiskus mõjutab luu omadusi ja said kinnitust, et kuivas keskkonnas paiknenud luudes oli rohkem säilinud kollageeni ja suurem edu DNA amplifitseerimisel. Uuritud on ka luu vanuse mõjutusi selle lagunemisele, kuid korrelatsiooni pole nähtud (Hedges jt 1995; Haynes jt 2001).

1.2.5. Muud mõjurid ja laia fookusega tööd

Lisaks keskkonningimustele, ajale ja luude omadustele on mõned muutujad veel, mida on vana DNA säilivusega kõrvutatud. Nendeks on liik, indiviidi sugu ja luu töötlemine enne matmist. 2007. aasta uurimuses toodi välja, et sugu võiks säilivust mõjutada, sest naiste ja meeste luud olevat erineva tihedusega (Miloš jt 2007, 487). Samal põhjusel võiks säilivust

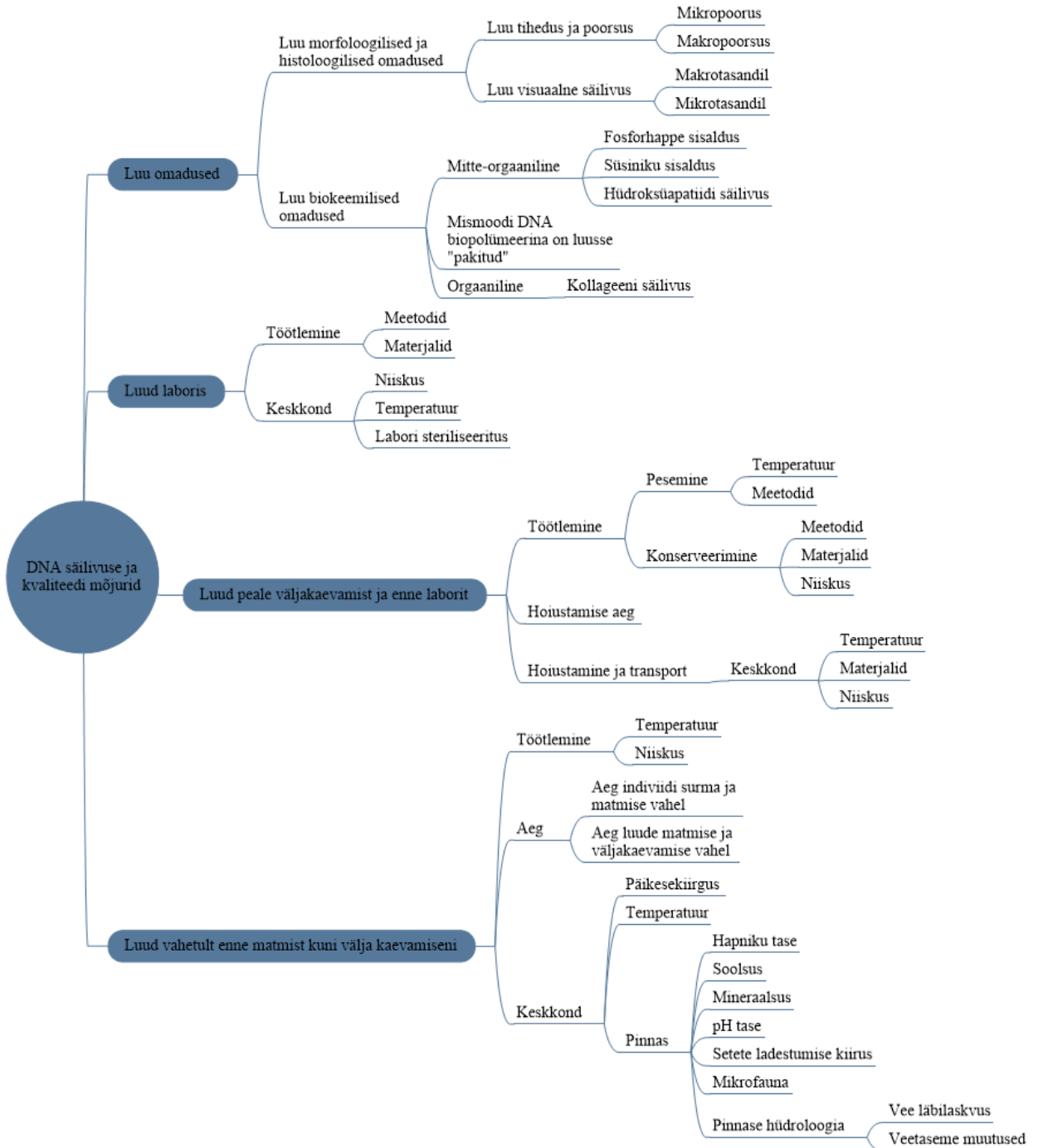
mõjutada ka see, mis liigist isendi luuga on tegemist (Kendall jt 2018, 7). 2021. aastal avaldatud artiklis seost mereimetajate luude tiheduse ja säilivuse vahel ei leitud (Keighley jt 2021). Luu töötlemise puhul on analüüsitud enne matust põletatud säilmeid, millest pole seni DNA-d eraldada suudetud (Hansen jt 2017).

Siiani refereeritud uurimuste puhul on mingil määral analüüsitud erinevaid säilivust mõjutavaid faktoreid, kuid tööde algne eesmärk või uurimisküsimus on olnud pigem kitsas ja lähtunud teistest teemadest. Toon välja mõned uuringud, kus korraga on vaadeldud rohkem muutujaid ning eesmärgiks on olnud välja selgitada, millised neist ja mil määral mõjuvad vana DNA säilivusele. Nende teemapüstitus sarnaneb käesolevale magistritööle. 1999. aastal avaldatud artiklis vaadeldi temperatuuri, pinnase niiskuse ja pH taseme ning luude hoiustamise mõju DNA säilimisele. Varasemate uuringute põhjal oletati, et kõik väljatoodud muutujad on olulised, kuid autorite poolt tehtud statistikas see olulisus ei avaldunud (Burger jt 1999). 2021. aastal avaldati artikkel, milles vaadeldi väga suurt osa seni mainitud mõjutajatest ning järeldati, et olulisemad on matmiskoha tüüp/kontekst, luude väljakaevamise aeg, proovistatud anatoomiline element ja kollageeni sisaldus (Keighley jt 2021, 1162). Seitse aastat varem tehtud töös jõuti väga sarnaste tulemusteni (Elsner jt 2015). Olgugi, et viimases artiklis ei uuritud paljusid 2021. aasta töös käsitletud mõjureid, vaadati seal matmiskoha konteksti veidi täpsemalt. Nimelt olid valimis koobastest, avatud kuivalt maalt ja märgaladelt saadud luuleiud ja autorid rõhutasid oma tulemustes just luu leiukoha konteksti tähtsust. Nende tulemuste kohaselt olid koopad paremaks keskkonnaks kui avamaa.

1.2.6. Vana DNA säilivuse uuringud Eestis

Eestis ei ole vana DNA säilimist eri keskkondades uuritud. Küll aga on Kadri Irdt kirjutanud bakalaureusetöö „Vana DNA proovi kvaliteedi sõltuvus vanusest ja proovile antud visuaalsest hinnangust“ (TÜ, 2018). Töös võrdles ta vana DNA kvaliteeti Eesti alade eri ajaperioodidest (pronksiaeg, rauaaeg ja keskaeg) pärit proovides ja vaatles, kas luude visuaalselt hinnatud hea säilivus korreleerus ka geneetilise materjali kvaliteediga. Selgus, et pronksi- ja rauaaja proovid omavahel oluliselt ei erinenud, kuid keskaja materjalist oli

võimalik eraldada rohkem DNA-d. Visuaalselt paremini säilinud proovidest sai DNA-d samuti rohkem kui halvasti säilinutest.



Joonis 1. DNA säilivuse ja kvaliteedi võimalikud mõjurid.

2. Materjal ja metoodika

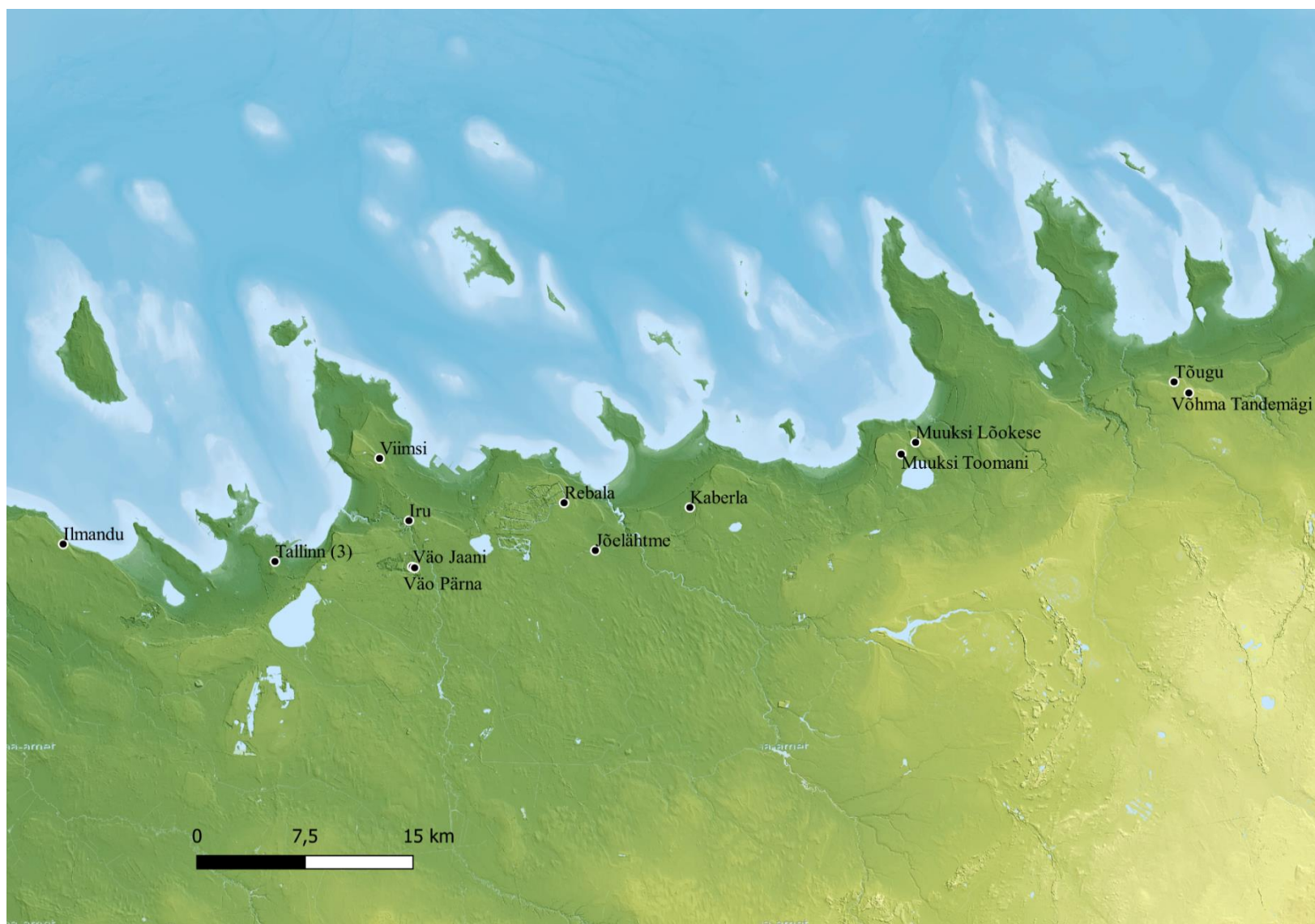
2.1. Materjal

Käesolevas töös kasutatakse kõiki DNA proove, mis on Eesti arheoloogilistest luudest Tartu Ülikooli genoomika instituudi Eesti biokeskuse puhaslaboris teadusprojektide raames eraldatud vahemikus 01.04.2014–15.03.2022. Kokku kasutati 286 proovi 74-st arheoloogilisest muistisest. Neist endogeenne DNA oli säilinud 263 proovis ja DNA puudus 23 proovis. DNA-ta proove ei ole siinses töös eraldi dateeritud. Enamik proove (267) on eraldatud hammastest, ülejäänud kaljuluudest (10) või teistest luudest (9). Hammaste puhul võeti proov DNA analüüsiks hambajuure tipust, kaljuluu puhul kuulmekanaliga külgnevast luu osast (Pinhasi jt 2015).

Mõned proovid, millest küll saadi DNA-d, jäid siinse töö analüüsist välja puuduliku taustainformatsiooni tõttu. Üks proovidest on võetud Lehmja-Loo kalmest leitud luust, kuid ei teata täpselt, kas proov on võetud II, III või IV kalmest. Teada on, et hoidlas olnud karbil oli info: „ruudust 13, kalme põhjalt“ ning karbis olid peamiselt põlenud luud (Liivi Varul suuliselt 17.11.2021). Proovi peanumber on tõenäoliselt AI 4444, kuid selle teadmiseega ei ole võimalik II ja III kalme vahel vahet teha, sest aruanded puuduvad ja kaevamispäevikutest ei saa kindlat vastust (Kristi Tasuja e-kiri 13.10.2022). Valter Langi sõnul ei ole võimalik kahel kalmel täpselt vahet teha, sest need olid nagu „kokku kasvanud“. III kalmeks nimetas Vello Lõugas kivivaret, kust tuli 7.–8. sajandi matuseid, II kalme oli ilmselt algselt kivikirstkalme aga tugevasti lõhutud või ümber tehtud (Valter Langi kommentaar 14.11.2022). Teine proov on Kivisaarest pärit luust. See on kogu konteksti info, mis oli proovi kohta TÜ genoomika instituudi vana DNA andmebaasis dokumenteeritud, seega ei olnud võimalik seda siduda konkreetsete kaevamiste või kontekstiga. Proovist ei ole pilti ega ole teada selle peanumbrit. Tõenäoliselt on tegemist Kivisaare prooviga, mis avaldati Lehti Saagi ja teiste artiklis 2017. aastal (Saag jt 2017).



Joonis 2. Kaart arheoloogiliste leiukohtadega, kust pärinevad töös kasutatud luumaterjal ja DNA proovid. Aluskaart: Maa-amet 2023.



Joonis 3. Põhja-Eesti arheoloogilised muistised, kust pärinevad töös kasutatud luumaterjal ja DNA proovid. Aluskaart: Maa-amet 2023.

2.2. Metoodika

Algselt oli kogu töö käigus kasutatav informatsioon fragmenteeritud ja hajutatud erinevate institutsioonide, teadusprojektide ja kaevamisaruannete andmetabelitesse. Seoses sellega oli vajalik teave koondada ja organiseerida ühtseks tervikuks. Eesmärk oli koondada kontekstiteavet DNA eraldamiseks kasutatud arheoloogiliste luude kohta (nt labori identifikaator, projekti nimi, anatoomiline element). Sellest olulisem oli käesoleva töö statistilisteks analüüsideks vajalik tasutainfo, mis jaotus kolmeks: arheoloogiline (nt muistise nimi, matusetüüp ja kontekst, dateering), keskkondlik (nt koordinaadid, mullaliik) ja bioloogiline (nt endogeense DNA protsent, CT asendused).

2.2.1. Andmete koondamine ja korrastamine

Geneetilise informatsiooni kogumiseks kasutati Tartu Ülikooli genoomika instituudi vana DNA andmebaasi ning suusõnalist ja kirjalikku infot Kadri Irdilt, Lehti Saagilt, Stefania Sassolt, Kristiina Tambetsilt. Arheoloogilise taustainfo kogumiseks kasutati Tartu Ülikooli arheoloogia arhiivis ja Tallinna Ülikooli arheoloogia teaduskogus olevaid kaevamisaruandeid, proovivõtu protokolle, üliõpilastöid ja publikatsioone. Samuti koguti kaevamiste ja proovidega seotud arheoloogide suusõnalist ja kirjalikku infot Riina Juurikult, Aivar Kriiskalt, Valter Langilt, Anu Lillakult, Martin Malvelt, Mati Mandelilt, Marika Mägilt, Anton Pärnalt, Mari Tõrvalt, Heiki Valgult ja Liivi Varulilt, Muististe tausta uurimisel prooviti leida esmaallikaid (aruanded) ja juhul kui see ei õnnestunud, kasutati sekundaarsete allikatena publikatsioone ja üliõpilastöid. Erandjuhtudel on esmaallikale eelistatud sekundaarseid allikaid, näiteks kui esimesed on olnud raskesti kättesaadavad või katkendliku infoga. Käesolevas töös kasutati sekundaarseid allikaid 32 muistise tausta avamiseks. Kõigi töös kasutatavate DNA-d sisaldanud luude kohta koondatud taustainfo on autori valduses.

Mullastikuga seonduv info saadi EstSoil-EH andmebaasist (Kmoch jt 2021), Maa-ameti mullastiku kaardilt (Mullastiku kaart, Maa-amet 2023) ja geograafide – Ain Kulli, Alexander Kmochi ja Evelyn Uemaa – suusõnaliselt ja kirjalikult jagatud teabest. Kaardimaterjali töödeldi vabavaralise QGIS tarkvaraga (QGIS Development Team 2023). EstSoil-EH andmebaas ja Maa-ameti Mullastiku kaart ühendati selleks QGIS rakendusega Alexander Kmochi abiga.

Proovidega seotud analüüsitavad andmed on kättesaadavad andmebaasi kujul lisas 2. Kõikide analüüsis kasutatavate DNA-d sisaldanud luude kohta koostati ka arheoloogilise tausta uuringud.

Andmebaasis kättesaadav info on järgmine.

- Proovide identifikatsiooniga seotud info:

1. Tartu Ülikooli genoomika instituudi puhaslaboris kasutatud proovi identifikaator, nn ID number (ingl *LabID*).
2. Arheoloogilise proovi laborisse jõudmise kuupäev (ingl *Intake Date*).
3. Projekt, mille käigus proovi analüüsiti.
4. Tartu Ülikooli genoomika instituudi vana DNA andmebaasis dokumenteeritud muististe nimed (ingl *Site Short ID, Archaeological Site ID Official*).

- Arheoloogiline informatsioon:

5. Luu/hamba peanumber.
6. Muistise täpne asukoht (maakond, koordinaadid).
7. Arheoloogiline taustainfo (nt matusetüüp analüüsiks).
8. Kalmetüüp ja number.
9. Matuse kontekst.
10. Matuse ja/või luustiku number.
11. Luukogumi/luu nr.
12. Matuse sügavus.
13. Kaevanud arheoloog(id).
14. Kaevamiste algus- ja lõpuaasta.

15. Kas on tehtud radiosüsiniku dateering või on dateering kontekstipõhine, vastavalt sellele konteksti põhine dateering algus, konteksti põhine dateering lõpp, ^{14}C dateering, ^{14}C labori identifikaator (ingl *Lab ID*), ^{14}C kalibreeritud dateering algus, ^{14}C kalibreeritud dateering lõpp, ^{14}C kalibreeringu tõenäosus (kasutati OxCal 4.4 programmi (Bronk, Ramsey 2020) IntCal 20 andmestikuga (Reimer jt 2020)).

- Keskkonnaga seotud informatsioon:

16. Asukohapõhine mullastiku info (EstSoil I ja II lõimis ning nende sügavus mm, USDA *texture class* I ja II lõimis ning nende sügavus mm, Maa-ameti Mullastiku kaardi I (ja II) mulla tüüp ning Ain Kulli määratud asukohapõhised pH tasemed).

- Bioloogiline informatsioon:

17. Bioloogiline taustainfo (sugu, proovi tüüp, anatoomiline element).

18. Endogeense DNA protsent, keskmine genoomne katvus, CT asenduste arv.

- Muu info:

19. Arheoloogiline periood, foto luust vahetult enne proovi võtmist, proovi eest vastutav kontakt geneetikute seas ja kontakt arheoloogide seas.

Töö teises etapis otsustati tuvastada ning lisada analüüsi ka DNA-ta proovid. Käesolevas uurimistöös kasutati neid DNA-ta proove, mis pärinesid muististelt, kust õnnestus siiski saada DNA-d teistest luudest.

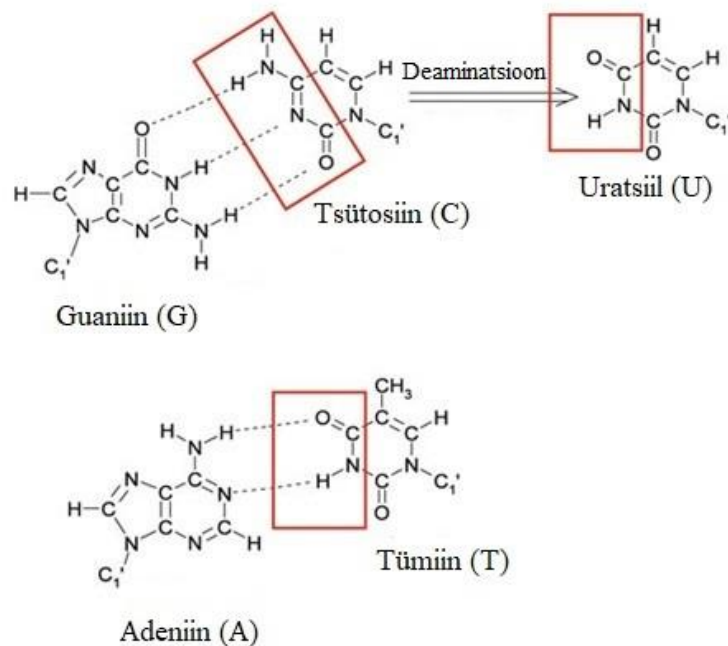
2.2.2. Statistiline analüüs

2.2.2.1. Statistiliste testide aluseks olevad muutujad

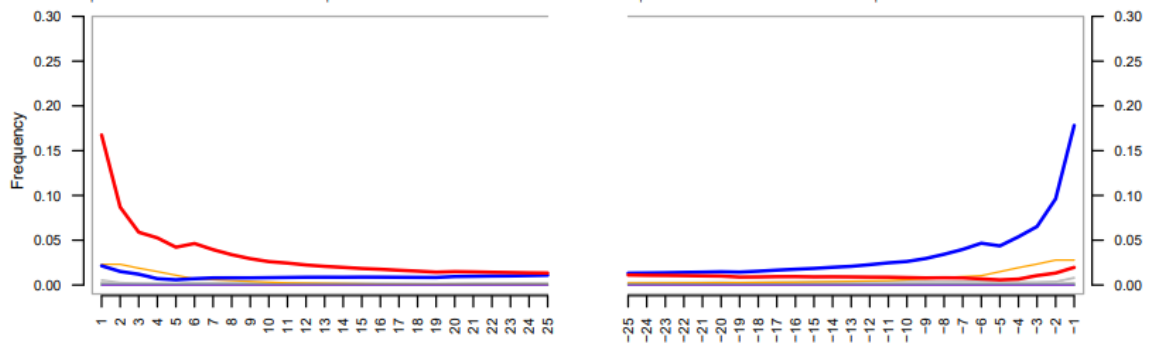
Vana DNA säilivuse iseloomustamiseks valiti näitajad nagu endogeense DNA protsent ja CT asendused. Endogeenne DNA viitab geneetilisele materjalile, mis on pärit uuritava organismi, käesoleval juhul inimese rakust, sinna kuulub autosomaalne, X ja Y kromosoomi DNA ning mitokondriaalne DNA. Endogeense DNA termin on eristamaks seda geneetilisest materjalist, mis pärineb bakteritelt, seentelt ja mikroorganismidelt või on proovis kontaminatsiooni tõttu ehk kaasaegselt inimeselt (Poinar jt 2006, 392). Selle protsent näitab, kui palju geneetilisest materjalist, mis luust oli võimalik kätte saada, kuulub indiviidile, kelle

luud proovistati (Damgaard jt 2015, 1). Kõrgem endogeense DNA protsent näitab, et võimalus geneetilist informatsiooni saada on suurem, sest proovi kvaliteet on parem.

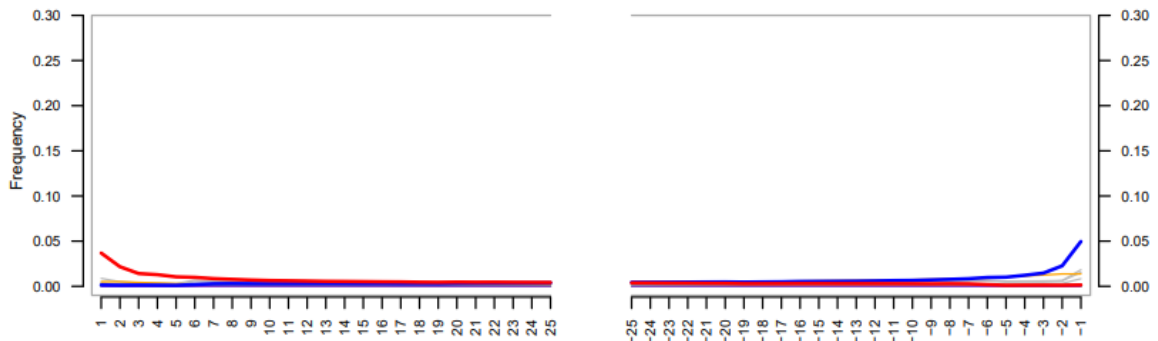
Tsütosiini asendumine tümiiniga (nn CT asendus) tekib ühe DNA nukleotiidi koosseisu kuuluva lämmastikaluse tsütosiini (C) deaminatsioon tagajärjel, mille käigus tsütosiin kaotab aminogrupi ja muutub uratsiiliks (U) (Rasmussen jt 2010, 758; Hsu jt 2022, 1). DNA esineb elusorganismides enamjaolt kaheaheelalisena, kus ahelatevahelised vesiniksidemed tekivad kindlate lämmastikaluste – tsütosiini ja guaniini ning tümiini ja adeniini – paardumisel. DNA ahelas puudub uratsiil, mistõttu sekvenaatoris loetakse see tümiinina (T), mis paardub adeniiniga – seega kajastub see uuritava liigi referentsgenoomiga võrrelduna asendusena. Elusolendil on selliste muutuste likvideerimiseks olemas parandusmehhanismid, mis aga lõpetavad töötamise peale surma (Dabney jt 2013, 1), mistõttu keemiliste reaktsioonide tagajärjel toimunud muutused kuhjuvad. CT asendusi kasutatakse seega DNA kahjustuste hindamiseks, need kuhjuvad eelkõige DNA fragmentide otstes ning asenduste sagedust väljendatakse protsentides nukleotiidi kohta võrrelduna referentsgenoomiga. CT asenduste kõrge sagedus DNA fragmentide otstes on vana DNA autentsuse tunnistajaks.



Joonis 4. Tsütosiini deaminatsioon ja adeniini side tümiiniga (Békési, Vértessy 2011, 28).



Joonis 5. Irust pärit luu (IRU002) CT asenduste sagedus. Analüüs on teostatud programmiga mapDamage 2.0 (Jónsson jt 2013) Lehti Saagi poolt.



Joonis 6. Siksäläst pärit luu (SIK012) CT asenduste sagedus. Analüüs on teostatud programmiga mapDamage 2.0 (Jónsson jt 2013) Stella Eileen Päidi poolt.

Väljatoodud DNA säilivust iseloomustavaid väärtusi nagu endogeense DNA osakaal ja CT asenduste sagedus DNA fragmendi (5') otsas, võrreldi muutujatega, mis esinevad kontekstides, millest proovistatud luud pärit on. Nendeks muutujateks on mullatüüp (selle pH tase ja niiskus), matusetüüp, luude vanus ja luude välja kaevamise aeg ehk hoiustamise periood. Esimene eesmärk oli uurida, kas pinnas mõjutab vana DNA säilimist, sest seda on seni suhteliselt vähe käsitletud. Töö käigus täpsustusid ja lisandusid analüüsis kasutatavad keskkonna parameetrid vastavalt sellele, mida peeti otstarbekaks ja mida oli võimalik välja uurida.

Töö esimeses etapis analüüsiti mulla mõju lõimise põhiselt, kuid Ain Kulliga⁷ konsulteerides sai selgeks, et hetkeseisu täpsusastmel ei ole põhjendatud ainult lõimiseid analüüsida. Lõimise klassifitseerimine on suhteliselt tinglik, näiteks kui mulla lõimiseks teatud asukohas on märgitud saviliiv, siis saviliiv on seal domineeriv, aga kindlasti esineb ka teisi fraktsioone. Lisaks segatakse eelkõige maahaudade rajamise puhul kogu pinnas segamini, sealhulgas lõimised ja kihistused (Ain Kull suuliselt 12.12.2022).

pH taset oli võimalik uurida tänu koostööle Ain Kulliga, kes määras koordinaatide põhiselt asukohtade pH tasemed või vahemikud. Üldiste, mullaliigi põhiste pH tasemete vahemikega oleks analüüs olnud palju hüpoteetilisem. Samas on ka kasutatavad pH tasemed hinnangulised, kuna ei ole määratud pinnaseproovidest, mis võetud DNA proovideks kasutatud luude juurest.

Proovistatud luud ümbritsenud pinnase niiskustaseme infot ei ole võimalik tagantjärgi välja uurida, mistõttu otsustati analüüs viia läbi mullaliikide omaduste põhjal tehtud jaotustena. Tulenevalt valimi kitsaskohtadest oli käesolevas töös pinnase niiskuse mõju võimalik uurida vaid ühe jaotuse põhiselt: võrreldes erodeeritud ning liiv- ja kruusmuldasid teiste mullaliikidega.

Matusetüüp lisati analüüsi, sest eeldatavasti võiksid vastavalt matuse tüübile varieeruda ka keskkonnamõjud (nt niiskuse ja hapniku ligipääs, mikrofauna). Kui selline seos tegelikult eksisteerib on see tõenäoliselt varjutatud, kuna matusetüübid on omakorda väga tugevalt seotud aja ja mineviku kultuuripiirkondadega.

Analüüsi parameetriteks olid ka luude vanus ja väljakaevamise aeg ehk hoiustamise periood. Luude vanusega võiks DNA lagunemisel olla seos mistõttu võiks erinevatest perioodidest leitud luud anda erinevaid tulemusi. Hoiustamise aja analüüsimise mõju taga on aga teisigi

⁷ Tartu Ülikooli loodus- ja täppiseaduste valdkonna, ökoloogia ja maateaduste instituudi loodusgeograafia kaasprofessor.

põhjuseid. Eeldatavasti on ühtlasi olulised mõjutajad hoiustamise jaoks kasutatavad meetodid ja materjalid.

Kogutud andmeid kasutati statistilises analüüsis. Analüüside läbiviimiseks kasutati kahte tarkvara – R (R Core Team 2023) ja JASP (JASP Team 2023). R on vaba tarkvara statistiliseks arvutuseks ja graafikute loomiseks. R annab võimaluse kirjutada ja käivitada statistilisi analüüse erinevate funktsioonide abil, mis on saadaval R-i laienduste (nn pakettide) kujul. JASP on samuti vaba tarkvara, mis sisaldab graafilist kasutajaliidest, mis teeb andmete importimise, analüüsimise ja tulemuste tõlgendamise lihtsaks.

Andmete iseloomustamiseks kasutati erinevaid kirjeldavaid statistikuid (nt aritmeetiline keskmine, standardhälve, miinimum ja maksimum) ja nende visualiseerimiseks graafikuid (kast-, tulp- ja struktuurdiagrammid), mille abil hinnati andmete jaotust ja tuvastati erandlikke väärtusi.

2.2.2.2. Töös kasutatud statistilised testid

Pidevate tunnuste (endogeense DNA osakaal ja CT asenduste sagedus) analüüsimiseks kasutati dispersioonanalüüsi ANOVA (*Analysis Of Variance*) ja Tukey HSD (*Honestly Significant Difference*) ja loodi lineaarse regressiooni mudeleid. Nende kõigi eesmärk on vaadata, kas ja kuidas vana DNA säilivust iseloomustavad tunnuseid mõjutavad töösse kaasatud tegurid.

ANOVA testi kasutati, et vaadata, kas mõjutegurite kategooriate vahel endogeense DNA osakaal ja CT asenduste sagedus erinevad. Testi tulemuseks on F-statistik (F), mis väljendab numbriliselt, kas ja kui palju varieeruvus rühmade vahel on suurem, kui naturaalne andmestiku varieeruvus, ehk see, mida testi parameetrid ei selgita (Field jt 2012, 405–407). Selle statistiku olulisuse hindamiseks on välja toodud olulisuse tõenäosus ehk p-väärtus (ingl *p-value*) (p). Olulisuse tõenäosus hindab andmestiku jaotust ja annab F-statistikule konteksti (Sauga 2017, 365). See peegeldab tõenäosust jõuda sama mudelini ehk saada sama või

suurem F-statistik, olukorras, kus kogumid üksteisest tegelikult ei erine ehk nullhüpotees peab paika. Teisisõnu väljendab p-väärtus, kui palju tõendeid on nullhüpoteesi ümber lükkamiseks.

Tukey HSD testi kasutati konkreetsete erinevuste avastamiseks rühma keskmise vahel, kui dispersioonanalüüsi tulemus oli statistiliselt oluline. Statistilist olulisust seal hinnati samuti olulise tõenäosuse alusel. See järeltest kõrvutab sõltumatu muutuja tasemeid omavahel, võttes arvesse, et võrdluste arvuga suureneb esimest liiki vea tõenäosus (Field jt 2012, 431).

Lineaarse regressiooni eesmärk oli vaadata, kas ja mismoodi on pidevad tunnused omavahel seoses. Seoste illustreerimiseks on tehtud hajumisdiagrammid. Nendelt on mingil määral ka visuaalselt võimalik hinnata, kas seost võiks olla ning mis on selle suund ja tugevus (Sauga 2017, 389–390). Lineaarse regressiooni puhul on lisaks F-statistikule ja olulisuse tõenäosusele oluline näitaja determinatsioonikordaja ehk R ruudus (R^2). See näitab, kui hästi regressiooni joon selgitab käesolevat andmestikku, see tähendab, kui suurt osa variatsioonist sõltuvas muutujas on seletatav sõltumatu muutujaga. Regressioonanalüüsi väljund R-i tarkvaras hõlmab kahte varianti R väärtusest (ingl *Multiple R-squared*, *Adjusted R-squared*) (Field jt 2012, 257–259). Töös kasutati väärtust *Adjusted R-squared*, kuna seose tugevuse vaatamiseks on see parem, sest selle arvutamisel arvestatakse sõltumatute muutujate arvu ja proovide arvu andmestikus (Field jt 2012, 273).

F statistik näitab, kui sobilik on regressioon andmestiku varieeruvuse selgitamiseks ja R^2 näitab, kui suurt osa Y (üks sõltuva muutuja) varieeruvusest on selgitatav X (üks sõltumatu muutuja) tõttu (Sauga 2017, 467–468). Mõlemad hindavad mudeli sobivust andmestikuga aga F-test näitab, kas mudel tervikuna on statistiliselt oluline ehk, kas mudel seletab sõltuva muutuja hajuvusest ära suurema osa, kui juhuslikult võiks eeldada. R^2 näitab, kui hästi mudel sobib andmetega. P-väärtus peegeldab ka siin tõenäosust jõuda sama mudelini ehk saada sama või suurem F-statistik, olukorras, kus kogumid üksteisest tegelikult ei erine ehk nullhüpotees peab paika (Sauga 2017, 473–474). F-statistik muutub seda olulisemaks, mida rohkem muutujaid analüüsi lisatakse, see võimaldab mudeleid omavahel võrrelda.

Lineaarse regressiooni puhul on oluline ka jääkväärtuste jaotus. Lineaarses regressioonis on oluline vaadata jääkväärtuste jaotust, sest kui need ei jaotu normaalselt, tähendab see, et käesolev mudel ei ole väga hea suhte kirjeldamiseks. Jääkväärtused on ennustatud väärtuste ja tegelike vaatlusväärtuste vahe ning kui need on keskmise suhtes kaldu, tähendab see, et mudel ei kirjelda andmete mustrit täpselt (Sauga 2017, 434–435). Sellistel juhtudel võib olla vajalik kaaluda alternatiivseid mudeleid. Jääkväärtuste jaotust vaadati mudelite puhul, mis eelnimetatud parameetrite järgi suhet hästi kirjeldasid.

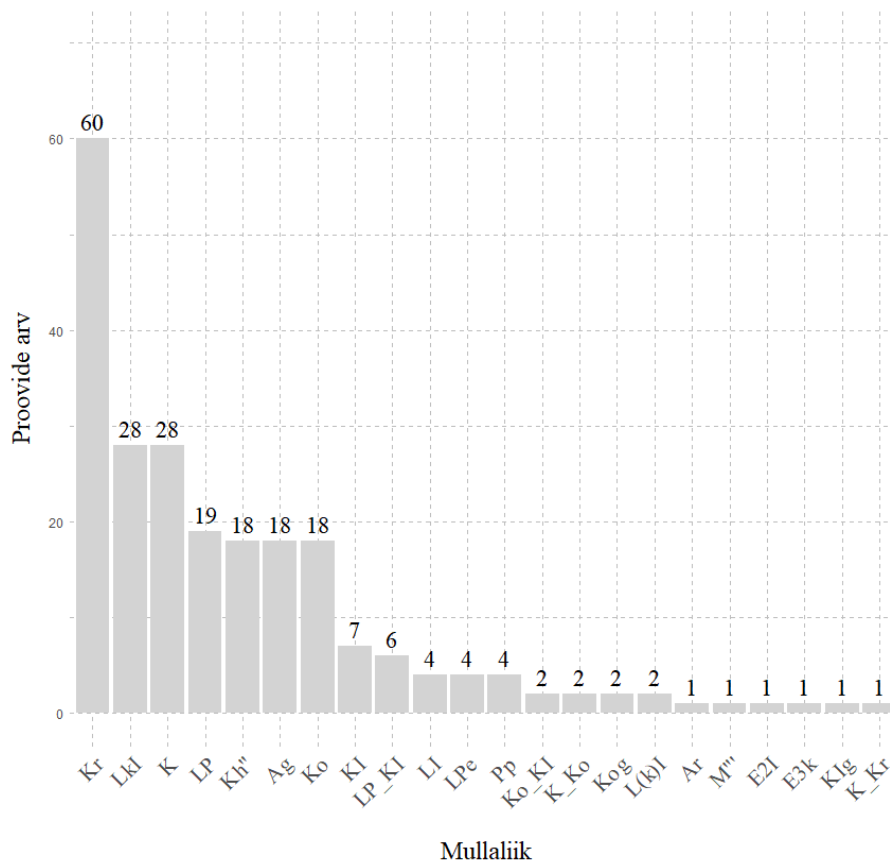
Lineaarse regressiooni mudelitele lisati ka usaldusvahemik. Usaldusvahemik annab käesolevate andmete põhjal tõeste regressioonijoone väärtuste ulatuse (Sauga 2017, 437–438). Töös on kasutatud regressioonijoone jaoks 95% usaldusvahemikku. Vahe reaalse regressioonijoonega on see, et regressioonikordajad arvutati valimi põhjal ning need esindavad parimat hinnangut suhte kohta põhinedes olemasolevatel andmetel. Siiski võivad nende väärtused erineda tõelistest populatsiooniväärtustest valimivea tõttu ja seda väljendabki usaldusvahemik (Field jt 2012, 43–46).

Olulisuse tõenäosuse ehk p-väärtuse lävendiks võeti nivoo 0,05. See tähendab, et kui nähakse statistilist erinevust, siis on 5% võimalus, et tehakse I tüüpi viga ehk nullhüpooteesi tagasilükkamisel leitakse seos kahe muutuja vahel, kuid tegelikult seost ei ole (Field jt 2012, 56–57). Töös on arvestatud, et sel juhul on piisavalt tõendeid, et nullhüpootees ümber lükata. Sama olulisusnivood on kasutatud ka varasemates uurimustes (nt Keighley jt 2021, Higgins jt 2015).

3. Proovide ja proovivõtukohtade kirjeldav analüüs

3.1. Pinnas ja pH tase

Töös kasutatavad proovid pärinevad arheoloogilistest muististest, mille asukohtades on kokku 19 erinevat mullaliiki ja neli nendevahelist kombinatsiooni ehk kokku 22 erinevat mullalist keskkonda (joonis 7). Mullaliigi määrang on olemas luudel, v.a nendel, mis leiti linnadest (58 proovi). Linnades pole mullaliigid kaardistatud, sest need on inimtegevuse tagajärjel muudetud ja osaliselt hävinud ning neid nimetatakse tehismuldadeks (Astover jt 2012, 268). Mõnel juhul on võimalik linnades mullaliik määrata eksperditeadmiste põhjal ümbrust tundes, ent siinses töös seda tehtud pole.



Joonis 7. Vana DNA proovide jaotumine erinevates mullaliikides.

Mullaliikide lühendid on järgmised: Ag – gleistunud lammimuld, Ar – sooldunud primitiivne muld, E2I – keskmiselt erodeeritud leetunud muld, E3k – tugevasti erodeeritud rähkmuld, K – rähkmuld, Kh" – õhuke paepealne muld, Kl – leetjas muld, Kl_g – gleistunud leetjas muld, Ko – leostunud muld, Kog – gleistunud leostunud muld, Kr – koreserikas rähkmuld, L(k)l – nõrgalt leetunud huumuslik leedemuld, Ll – nõrgalt leetunud leedemuld, Lkl – nõrgalt leetunud muld, LP – kahkjas muld, LPe – nõrgalt erodeeritud kahkjas muld, M''' – sügav madalsoomuld, Pp – paljandpinnas. Kombinatsioonide lühendid on järgmised: K_Ko – rähkmuld ja leostunud muld, K_Kr – rähkmuld ja koreserikas rähkmuld, Ko_Kl – leostunud muld ja leetjas muld, LP_Kl – kahkjas muld ja leetjas muld.

Jooniselt 7 on näha, et proovide arv varieerub märkimisväärselt eri muldade vahel. Seepärast mõeldi koostöös Ain Kulliga välja jaotused, mis võimaldaksid analüüsida eri mullaliikide koosmõju vana DNA lagunemisele ja luua statistiliseks analüüsiks võimalikult võrdsed üksused, et proovide arvud oleksid võrreldavad.

Käesoleva töö andmebaasis jagus piisavalt proove, et teha kaks jaotust. Esimeses eristati tugevasti ja keskmiselt erodeeritud mullad ja lõimise järgi liiv- või kruusmuldasid teistest mullaliikidest (Ain Kull suuliselt 12.12.2022). Erodeeritud muldadel esineb pindmise mullakihi ärauhe sademe- või lumesulamisveega, millest annab tunnistust erodeeritud huumusehorisont ja õhenenud muldkate (Astover jt 2012, 381).

Erodeeritud muldasid on võimalik eristada mullaliigi põhiselt, kuid ühe mullatüübi piires võib esineda erinevaid lõimiseid, mistõttu tehti siin jaotus muistisepõhiselt. Jaotus tehti eeldusel, et muistised, mis on tugevalt ja keskmiselt erodeeritud ja lõimise järgi liiv- või kruusmuldadel, on põuakartlikud. Erodeeritud mullad ning liiv- ja kruusmullad on kõik hästi kuivad. Siinsel juhul on sobiv vaadata lõimist, sest kui ta on sõre (ainult liiv või kruus), siis on muld tõenäoliselt kuiv (Ain Kull suuliselt 12.12.2022). Selle töö andmebaasis on erodeeritud mullad E2I (Välgi), E3k (Vaabina); liivmullad Jõuga, Kudruküla II, Kunila I,

Kunila II, Lindora, Naakamäe, Raatvere, Rock City, Riigiküla I, Siksälä, Soe, Sope I, Sope II, Veibri, Viimsi, Vana-Kuuste; ning kruusmullad Kivisaare I, Kivisaare.

Teises jaotuses eristati Lõuna-Eesti muistised Põhja- ja Lääne-Eesti muististest (k.a saared) (Ain Kull suuliselt 12.12.2022). Erinevus jaotuste vahel tuleneb eeskätt lähtekivimist. Mulla lähtekivimiks nimetatakse mullatekkeprotsessist haaratud pinnakatte (mõnel juhul aluspõhja) ülemist osa. Aluspõhja kivimid on lähtekivimiks ainult 3%-l Eesti territooriumist. Enim levinud on lubjakivi, seda eelkõige Põhja-Eestis ja saartel. Ülejäänud Eestis on lähtekivimiks pinnakattelised setted (Astover jt 2012, 59).

Mulla mineraalsete lähtekivimite järgi on Eestis võimalik teha vähemalt seitse jaotust (sammas, 59: 2.9). Käesoleva töö muististe paiknemist arvesse võttes jaotati need maakondade alusel kahte rühma. Lõuna-Eesti maakonnad on siinses töös Tartumaa, Valgamaa, Viljandimaa, Võrumaa. Põhja- ja Lääne-Eesti (k.a saared) maakonnad on Harjumaa, Ida-Virumaa, Lääne-Virumaa, Jõgevamaa, Raplamaa, Läänemaa, Pärnumaa ja Saaremaa. Enamus Põhja- ja Lääne-Eesti (k.a saared) mullad on levinud moreenmaastikul, mille lähtekivimiks on peamiselt lubjakivid ja dolomiidid, kohati paljandub paas (sammas, 272). Selle piirkonna aluspõhja setted ja neile kujunenud lähtekivimid on aluselisemad (Astover, Leedu 2019, 3). Lõuna-Eestis on aluspõhjaks peamiselt liivakivi savi vahekihtidega, kaguosas ka dolomiitjad lubjakivid. Aluspõhi on kõikjal kaetud pinnakattega, milleks on valdavalt punakaspruun moreen (Astover jt 2012, 273). Lõuna-Eesti liivakivil põhinevad mullad on happelisemad (Astover, Leedu 2019, 3).

Sisuliselt oleks võimalik teha veel jaotusi. Näiteks võiks turvasmullad eraldada kõigist teistest mullaliikidest (Ain Kull suuliselt 12.12.2022). Turvasmuldades on liigniiske keskkond, nendest niiskemad on vaid veealused mullad (Kõlli 2003, 48). Turvasmuldade hulka kuuluvad madal- ja siirdesoomullad ning rabamullad (sammas, 42). Turvasmuldade puhul on veel lisaks võimalik vaadata ka happelisuse rolli DNA lagunemises, sest turvasmuldade happelisus on kõrge, see jääb vahemikku 2,5–6,5 (Astover jt 2012, 377; 380). Käesolevas töös oleks turvasmuldadest (M^{III}) aga vaid üks proov. Arvestades väga

ebavõrdseid proovide koguseid, mis selliste jaotuste tegemisel analüüsimiseks jääksid, otsustati siin töös neid mitte kasutada. Tulevikus, kui on kasutada suurem andmebaas, oleks huvitav neid siiski analüüsida.

Enamik Eestis seni tehtud vana DNA proove on pärit muististest Lõuna- ja Põhja-Eesti maakondadest ning arvestataval määral ka Saaremaalt. Tabelist 1 ilmneb, et proovide jaotumine erinevate mullaliikide vahel ei ole maakondade lõikes ühtlane. Ühest küljest on see seotud kalmistute rajajate elukohtade ja traditsioonidega, teisest küljest arheoloogide uurimishuvidega praegu ja ka varem. See tähendab, et Eestis on piirkondi, kus on tehtud rohkem uuringuid, mispärast on muistiseid neilt aladelt teada rohkem. Vähemuuritud on Kesk-Eesti, näiteks Järvamaa (Lätti 2004, 123).

Samas ei ole ka see seos nii selgepiiriline, sest mõned muistised ongi levinud ainult teatud piirkondades. Näiteks on kivikirstkalmed, varased tarandkalmed ning laev- ja kangurkalmed peamiselt levinud Põhja-Eesti rannikuvööndis ja Lääne-Eestis ning saartel (Kriiska jt 2020, 211; 217). Haudade rajamisel on asukohavalikut mõjutanud kombed, uskumused ning paiknemine maastikuelementide ja asulate suhtes. Noorema kiviaja maahauad rajati tavaliselt elupaika või selle lähedale (samas, 147). Maahaudkalmistute puhul võis olla oluline liivane või kruusane suhteliselt kuiv ja kergesti kaevatav pinnas. Kivikalmete puhul on samuti olemas selged paiknemisloogikad, näiteks asetsevad kivikirstkalmed tavaliselt rühmiti (samas, 211). Tarandkalmete tarandite arv ja paiknemine üksteise suhtes varieerub tüübiti, varajaste juures võib esineda ka kirste või kirstulaadseid konstruktsioone (samas, 217–219; 266).

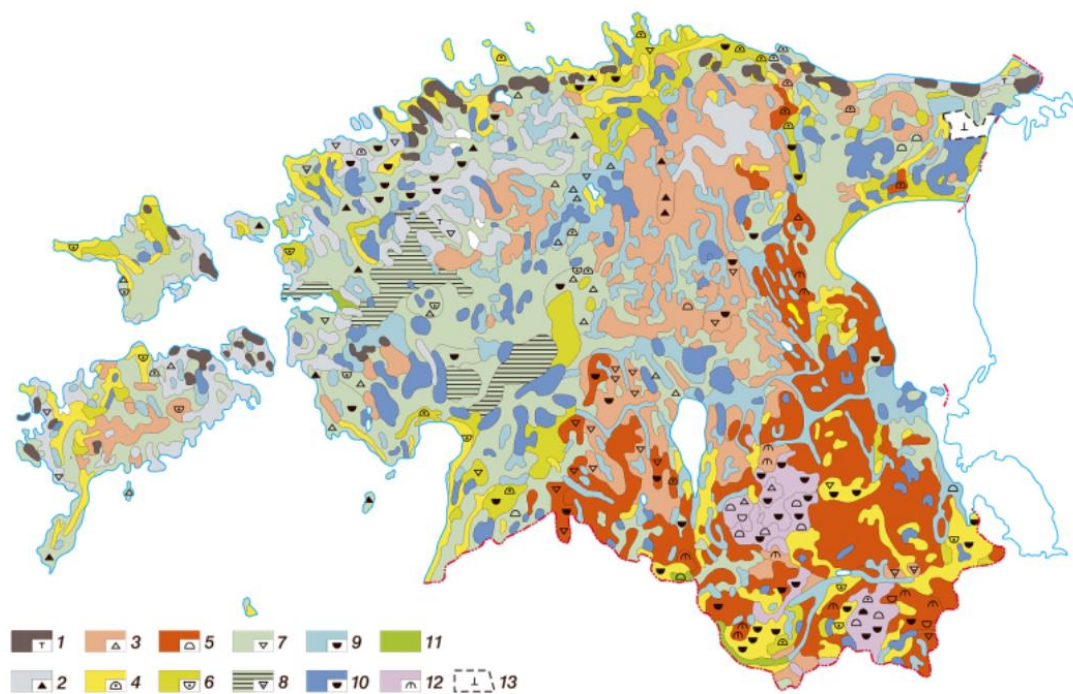


Joonis 8. Vana DNA proovide arv maakonniti. Aluskaart: Maa-amet 2023.

Tabel 1. Erinevatest mullaliikidest pärit proovide jaotumine maakonniti (v.a proovid linnadest).

Mullaliik	Harju maakond	Ida-Viru maakond	Jõgeva maakond	Lääne-Viru maakond	Lääne maakond	Pärnu maakond	Rapla maakond	Saare maakond	Tartu maakond	Võru maakond	Valga maakond	Viljandi maakond	Kokku
Ag		3							15				18
Ar						1							1
E2I									1				1
E3k										1			1
K		2		1	3		4	16				2	28
KI	3		2						1			1	7
KI _g									1				1
K_Ko						2							2
K_Kr									1				1
Kh ^{'''}	12	2					2	2					18
Ko				1		1			3			13	18
Ko_KI	2												2
Kog		2											2
Kr	6	32		8				14					6
L(k)I		2											2
LI										4			4
LP									16			3	19
LP_KI											6		6
LPe										4			4
LkI		1							5	22			28
M ^{'''}	1												1
Pp	3							1					4
Kokku	27	44	2	10	3	4	6	34	42	31	8	17	228

Joonise 8 ja tabeli 1 põhjal on võimalik järeldada, et üldiselt on siinses valimis maakondade lõikes paremini esindatud need mullaliigid, mis ongi vastavas maakonnas enamlevinud. Näiteks on leete- ja leetunud liivmuldasid ning kahkjaid ehk näivleetunud saviliivmuldasid liivsavil ja liivsavimullal (joonisel 9 4. ja 5. jaotuses) Lõuna-Eestis rohkem kui mujal ning selle töö valimis on need mullaliigid ka sealt pärit. Samamoodi on leostunud ja leetjad liivsavimullad (hallikaskollasel moreenil) (joonisel 9 3. jaotus) levinud Järva-, Jõgeva- ja Lääne-Virumaa eri osades ning käesolevas töös neli luud viimasest kahest maakonnast väljatoodud jaotusesse ka kuuluvad. Kaheksa Lääne-Virumaa proovi on rähksest mullast, mis on veidi vähem levinud, aga mida esineb märgatavalt just seal maakonnas (joonisel 9 2. jaotus).



Joonis 9. Mullatüüpide jaotumine Eestis (Rooma, Voiman). Tingmärgid: 1 – paepealsed liivsavimullad ehk paepealsed rendsiinad, 2 – rähk-liivsavimullad ehk rähksed rendsiinad (kollakashallil moreenil), 3 – leostunud ja leetjad liivsavimullad (hallikaskollasel moreenil), 4 – leede- ja leetunud liivmullad, 5 – kahkjaid ehk näivleetunud saviliivmullad liivsavil ja liivsavimullad (Lõuna-Eestis punakaspruunil, Kesk-Eestis kollakaspruunil moreenil), 6 – leet-glei-liivmullad, 7 – gleiliiv-, savi-, liiv-, savi-, liivsavi- ja mitmekihilise lõimisega

mullad, 8 – glei-savimullad, 9 – madalloomullad, 10 – raba- ja siirdesoomullad, 11 – lammimullad, 12 – mitmesugused erodeeritud, erosiooniohtlike, deluviaal-, glei- ja soomuldade kompleksid künklikus maastikus (liiv-, saviliiv- ja liivsavimullad), 13 – põlevkivikarjäärade puistangualade tehismullad ja pinnased. Viie esimese muldade rühma koosseisu kuuluvad ka vastavad gleistunud mullad. Tingmärgid tähistavad teise mulla (teiste muldade) esinemist valdava mulla kontuuris.

Siinse töö andmestikku mõjutab oluliselt see, et Lõuna- ja Põhja- ning Lääne-Eestist (k.a saared) on arheoloogilisi muistiseid, kust on uurimistöö küsimusest lähtuvalt või materjali rohkuse pärast võetud palju rohkem proove kui teistest piirkondadest. Näiteks Kukruse ja Siksälä suur proovihulk tuleneb sellest, et need on kalmistud, mida uuritakse sinna matnud kogukonna sugulussuhete selgitamiseks. Enamikust muististest (67) on 1–7 DNA proovi. Märnatavalt rohkem proove on muististest, mis on esitatud allolevas tabelis 2.

Arheoloogid valivad vana DNA analüüsiks proove eelkõige konkreetse teadusküsimuse põhjal, mis on seotud muistise tüübi ja huvipakkuva ajastu järgi, kuid valiku tegemisel võetakse arvesse ka luu visuaalset säilivust. Siiski ei ole võimalik uurida näiteks seda, kas on teatud mullaliike, mida arheoloogid võiksid proovistamiseks luude otsimisel vältida, sest sealsed luud on visuaalselt halva säilivusega. Uurimisküsimus on sedavõrd olulisem, et DNA proovide tegemiseks antakse ka n-ö halva visuaalse säilivusega luud, näiteks rauaaegsed Lepna luud Saaremaalt.

Tabel 2. Prooviderohked muistised (v.a proovid linnadest).

Asukoht (proovide arv muistisest)	Maakond (proovide arv maakonnas)	Mullaliik (proovide arv mullaliigis)	Piirkond Eestis
Kukruse (32)	Ida-Virumaa (44)	Kr (60)	Põhja- ja Lääne-Eesti
Siksälä (22)	Võrumaa (31)	Lkl (28)	Lõuna-Eesti
Veibri (15)	Tartumaa (42)	Ag (18)	Lõuna-Eesti
Kivisaare, Kivisaare I (17)	Viljandimaa (17)	Ko (18)	Lõuna-Eesti
Liiva-Putla (12)	Saaremaa (34)	Kr (60)	Põhja- ja Lääne-Eesti

Tabelist 2 on näha, et näiteks Siksälä proovid moodustavad Võrumaa ja mullaliigi Lkl (nõrgalt leetunud muld) proovidest pea 80%. Kivisaare ja Kivisaare I moodustavad Viljandimaa proovidest koguni 100% ja mullaliigi Ko (leostunud muld) proovidest 94,4%.

Tabelist 3 on näha, et kui võtta valimist välja prooviderohked muistised, ei kao ära ükski mullaliik, seega on muldasid jätkuvalt 22 tüüpi, kuid nüüd 67 kohast. Mullaliikide proportsioonid jäävad enam-vähem samaks, see tähendab, et ükski mullaliik ei esine teistest tunduvalt sagedamini. Endogeense DNA protsendi varieeruvus jääb ka põhimõtteliselt samaks ja on vaid väikeste muutustega. On näha, et mullatüüpidel, kust proove on palju, on nüüd endogeense DNA protsendi mediaanväärtus langenud liikides Ko ja Kr ning natukene tõusnud Ag puhul. Palju on muutunud nende mullaliikide endogeense DNA protsendi varieeruvus. Mullaliigi Ag puhul on endogeense DNA protsendi standardhälve koos prooviderohkete muististega 14; Kr puhul 23; Ko puhul 19; Lkl puhul 25. Vaadates standardhälvete väärtusi tabelis 3, on võimalik järeldada, et nende muististe eemaldamisel väärtused muutusid. Samas ei muutunud kõik väärtused väiksemaks, näiteks Ko puhul muutus see suuremaks, mis tähendab, et kallutatus on juhuslik.

See tähendab, et isegi kui võtta valimist välja muistised, millest on palju proove, on valimis siiski mullaliike, millest on palju rohkem proove ja need on siinse töö kontekstis ülesindatud. Samas on kallutatus, mida prooviderohked muistised tekitavad, näha siis, kui võrrelda endogeense DNA protsendi standardhälvet enne ja pärast prooviderohkete muististe eemaldamist analüüsist.

Tabel 3. Ilma prooviderohkete muististeta mullaliigid, nendest pärit proovide arv, endogeense DNA protsendi aritmeetiline keskmine, standardhälve, miinimum ja maksimum (v.a proovid linnadest).

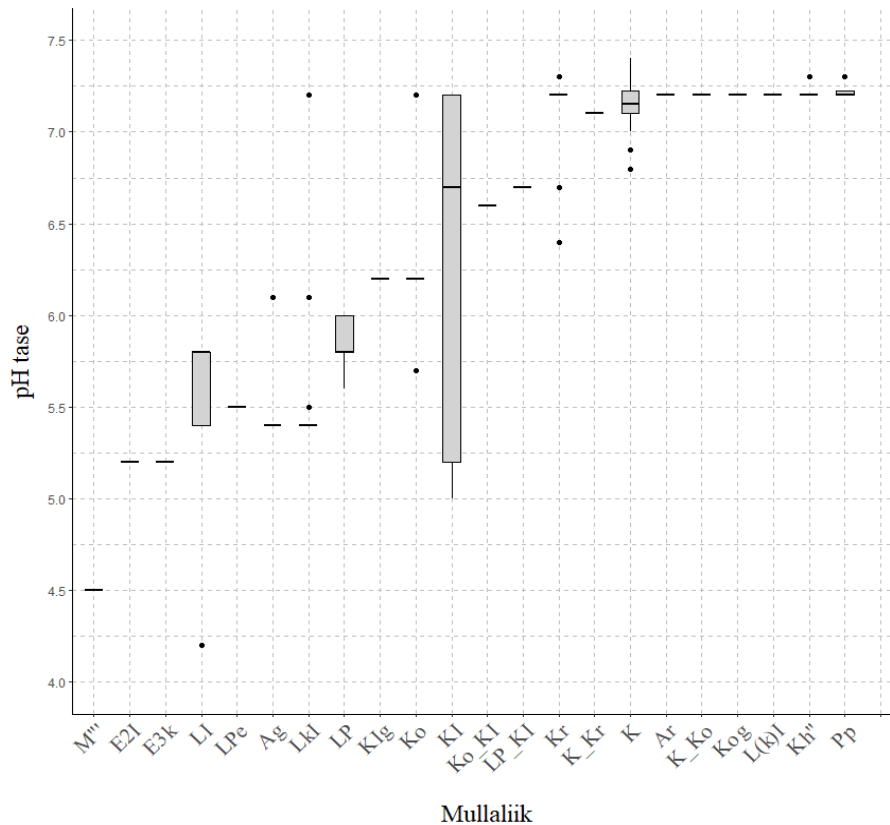
Mullaliik	Proovide arv	Aritmeetiline keskmine	Standardhälve	Miinimum	Maksimum
Ag	3	3	3	1	6
Ar	1	0	NA	0	0
E2I	1	2	NA	2	2
E3k	1	9	NA	9	9
K	28	15	23	0	84
KI	7	41	28	0	69
KIg	1	22	NA	22	22
K_Ko	2	1	1	1	2
K_Kr	1	2	NA	2	2
Kh"	18	29	26	0	72
Ko	5	19	28	0	67
Ko_KI	2	74	9	67	81
Kog	2	21	16	10	32
Kr	17	13	17	0	45
L(k)I	2	16	23	0	32
LI	4	17	31	0	63
LP	19	19	23	0	80
LP_KI	6	17	32	1	82
LPe	4	9	13	0	27
LkI	6	26	19	4	51
M""	1	59	NA	59	59
Pp	4	19	26	0	57

pH tasemed määras Ain Kulli eri täpsusastmega kõikides asukohtades, v.a linnades (Ain Kulli e-kiri 17.11.2022). pH taseme täpsus sõltus osaliselt sellest, kui lähedal muistise koordinaatidele olid Ain Kulli tehtud prooviaugud, mille põhjal on ta koostanud pH tasemete andmestiku.

Eestis on mulla pH enamasti vahemikus 3–7,5 (Astover, Leedu 2019, 1). Happelisus jaotub järgnevalt: < 3,6 väga tugevalt happeline, 3,6–4,5 tugevalt happeline, 4,6–5,5 mõõdukalt happeline, 5,6–6,5 nõrgalt happeline, 6,6–7,2 neutraalne, > 7,2 leelisene (samas, 2).

Jooniselt 10 on näha, et siinses töös on arvestatavas koguses proove nõrgalt happelisest ja neutraalsetest ning leeliselistest muldadest. Suhteliselt suur pH taseme varieeruvus on mullaliikides, millest luumaterjali siinses töös tegelikult eriti palju ei ole, näiteks KI ja LI. Tunduvalt vähem, aga siiski märgatavalt on varieeruvust mullatüüpides LkI, Ko, Kr ja Ag, millest luumaterjali on suhteliselt palju. Lõuna-Eestis on happeliste muldade osatähtsus suur

(Astover, Leedu 2019, 6) ja siinse töö valimis asuvadki seal muistised, kus pinnasel on madalaim pH tase. Joonisel 10 jäävad nende pH väärtused peaaesjalikult 6,5-st allapoole. Huvitav on see, et suur osa proovidest on Lõuna-Eestist, kuid siiski pole proove väga tugevalt happelistest ja tugevalt happelistest keskkondadest ning suhteliselt vähe on ka mõõdukalt happelisest pinnasest.

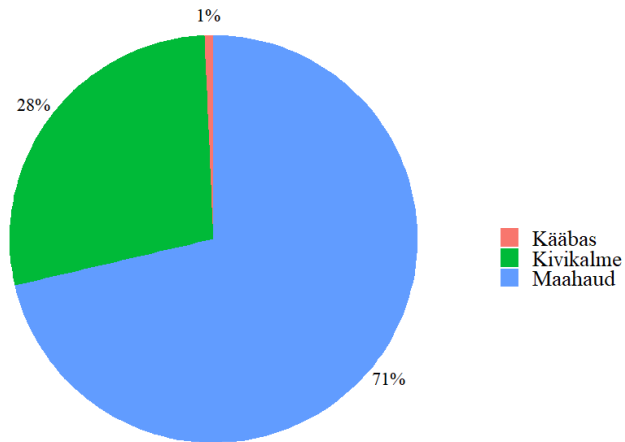


Joonis 10. pH taseme varieeruvus mullaliikides.

3.3. Matusetüüp, luu vanus ja väljakaevamise aeg

Enamik töös kasutatavatest proovidest on pärit 1) maahaudadest, osa ka 2) kivikalmetest ja 3) kääbastest (joonis 11). Matuste jaotuse koostas autor kaevamisaruannete põhjal. Esimesse jaotusesse kuuluvad matused, mis olid täies ulatuses pinnasest ümbritsetud. Teises jaotuses on kivikalmed, enamasti tarand- ja kivikirstkalmed. Kolmandas jaotuses on kaks muistist (Lindora, Jõuga), kust proovistatud luud on pinnasekuhjatistest ehk kääbastest. Neid proove

on liiga vähe, et teha siinses töös järeldusi kääbastesse maetud luude säilivuse kohta, kuid peeti mõistlikuks jätta need eraldi jaotusesse.



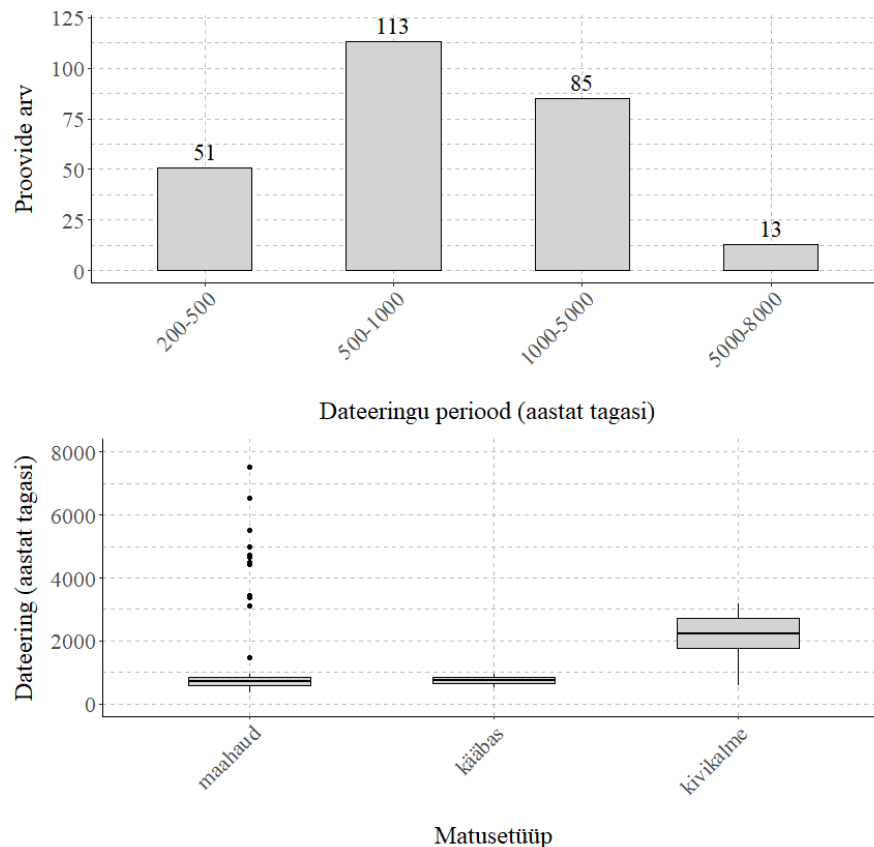
Joonis 11. Matusetüüpide protsentuaalne jaotumine.

Matmispaikade mulla mõju analüüsimisel, eriti maahaudade puhul, tuleb arvestada, et maetud inimesed paigutati harva mullahorisoni, vaid pigem sügavamale, kus nad puutusid kokku aluspõhja katva pinnakattega (nt liiva, kruusa või moreeniga). Käesolevas töös uuriti mitmeid luid, mille puhul polnud võimalik välja selgitada nende täpset matmissügavust. Sellegipoolest võib eeldada, et haudade rajamisel sattus luude ümber pinnast nii mullahorisonidist kui ka pinnakattest.

Maahaudad jaotuvad siin töös suhteliselt hajusalt eri mullaliikide vahel. See on ootuspärane, sest neid leidub üle Eesti erinevatest aegadest ja piirkondadest. Kivikalmed pärinevad eelkõige mullatüüpidest, mis käesoleva töö valimis on pärit Põhja- ja Lääne-Eestist (k.a Saaremaalt). See on mõistetav, sest suur osa kivikalmeid eri aegadest on levinud just nendes piirkondades (lk 33).

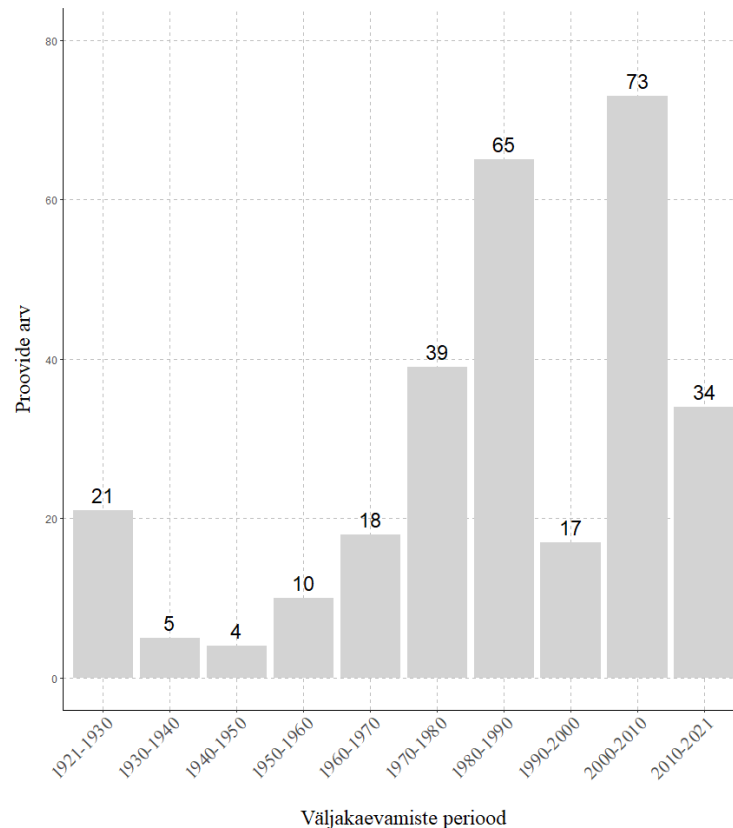
Matusetüübid on tugevalt seotud ka ajaperioodide ja tollaste matmistraditsioonide levikuga. Enamus ehk 217 dateeringut on muististele ja seega ka luudele antud kontekstipõhiselt (217). Radiosüsinikdateeringud on tehtud 45 matusele ehk umbes 17%-le. Käesolevas töös on dateerimata 23 luud, millest ei olnud võimalik DNA-d eraldada. Maahaudasid on kas kõige vanematest või suhteliselt hilistest muististest (joonis 12). Perioodist, kus siinses töös maahaudadest proove ei ole, on need olemas kivikalmetest. Selline suhe kalmetüüpide vahel on ootuspärane, sest maahaudkalmistud ja kivikalmed paigutuvad laias laastus eri ajastutesse.

Joonisel 12 on esitatud dateeringud vormis „aastat tagasi“, kuna töö statistilise analüüsi jaoks on see ainus sobiv formaat. Aja ja teiste tegurite omavahelise seose hindamiseks oli vaja kasutada ühtset ajavormingut, kuna töös on esindatud ka dateeringuid kujul „enne meie ajaarvamise algust“.



Joonis 12. Dateeringute jaotumine perioodidesse ja matusetüüpide jaotumine ajas.

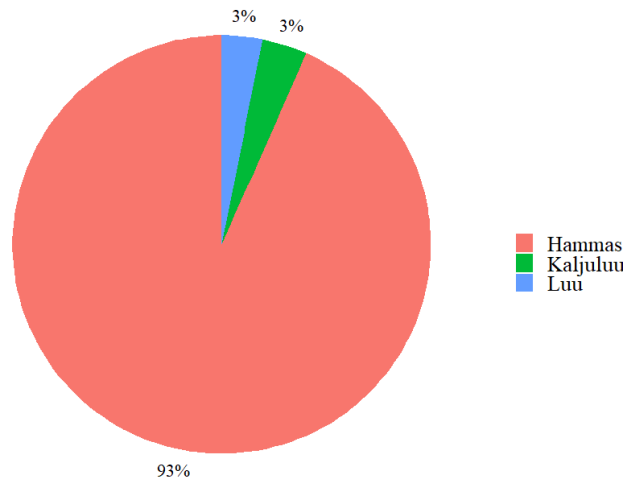
Suur osa töös kasutatavaid luid on välja kaevatud alates 1980. aastatest, kuid arvestataval määral on ka varem välja kaevatud ehk kauem hoiustatud proove (joonis 13). Kui kaevamise aasta langes täpselt kahe kategooria piirile, siis lisati see väiksema väärtusega kategooriasse. Näiteks kui aasta oli 1930, siis kuulub see perioodi 1921–1930, mitte perioodi 1930–1940. Vanimad töös kasutatavad proovid on välja kaevatud aastal 1921 Muuksi Lõokesest Arthur Spreckelseni poolt (lisa 2).



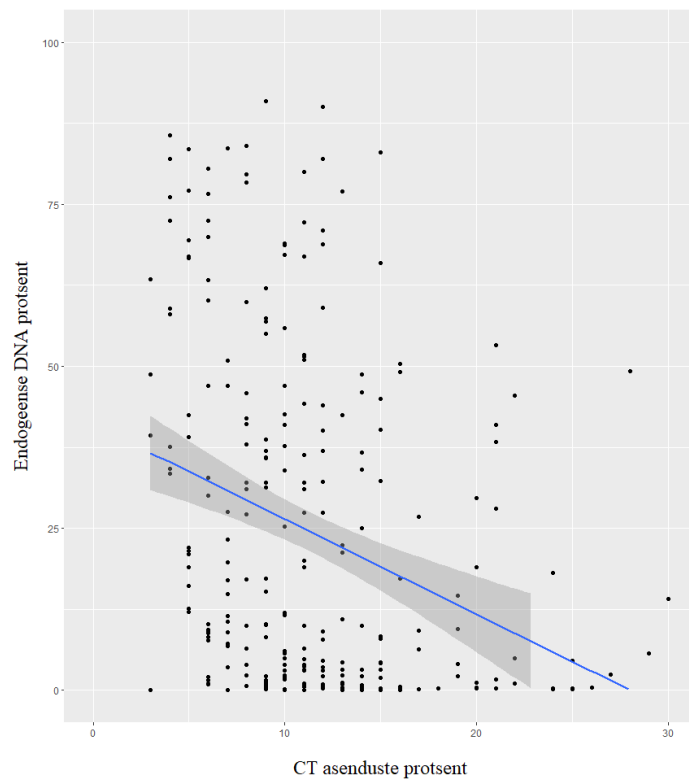
Joonis 13. Väljakaevamiste perioodid.

3.4. Proovistatud anatoomilised elemendid

Enamus vana DNA proove võeti hammastest, kuid on ka proove muudest luudest, enamasti kaljuluust (joonis 14). Sooliselt jaotusid proovistatud luud järgmiselt: naissoost 93 ja meessoost 159. DNA-ga proove, millele soomäärangut ei õnnestunud teha, on 11. Ilma DNA-ta proovide ehk 23 proovi puhul info geneetilise soo kohta puudub.



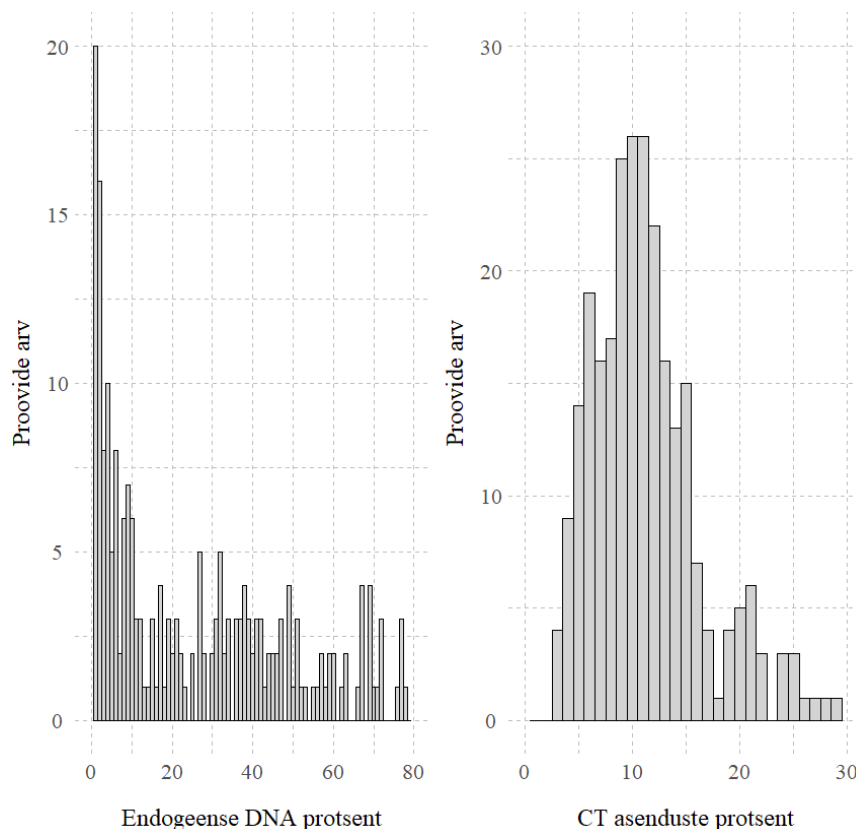
Joonis 14. Proovistatud luu tüübid.



Joonis 15. Endogeense DNA protsent seoses CT asendustega.

Vana DNA säilivuse hindamiseks on siin töös kasutatud CT asenduste ja endogeense DNA osakaalu. Need muutujad on omavahel selges pöördvõrdelises seoses ja seda seost illustreerib joonis 15. See on ootuspärane (2.2), kuid on ka uurimusi, milles nendevahelist seost ei täheldanud (Keighley jt 2021, 1161). CT asenduste ja endogeense DNA protsendi seost analüüsiti, kasutades lineaarset regressiooni, mis kinnitas, et seos on statistiliselt oluline ($R^2 = 0.08668$, $F = 24.77$, $p = 1.174e-06$). Samas on R^2 väärtus suhteliselt madal, mistõttu ei ole konkreetne mudel kõige parem selle seose väljendamiseks.

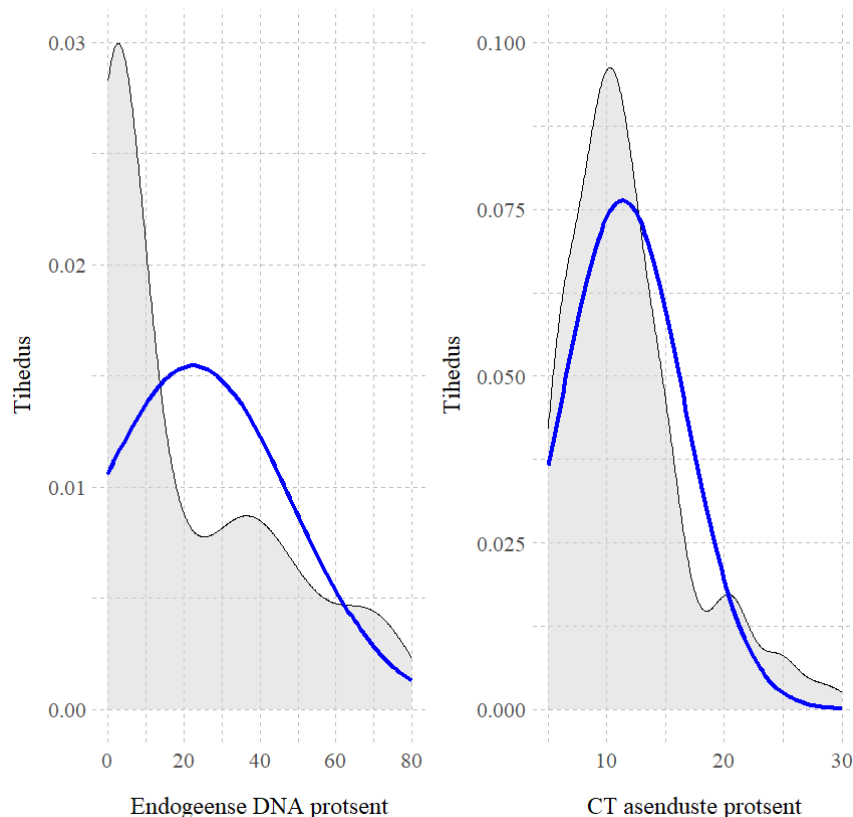
Endogeense DNA protsendi puhul on palju rohkem selliseid proove, kust saadi 0–20% endogeenset DNA-d, kui neid, millest saadi rohkem. CT asenduste puhul on näha, et enamikus proovides on 5–15% CT asendusi.



Joonis 16. Proovide arvu jaotumine endogeense DNA ja CT asenduste protsendi puhul.

Joonisel 17 näitab hall graafik, kui sageli esinevad erinevad endogeense DNA protsendid andmekogumis. X-teljel on endogeense DNA protsentide vahemik ning Y-teljel tihedus, mis on mõõde selle kohta, kui levinud on vastav protsent andmekogumis. Tihedusgraafik võimaldab näha, kuidas jaotuvad endogeense DNA protsendid andmekogumis. Graafik joonisel 17 on seetõttu väga sarnane graafikule joonisel 16.

Statistilised testid, mida töös kasutatakse, eeldavad, et analüüsitavad sõltuvad muutujad on normaalselt jaotunud. Normaaljaotus lisati graafikule joonisel 17 sinise joonena, et võrrelda andmete jaotuse kuju normaaljaotusega. Kui andmete jaotus järgib tihedusgraafikul normaaljaotuse joont, viitab see sellele, et andmed on normaalselt jaotunud. Normaalne jaotus on alati kõrgeim valimi keskmise kohal ja enamik väärtusi koondub selle lähiümbrusse (Field jt 2012, 19).



Joonis 17. Endogeense DNA ja CT asenduste protsendi esinemistihedus ja normaaljaotus (sinisega).

Jooniselt 17 on näha, et CT asenduste protsendi jaotuvus on käesolevas andmestikus lähedal normaaljaotusele, samas kui endogeense DNA protsendi jaotuvus ei ole. On näha, et reaalne jaotus kaldub normaaljaotusest vasakule. Üks võimalik tagajärg on see, et mõnes analüüsis võrreldavas grupis võib endogeense DNA protsendis olla rohkem varieeruvust kui teises, mis võib mõjutada statistiliste testide tulemuste täpsust (Field jt 2012, 412).

4. DNA säilivuse analüüs

Selles peatükis uuritakse keskkonna ja aja mõju DNA säilivusele, vaadeldes eri tegurite mõju DNA säilivust iseloomustavatele muutujatele: endogeense DNA ja CT asenduste protsendile. Statistiline analüüs on töös püstitatud uurimisküsimuste alusel jaotatud neljaks.

4.1. Pinnas, pH tase ja niiskus

Esimene küsimus oli, kas proovistatud luude endogeense DNA hulk ja selle ehitusplokkideks olevate lämmastikaluste – tsütosiini (C) ja tümiini (T) – surmajärgsete asenduste arv on seotud mullaliigiga, kuhu surnukeha oli maetud (sh selle pH taseme või niiskusega). Küsimusele vastamiseks vaadatakse DNA säilivust mõjutavate muutujate varieerumist seitsmes eri jaotuses. Jaotuste tegemisel arvestati mullaliikide omadusi ja/või neist pärit proovide arvu. Omavahel võrreldakse 1) kõiki mullaliike; 2) kõikidest mullaliikidest neid, kust on proove võetud võrreldavas koguses ehk 18–28 (jaotus A1); 3) mullaliike, millest võetud proovid on jaotuses A1 keskajast; 4) prooviderohkeid muistiseid; 5) mullaliike, millest oli võrreldavas koguses proove ehk 17–18, kui valimis eemaldati prooviderohked muistised (jaotus A2); 6) Lõuna-Eesti muldasid Põhja- ja Lääne-Eesti (k.a saarte) mullaliikidega ning 7) erineva eeldatava niiskustasemega muldasid, täpsemalt erodeeritud, liiv- ja kruusmuldasid teiste valimis olevate mullaliikidega. Pinnaseid võrreldakse ANOVA testiga selle alusel, mismoodi erinevad endogeense DNA ja CT asenduste protsendi keskmised eelmainitud jaotuste gruppide sees ja nende vahel. Viimaks vaadatakse pH taset seoses DNA ja CT asenduste protsendiga.

ANOVA-ga võrreldud gruppide puhul on vastavalt nullhüpooteesid: endogeense DNA ja CT asenduste protsendi keskmised ei erine oluliselt 1) kõikide mullaliikide vahel, 2) mullaliikide vahel jaotuses A1, 3) mullaliikide vahel jaotuses A1 (konstandiga keskaeg) 4) prooviderohkete muististe vahel, 5) mullaliikide vahel jaotuses A2, 6) Lõuna-Eestist pärit mullaliikide ja Põhja- ning Lääne-Eestist pärit mullaliikide vahel, 7) erineva eeldatava

niiskustasemega mullaliikide vahel. Lineaarse regressiooni puhul on nullhüpotees, et pH taseme ja endogeense DNA ning CT asenduste protsendi vahel seosed puuduvad.

4.1.1. Analüüsid mullaliikidega

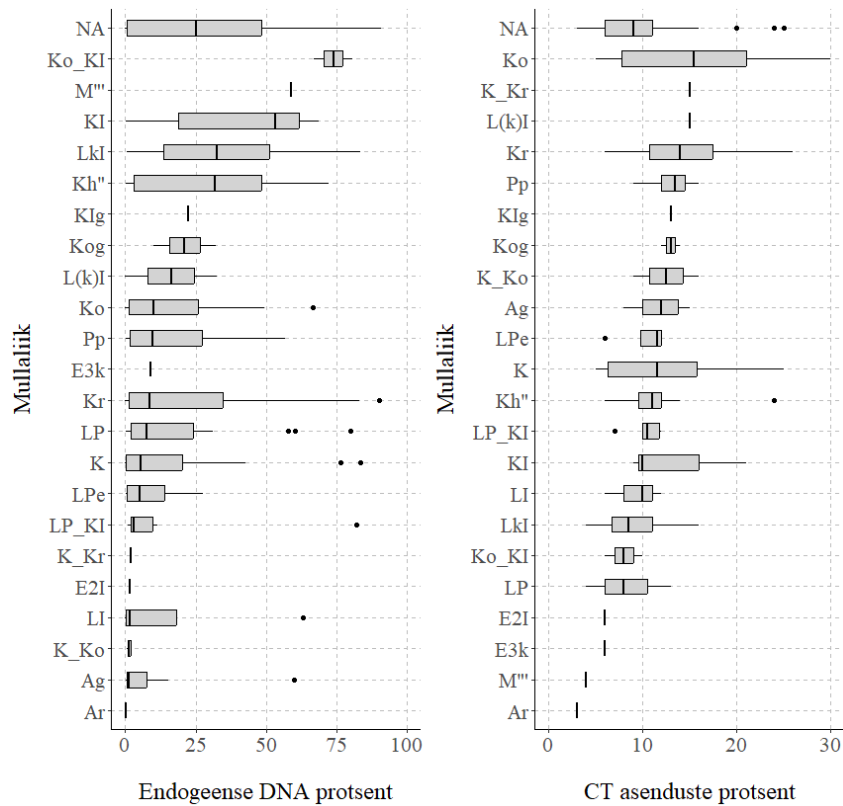
4.1.1.1. Esimene analüüs

Kõikidest mullaliikidest, kust on analüüsitud üle kahe proovi, on endogeense DNA protsendi miinimum ja maksimum väga erinevad (joonis 18). Ühtlasi näeme, et endogeense DNA protsendi hajuvus keskmise suhtes (standardhälve) on mullastike sees suhteliselt suur. See näitab, et ühest mullaliigist leitud luudest on võimalik saada väga erineva endogeense DNA sisaldusega proove ja saadud DNA-s on erineval määral kahjustust ehk CT asendusi. Paljudest mullaliikidest on proove alla kolme, mistõttu on nende puhul reaalse variatsiooni hindamine raske.

Endogeense DNA puhul on näha suhteliselt suuri keskmiste erinevusi (joonis 18). Samas on näiteks mullaliikide Ko_KI (leostunud muld ja leetjas muld) ning M^{III} (sügav madalsoomuld) puhul tegu üksikmõõtmistega, proove on vastavalt kaks ja üks. Sellegipoolest on keskmised sedavõrd kõrged, et kui mullaliik rolli ei mängiks, peaksid need olema väga suured erandid või mõjutas nende endogeense DNA protsenti miski, mida siin ei analüüsita. M^{III} on sügav madalsoomuld, mis on happeline, käesolevas asukohas on pH tase olnud 4,5. Seepärast oleks võimalik vähemalt seda lugeda erandjuhuks, kui eeldada, et happelises keskkonnas säilib DNA halvemini.

Mullaliikidest saadud luude endogeense DNA võrdlemiseks kasutati dispersioonanalüüsi. Tulemustest järeldati, et mudelis on statistiliselt olulised erinevused ($F = 2,174$; $p = 0,00306$) (lisa 1.1.1.1.). Paariviisiliste erinevuste tuvastamiseks kasutati Tukey HSD testi. Analüüsi tulemused näitasid, et (lisa 1.1.1.1.) statistiliselt oluline erinevus on järgnevate mullaliikide vahel: Ko_KI (leostunud muld ja leetjas muld) ja Ag (gleistunud lammimuld) ning Lkl (nõrgalt leetunud muld) ja Ag (gleistunud lammimuld). Mõlemal juhul on Ag luudes keskmiselt väiksem endogeense DNA protsent (joonis 18).

CT asenduste puhul on samuti näha varieeruvust, kuid visuaalselt on seda raskem hinnata, kuna varieeruvuse vahemik on vaid 3–30%. ANOVA tulemused näitasid, et mullaliikide vahel on ka CT asenduste protsendis statistiliselt olulisi erinevusi ($F = 3,112$; $p = 1,85e-05$) (lisa 1.1.1.2.). Tukey HSD testi tulemused näitasid (lisa 1.1.1.2.), et statistiliselt oluline erinevus on järgnevate mullaliikide vahel: Lkl (nõrgalt leetunud muld) ja Kr (koreserikas rähkmuld) ning LP (kähkjass muld) ja Kr (koreserikas rähkmuld). Mõlemal juhul on Kr luudest saadud DNA-s keskmiselt suurem CT asenduste protsent (joonis 18).



Joonis 18. Endogeense DNA ja CT asenduste protsent eri mullaliikidest (NA – linnadest pärit proovid).

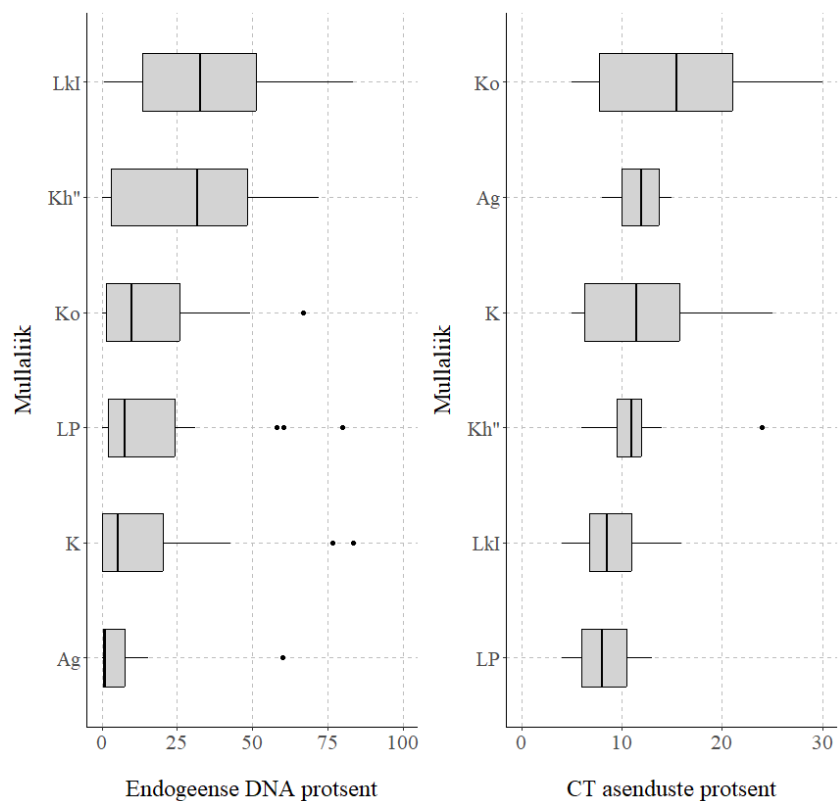
4.1.1.2. Teine analüüs

Eri mullaliikidest on siin töös väga erinev arv proove, mispärast peeti otstarbekaks analüüsida neid, millest on sarnane arv proove. Esmalt vaadeldi DNA varieeruvust mullatüüpide puhul, millest on proove kokku vahemikus 18–28. Selle jaotuse nimi on edaspidi A1.

Jooniselt 19 on näha, et mullatüüpide Kh" (õhuke paepealne muld) ja Lkl (nõrgalt leetunud muld) puhul on endogeense DNA keskmine kõrgem kui ülejäänutel. Samas on jätkuvalt näha suurt hajuvust endogeense DNA väärtustes mullaliikide siseselt. Dispersioonanalüüsi tulemustest järeldati, et mudelis on statistiliselt olulised erinevused ($F = 4,53$; $p = 0,000797$) (lisa 1.1.2.1.). Tukey HSD testi tulemused näitasid (lisa 1.1.2.1.), et statistiliselt oluline erinevus on järgnevate mullaliikide vahel: Lkl (nõrgalt leetunud muld) ja K (rähkmuld), Lkl (nõrgalt leetunud muld) ja Ag (gleistunud lammimuld) ning Kh" (õhuke paepealne muld) ja Ag (gleistunud lammimuld).

Erinevusi vaadati ka CT asenduste protsendi puhul ja ANOVA tulemuseks saadi, et erinevused on statistiliselt olulised ($F = 6,364$; $p = 2,97e-05$) (lisa 1.1.2.2.), täpsemalt mullaliikide LP (kahkjasmuld) ja Ko (leostunud muld) ning Lkl (nõrgalt leetunud muld) ja Ko (leostunud muld) vahel (lisa 1.1.2.2.). Mõlemal juhul on Ko luudest saadud DNA-s keskmiselt suurem CT asenduste protsent (joonis 19).

Tuleb arvestada, et mullaliikides grupis A1 on mõnest muistisest pärit rohkem proove ja neis kohtades võib DNA säilivust mõjutada veel mõni teadmata tegur. Siksälä (Lkl), Veibri (Ag) ja Kivisaare (Ko) proove on vastavalt mullaliikides Lkl, Ag ja Ko väga suures osas (tabel 2). Lisaks on siin analüüsis kasutatud mullaliikidest pärit proovid eri maakondadest, eri aegadel välja kaevatud ja eri dateeringutega.



Joonis 19. Endogeense DNA ja CT asenduste protsendi varieeruvus mullaliikide puhul, millest on proove vahemikus 18–28 (A1).

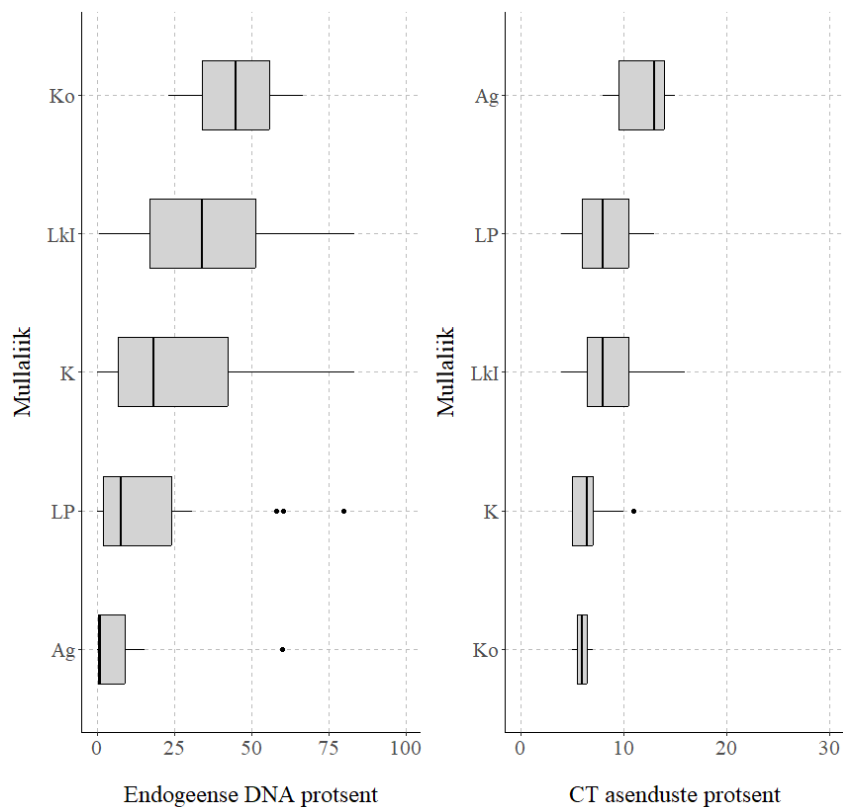
4.1.1.3. Kolmas analüüs

Analüüsi lisati võimalikud konstandid, et säiliks piisav võrreldavate proovide arv. Vastavalt dateeringule on proovid pärit ka samast matuse tüübist (maahaud), sest periood ja matusetüüp on omavahel tihedalt seotud.

Joonisel 20 on näha DNA sisalduses on jätkuvalt küllaltki palju variatsiooni. Dispersioonanalüüsi tulemused näitasid, et statistiliselt olulised erinevused on nii endogeense DNA protsendis ($F = 4,141$, $p = 0,00455$) (lisa 1.1.3.1.) kui ka CT asenduste protsendis ($F = 7,164$, $p = 7,11e-05$) (lisa 1.1.3.2.). Vastavalt esimese puhul on statistiline erinevus Lkl (nõrgalt leetunud muld) ja Ag (gleistunud lammimuld) vahel, teise puhul on mullaliigist Ag (gleistunud lammimuld) pärit proovide keskmine CT asenduste protsent oluliselt kõrgem

liikide K (rähkmuld), Ko (leostunud muld), Lkl (nõrgalt leetunud muld) ja LP (kahkjas muld) keskmisest (lisad 1.1.3.1., 1.1.3.2.).

Tulemuste tõlgendamisel tuleb arvestada, et proove on analüüsis kokku ainult 75, suur osa on pärit prooviderohketest muististest, samas on pH varieeruvus väike (5,4–7,4). Järgmise lahutusastme jaoks oleks proove ainult juhul, kui lisada konstandina, et proovid oleksid pärit Lõuna-Eesti maakondadest. Seda ei peetud otstarbekaks, kuna mullaliik Lkl koosneks sel juhul peaaesjalikult Siksälä (22) proovidest ja Ag vaid Veibri (15) proovidest. Kokku oleks ainult 9 muistist ja 62 proovi, millest üle poole on kahest eelmainitud kohast.

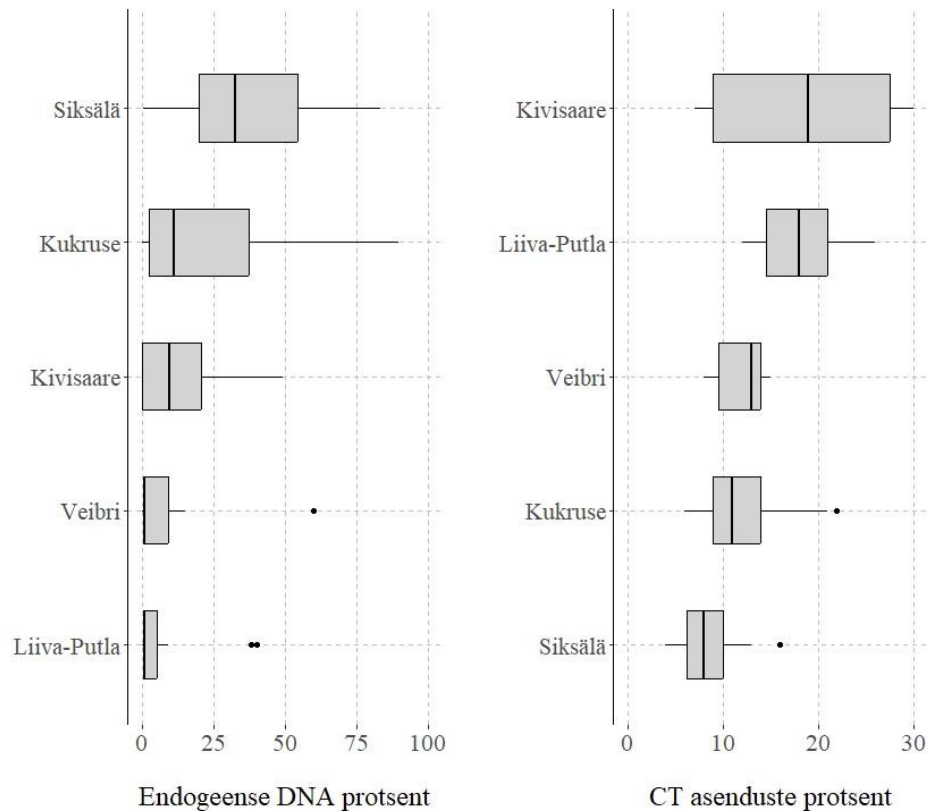


Joonis 20. Endogeense DNA varieeruvus mullaliikide puhul, millest on proove vahemikus 18–28 (A1) ja mis pärinevad keskajast (matusetüüp on maahaud).

4.1.1.4. Neljas analüüs

Kallutatuse analüüsimiseks vaadati endogeense DNA protsendi varieeruvust prooviderohkete muististe (tabel 2) puhul ühe muistise piires ja ühtlasi võrreldi neid omavahel. Ühe muistise sees on tegu sama pinnase, suhteliselt sarnaste matmisdateeringute ja -kombestikuga. Ühtlasi on ühe muistise luud pea alati välja kaevatud paari aasta jooksul (v.a Siksälä, Kivisaare), mis tähendab, et neid on hoiustatud sama kaua ja võiks ka eeldada, et samadel tingimustel.

Ühe asukoha sees, kus peaksid kõik tunnused olema konstandid või vähemalt sarnaste väärtustega, on samuti endogeense DNA protsendi hajuvus suur (joonis 21). ANOVA tulemus näitab, et endogeense DNA hulk on gruppide vahel statistiliselt oluliselt erinev ($F = 5,831$; $p = 0,000309$) (lisa 1.1.4.1.). Tukey HSD tulemus näitas, et omavahel erinevad Siksälä ja Liiva-Putla (lisa 1.1.4.1.). Statistiline erinevus on täheldatav ka CT asenduste puhul ($F = 12,98$; $p = 2,85e-08$) (lisa 1.1.4.2.). Statistiline erinevus puudus ainult Veibri–Siksälä, Veibri–Kukruse, Siksälä–Kukruse ja Liiva-Putla–Kivisaare vahel. See tähendab, et kõik teised kombinatsioonid erinesid üksteisest oluliselt (lisa 1.1.4.2.).



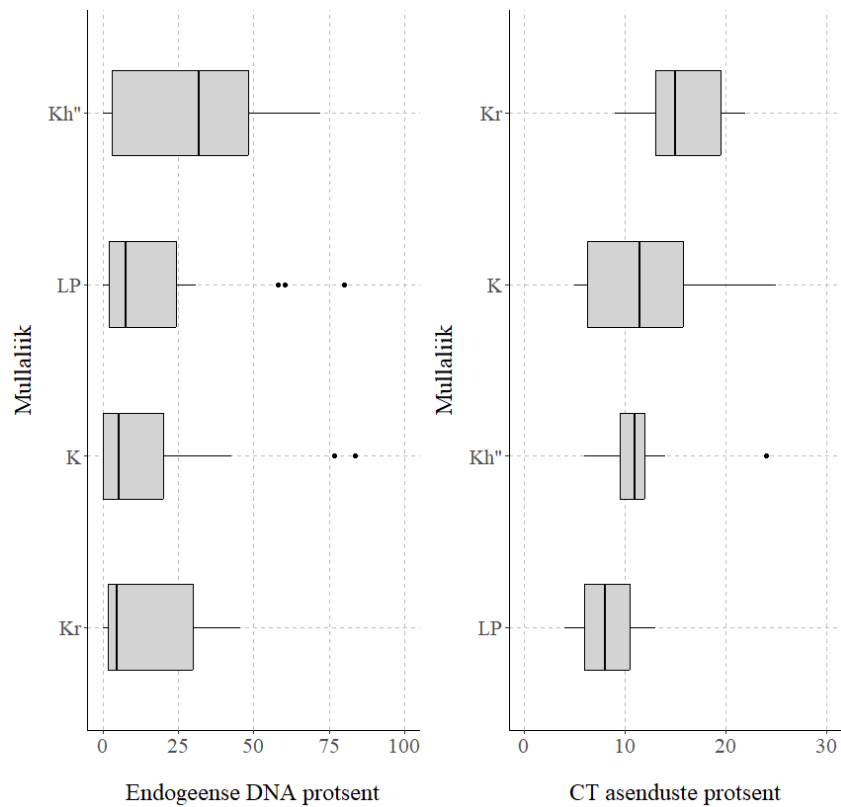
Joonis 21. Prooviderohkete muististe endogeense DNA varieeruvus.

4.1.1.5. Viies analüüs

Kirjeldavas analüüsis illustreeris tabel 3 andmestikku, mille puhul on valimist välja jäetud prooviderohked muistised. Et ühe asukohta sisesed keskkonnatunnused ei mängiks tulemustes nii suurt rolli, eemaldati need analüüsitavast valimist ja vaadeldi pinnaseid, kust on piisavalt proove (17–28). Selle jaotuse nimi on edaspidi A2.

Jooniselt 22 on näha, et märgatavalt kõrgem endogeense DNA protsendi keskmine ja suhteliselt madal CT asenduste protsendi keskmine on õhukese paepealse mullaga asukohtadest pärit proovidel (Kh"). Dispersioonianalüüsi tulemustest järeldati siiski, et mudelis ei ole statistiliselt olulisi erinevusi endogeense DNA protsendi puhul ($F = 1,642$; $p = 0,187$) (lisa 1.1.5.1.). Erinevused on aga CT asenduste protsendi puhul ($F = 7,767$; $p = 0,00015$) (lisa 1.1.5.2.). Tukey HSD test näitas paariviisilisi erinevusi LP (kähkjasmuld), K

(rähkmuld) ja Kr (koreserikas rähkmuld) vahel ning Kr ja Kh" (õhuke paepealne muld) vahel (samas).



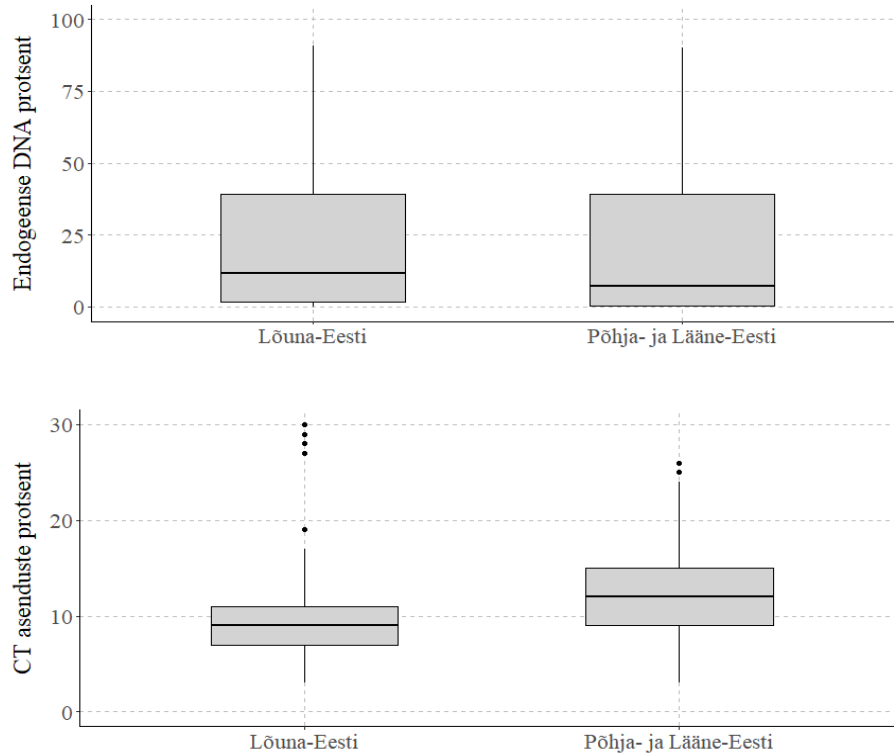
Joonis 22. Endogeense DNA varieeruvus mullaliikide puhul, millest on proove vahemikus 17–28, kui eemaldada valimist prooviderohked muistised (A2).

4.1.1.6. Kuues analüüs

Seoses lähtekivimiga on põhimõtteliselt eristatavad Lõuna-Eesti mullad Põhja- ja Lääne-Eesti (k.a. saared) muldadest nii teatud mullaliikide rohkuse kui ka pH taseme põhised (3.1). Seepärast on asjakohane järgmiseks uurida endogeense DNA ja CT asenduste erinevusi Lõuna-Eesti ning Põhja- ja Lääne-Eesti proovide vahel.

Joonisel 23 on näha vähesel määral erinevusi piirkondade vahel. Erinevust analüüsiti, kasutades dispersioonanalüüsi. Tulemustest järeldati, et mudelis ei ole statistiliselt olulisi erinevusi endogeense DNA protsendis ($F = 0,976$; $p = 0,324$) (lisa 1.1.6.1.), kuid on CT

asendustes ($F = 24,49$; $p = 1,34e-06$) (lisa 1.1.6.2.). See tähendab, et endogeense DNA keskmises ei ole olulist vahet, kas proov on Lõuna-, Põhja- või Lääne-Eestist, samas kui CT asenduste puhul on Põhja- ja Lääne-Eesti (k.a saared) luudest saadud DNA keskmiselt rohkem kahjustunud kui Lõuna-Eestist pärit proovidel.



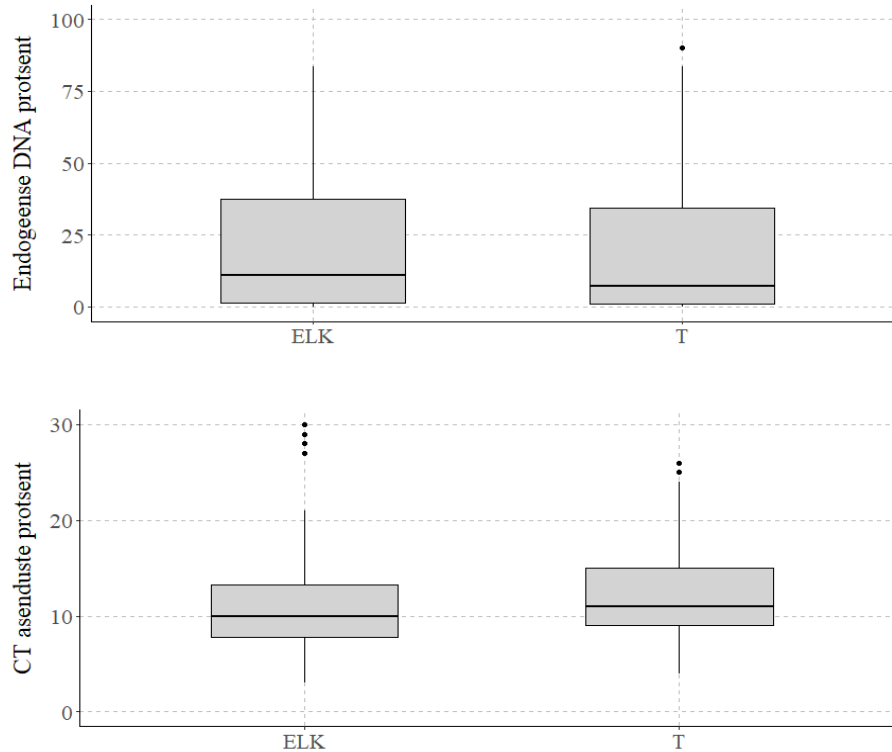
Joonis 23. Endogeense DNA varieeruvus Lõuna- ning Põhja- ja Lääne-Eesti (k.a saared) vahel.

4.1.1.7. Seitsmes analüüs

Arvestades mullaliikide omadusi, on siinse töö andmebaasi põhjal võimalik analüüsida veel ühte grupeeringut mulla eeldatava niiskuse põhjal: võrreldes erodeeritud, liiv- ja kruusmuldasid ülejäänud mullaliikidega (3.1).

Joonisel 24 on näha vähesel määral erinevusi jaotuste vahel. Erinevust analüüsiti, kasutades dispersioonanalüüsi. Tulemustest järeldati, et mudelis ei ole statistiliselt olulisi erinevusi

endogeense DNA protsendis ($F = 0,74$; $p = 0,391$) (lisa 1.1.7.1.) ega CT asenduste protsendis ($F = 0,586$; $P = 0,445$) (lisa 1.1.7.2.). See tähendab, et endogeense DNA protsent ei ole kõrgem ega ole ka selle kahjustus ehk CT asenduste protsent väiksem põuakartlikest ehk kuivadest mullaliikidest pärit proovide puhul.



Joonis 24. Endogeenne DNA ja CT asenduste protsent erodeeritud, liiv- ja kruusmuldades (joonisel ELK) võrreldes ülejäänud mullaliikidega (joonisel T).

4.1.2. Analüüs pH tasemega

Viimaks uuriti, kas CT asenduste ja endogeense DNA protsendi varieeruvus võiks olla seoses mulla pH tasemega. Kasutades lineaarset regressiooni, analüüsiti pH taseme ja endogeense DNA protsendi seost ja nähti, et see pole statistiliselt oluline ($R^2 = -0,004404$, $F = 0,004586$, $p = 0,9461$) (lisa 1.2.1.). Mudelisse lisati veel ühe sõltumatu muutujana luu vanus, kuid sellise mudeli põhjal ei ole põhjust nullhüpoteesis kahelda ($R^2 = -0,01051$, $F = 0,2651$, $p = 0,8505$) (samam). Mõlemal juhul on R^2 isegi negatiivne, mis tähendab, et pH tase ei seleta endogeense

DNA varieeruvust ja parem oleks kasutada endogeense DNA keskmist lineaarse regressiooni joone asemel.

Seos aga on statistiliselt oluline CT asenduste puhul ($R^2 = 0,01976$, $F = 5,294$, $p = 0,02237$) (lisa 1.2.2.). Seose puhul on näha, et, nii R^2 kui ka F-statistiku p-väärtused on madalad. See tähendab, et konkreetne lineaarne mudel ei seleta väga hästi pH taseme ja DNA säilivuse vahelist seost, aga on parem variant, kui aktsepteerida nullhüpoteesi, et nende vahel ei ole mingisugust suhet. Ka siia mudelisse lisati luu vanus ja järeltati, et selline mudel seletab tunduvalt suuremat osa varieeruvusest ($R^2 = 0,2122$, $F = 20,03$, $p = 1,889e-11$) (samas). Mõlema puhul on suhe positiivne, mis tähendab, et koos pH taseme ja luu vanusega tõuseb surmajärgsete kahjustuste arv, kuid sõltumatud muutujad ei ole omavahel seotud. See on sisuliselt ebaloogiline just pH taseme puhul, sest suhe peaks olema negatiivne: see tähendab, et kahjustus peaks olema suurem, kui pH tase langeb ehk pinnas on happelisem.

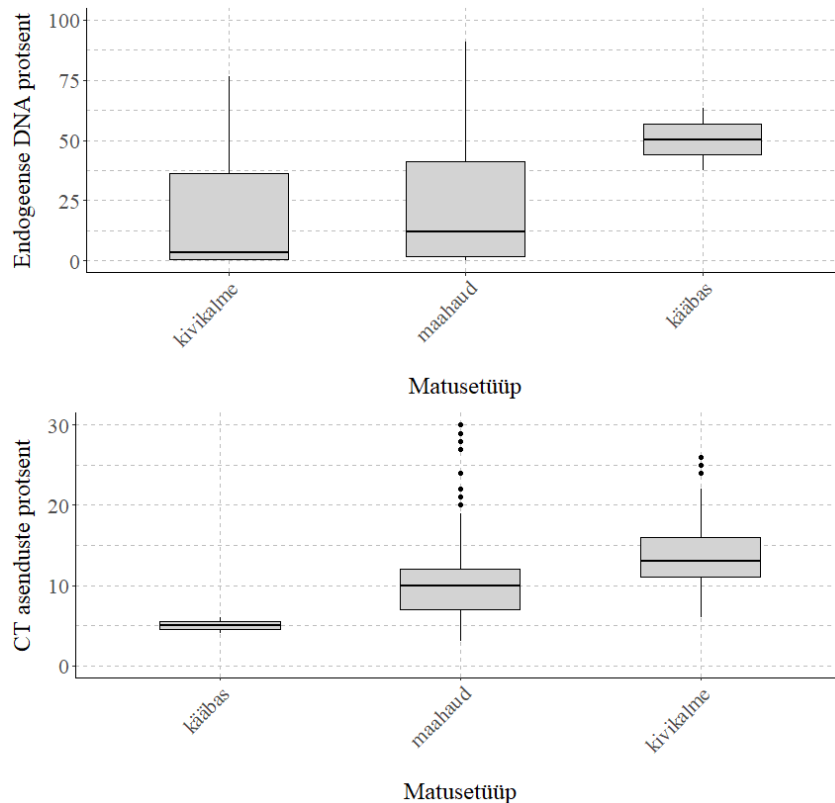
4.2. Matusetüüp

Teine uurimisküsimus oli, kas proovistatud luude endogeense DNA hulk ja selle ehitusplokkideks olevate lämmastikaluste – tsütosiini (C) ja tümiini (T) – surmajärgsete asenduste arv on seotud matusetüübiga. Matusetüüpe võrreldi ANOVA testiga selle alusel, mismoodi erinesid endogeense DNA ja CT asenduste protsendi keskmised tüüpide sees ja nende vahel. ANOVA-ga võrreldud gruppide puhul on nullhüpotees järgmine: endogeense DNA ja CT asenduste protsendi keskmised ei erine oluliselt matusetüüpide vahel.

Joonisel 25 on näha, et kääbastesse maetud luudest saadud proovide keskmine endogeense DNA protsent on tunduvalt kõrgem, samas on kogu valimis kääbastest vaid kaks proovi (1% proovidest). Maahaudadest saadud proovides on keskmine endogeense DNA protsent veidi kõrgem kui kivikalmetest saadud proovidel, kuid proovide arv on küllaltki erinev, vastavalt 204 ja 80 proovi.

Erinevusi analüüsi, kasutades dispersioonanalüüsi. Endogeense DNA puhul järelitati tulemustest, et statistiliselt olulised erinevused matusetüüpide vahel on olemas ($F = 3,809$; $p = 0,0233$) (lisa 1.3.1.). Tukey HSD testi tulemused näitasid, et paariviisiliselt erinevad maahaud ja kivikalme (samas). CT asenduste puhul on samuti olemas statistiliselt olulised erinevused ($F = 18,03$; $p = 4,65e-08$) (lisa 1.3.2.). Paariviisiliselt on erinevused kivikalmele maahaua ning kääbaga (samas), kuid kääbastest on vaid kaks proovi.

Maahaudadest pärit proovides on keskmiselt kõrgem endogeense DNA protsent ja DNA on ka vähem kahjustunud kui kivikalmetes ehk CT asenduste protsent on keskmiselt madalam. Tuleb aga silmas pidada, et kivikalmeid on valimis 80 ja maahaudu 204 ehk enam kui poole rohkem. See tähendab, et teoorias võivad maahaudade keskmised vastata reaalsusele paremini kui kivikalmetest pärit proovide keskmised.

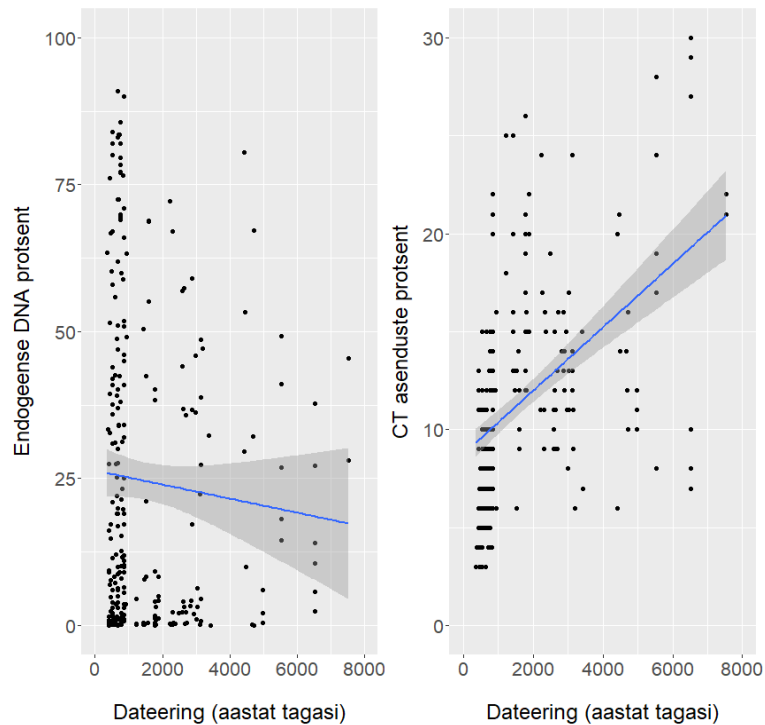


Joonis 25. Endogeense DNA ja CT asenduste protsendi varieeruvus matusetüüpides.

4.3. Luu vanus

Kolmas uurimisküsimus oli, kas proovistatud luude endogeense DNA hulk ja selle ehitusplokkideks olevate lämmastikaluste – tsütosiini (C) ja tümiini (T) – surmajärgsete asenduste arv on seotud luude kronoloogilise vanusega. Lineaarse regressiooni puhul on nullhüpotees, et luu vanuse ja DNA ning CT asenduste protsendi vahel seosed puuduvad.

Kasutades lineaarset regressiooni, analüüsiti CT asenduste ja endogeense DNA protsendi seost ja nähti, et seos on statistiliselt oluline vaid CT asenduste puhul ($R^2 = 0,2191$, $F = 74,54$, $p = 6,067e-16$) (lisa 1.4.2.). R^2 järgi on võimalik öelda, et 21,9% CT asenduste varieeruvusest on seletatav luu vanusega. Jääkväärtused jaotuvad suhteliselt normaalselt keskmise ümber (miinimum: $-12,3042$, maksimum: $14,3752$) (samas). Jääkväärtuse on ennustatud ja tegelike väärtuste vahe ning kui need on keskmise suhtes kaldu, tähendab see, et mudel ei kirjelda seost hästi. Siit võib seega järeldada, et käesolev mudel on sobiv suhte kirjeldamiseks.

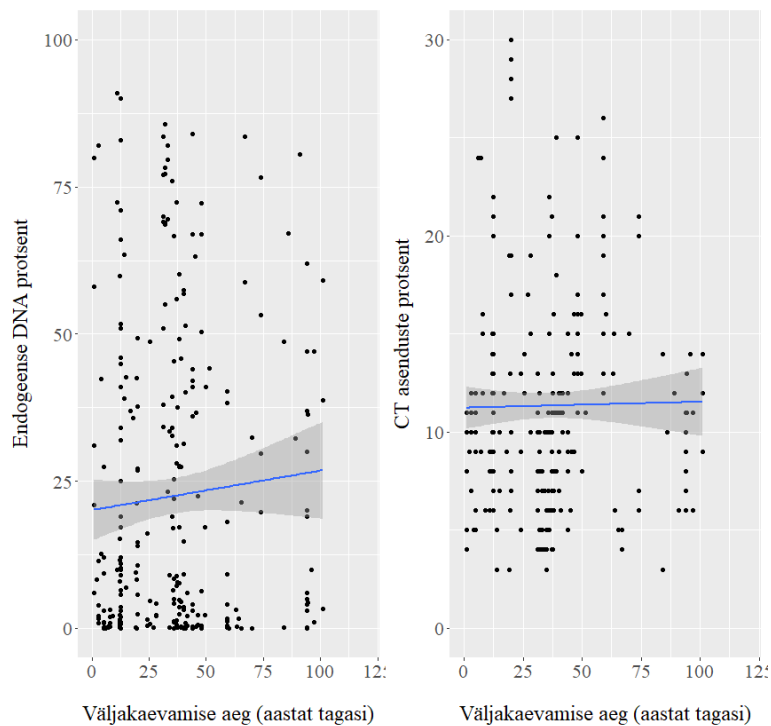


Joonis 26. Endogeense DNA ja CT asenduste protsent seoses luu vanusega.

4.4. Luu väljakaevamise aeg

Neljas uurimisküsimus oli, kas proovistatud luude endogeense DNA hulk ja selle ehitusplokkideks olevate lämmastikaluste – tsütosiini (C) ja tümiini (T) – surmajärgsete asenduste arv on seotud luude väljakaevamise ajaga ehk sellega, kui kaua neid on hoiustatud. Lineaarse regressiooni puhul on nullhüpotees, et luu hoiustamise aja (väljakaevamise aeg) ja endogeense DNA ning CT asenduste protsendi vahel seosed puuduvad.

Kasutades lineaarset regressiooni, analüüsiti hoiustamise aja (väljakaevamise aeg) ja endogeense DNA ja CT asenduste protsendi seost ja nähti, et seos pole statistiliselt oluline vastavalt esimese ($R^2 = 0,0008766$, $F = 1,25$, $p = 0,2645$) (lisa 1.5.1.) ega teise puhul ($R^2 = -0,003611$, $F = 0,05728$, $p = 0,811$) (lisa 1.5.2.). CT asenduste puhul on R^2 negatiivne, mis tähendab, et hoiustamise aeg ei seleta varieeruvust üldse ja parem oleks isegi kasutada CT asenduste keskmist lineaarse regressiooni joone asemel.



Joonis 27. Endogeense DNA ja CT asenduste protsent seoses hoiustamise perioodiga (väljakaevamiste aeg).

4.5. Statistilise analüüsi tulemuste tabel

Kas proovistatud luude endogeense DNA hulk ja selle nukleotiididest ehitusplokkide koosseisu kuuluvate lämmastikaluste – tsütosiini (C) ja tümiini (T) surmajärgsete asenduste arv on seotud:	Sõltuvad muutujad analüüsis	Sõltumatud muutujad analüüsis	Analüüside jaoks tehtud jaotused	Kasutatud analüüs(id)	Nullhüpotees	Tulemus analüüsis endogeense DNA protsendiga	Tulemus analüüsis CT asenduste protsendiga
a) mullaliigiga, kuhu surnukeha oli maetud (sealhulgas selle pH taseme või niiskusega),	Endogeense DNA ja CT asenduste protsent vastavates luudes	Mullaliigid	1) kõik mullaliigid	ANOVA, Tukey's HSD	Endogeense DNA ja CT asenduste protsendi keskmised ei erine oluliselt kõikide mullaliikide vahel	Nullhüpotees lükati ümber	Nullhüpotees lükati ümber
			2) kõikidest mullaliikidest need, kust oli proove võetud võrreldavas koguses ehk 18–28 (jaotus A1)		Endogeense DNA ja CT asenduste protsendi keskmised ei erine oluliselt mullaliikide vahel jaotuses A1	Nullhüpotees lükati ümber	Nullhüpotees lükati ümber
			3) proovidele jaotuses A1 lisati ajaline konstant: keskaeg ja võrreldi mullaliike omavahel		Endogeense DNA ja CT asenduste protsendi keskmised ei erine oluliselt mullaliikide vahel jaotuses A1, konstandiga keskaeg	Nullhüpotees lükati ümber	Nullhüpotees lükati ümber
			4) ainult prooviderohked muistised		Endogeense DNA ja CT asenduste protsendi keskmised ei erine oluliselt mullaliikide vahel prooviderohkete muististe vahel	Nullhüpotees lükati ümber	Nullhüpotees lükati ümber
			5) kogu valimist eemaldati prooviderohked muistised ja võrreldi mullaliike, millest oli siis võrreldavas koguses proove ehk 17–28 (jaotus A2)		Endogeense DNA ja CT asenduste protsendi keskmised ei erine oluliselt mullaliikide vahel jaotuses A2	Nullhüpoteesi ei lükatud ümber	Nullhüpotees lükati ümber
			6) mullaliigid Lõuna-Eestist võrdluses Põhja- ja Lääne-Eesti (ka saared) mullaliikidega		Endogeense DNA ja CT asenduste protsendi keskmised ei erine oluliselt Lõuna-Eesti ning Põhja- ja Lääne- Eesti (k.a. saared) mullaliikide vahel	Nullhüpoteesi ei lükatud ümber	Nullhüpotees lükati ümber
			7) erodeeritud, liiv-ja kruusmullad (eeldatavasti kuivad mullaliigid) võrdluses teiste valimis olevate mullaliikidega		Endogeense DNA ja CT asenduste protsendi keskmised ei erine oluliselt erodeeritud, liiv-ja kruusmullade ja teiste valimis olevate mullaliikide vahel	Nullhüpoteesi ei lükatud ümber	Nullhüpotees lükati ümber
b) matusetüübiga,	Matusetüübid	Jaotusi ei tehtud	Lineaarne regressioon	pH taseme ja endogeense DNA ning CT asenduste protsendi vahel seosed puuduvad	Nullhüpoteesi ei lükatud ümber	Nullhüpotees lükati ümber, kuid seos oli nõrk ja sisuliselt ebaloogiline	
c) luude kronoloogilise vanusega,	Dateering (aastat tagasi)		ANOVA, Tukey's HSD	Endogeense DNA ja CT asenduste protsendi keskmised ei erine oluliselt matusetüüpide vahel	Nullhüpotees lükati ümber	Nullhüpotees lükati ümber	
d) luude väljakaevamise ajaga ehk sellega, kui kaua neid on hoiustatud?	Väljakaevamise aeg (aastat tagasi)		Lineaarne regressioon	Luu vanuse ja DNA ning CT asenduste protsendi vahel seosed puuduvad	Nullhüpoteesi ei lükatud ümber	Nullhüpotees lükati ümber	
					Luu hoiustamise aja (väljakaevamise aeg) ja endogeense DNA ning CT asenduste protsendi vahel seosed puuduvad	Nullhüpoteesi ei lükatud ümber	Nullhüpoteesi ei lükatud ümber

5. Arutelu

Tulemuste tõlgendamisel tuleb arvestada, et käesolevas andmebaasis on proove eri mullaliikidest ja erineval arvul. Ühtlasi on valim tekkinud projektide uurimisteemade põhiselt ja on seotud ühest küljest uurijate ehk arheoloogide ja geneetikute huvialadega praegu ja ka varem, teisalt kalmistute rajajate elukohtade ja traditsioonidega.

DNA pikaajalist säilivust mõjutavad tõenäoliselt enamik senise uurimistöo ülevaates välja toodud teguritest. Sellegipoolest on uurijatel olnud raske muutujate individuaalset mõju tõestada ja paljud senitehtud uuringud on saanud üksteist välistavaid tulemusi. Mitmes töös on välja toodud, et näiteks luu vanuse olulisust on keeruline statistiliselt analüüsida, sest enamasti on suur varieeruvus olemas juba ühe arheoloogilise muistise siseselt (Gilbert jt 2003, Allentoft jt 2012, Keighley jt 2021). Seda on võimalik näha ka käesoleva magistristöo tulemustes (joonis 21).

Mullaliikide siseselt oli endogeense DNA protsendi ja CT asenduste hajuvus väga suur. See tähendab, et ühest mullaliigist leitud luudest oli võimalik saada väga erineva endogeense DNA sisaldusega proove ja saadud DNA-s oli erineval määral kahjustust ehk CT asendusi. Sellegipoolest oli võimalik lükata ümber enamik nullhüpoteese, mispärast võib järeldada, et luudest saadud endogeense DNA protsent ja surmajärgsete CT asenduste arv erinevad oluliselt eri mullaliikide vahel.

Esimeses analüüsis olid endogeense DNA protsendis erinevused mullaliikide Ko_KI (leostunud muld ja leetjas muld) ja Ag (gleistunud lammimuld) ning Lkl (nõrgalt leetunud muld) ja Ag (gleistunud lammimuld) vahel. Mõlemal juhul oli Ag luudest keskmiselt väiksem endogeense DNA protsent (joonis 18). CT asenduste puhul olid erinevused mullaliikide Lkl (nõrgalt leetunud muld) ja Kr (koreserikas rähkmuld) ning LP (kahkjass muld) ja Kr (koreserikas rähkmuld) vahel. Mõlemal juhul oli Kr luudest saadud DNA-s keskmiselt suurem CT asenduste protsent (joonis 18).

Jaotuses A1 olid erinevused endogeense DNA protsendis kolme mullaliigi paari vahel: Lkl (nõrgalt leetunud muld) ja K (rähkmuld), Lkl (nõrgalt leetunud muld) ja Ag (gleistunud lammimuld) ning Kh" (õhuke paepealne muld) ja Ag (gleistunud lammimuld). Tukey HSD testiga leiti, et CT asenduste protsent erines LP (kahkjass muld) ja Ko (leostunud muld) ning Lkl (nõrgalt leetunud muld) ja Ko (leostunud muld) vahel. Kõige kõrgem keskmine CT asenduste arv oli mullaliigil Ko ja madalaimad mullaliikidel LP ja Lkl (joonis 19). Endogeense DNA ja CT asenduste vastastikust seost nägi selgelt mullatüübi Lkl kaudu, millel oli proovides kõige kõrgem endogeense DNA keskmine väärtus ja ühtlasi väga madal CT asenduste arvu keskmine. See oli ootuspärane, sest CT asenduste arv ja endogeense DNA keskmine peaksidki olema sellises seoses. See tähendab, et mida kõrgem on proovi kvaliteet, seda vähem on DNA kahjustunud (joonis 14).

Kui jaotusele A1 lisati konstandiks luude pärinemine keskajast, oli mullaliikide vahel siiski erinevusi nii endogeense DNA kui ka CT asenduste protsendis. Vastavalt esimese puhul oli erinevus Lkl (nõrgalt leetunud muld) ja Ag (gleistunud lammimuld) vahel. Teise puhul oli mullaliigist Ag (gleistunud lammimuld) pärit proovide keskmine CT asenduste protsent oluliselt kõrgem liikide K (rähkmuld), Ko (leostunud muld), Lkl (nõrgalt leetunud muld) ja LP (kahkjass muld) keskmisest. Konkreetne jaotus oli aga juba peaaegu muististe vaheline võrdlemine, mistõttu rohkem konstante ei lisatud.

Konstandi lisamisel kadus valimist Kh" (õhuke paepealne muld). Märgatavalt muutusid DNA säilivust iseloomustavate muutujate keskmised valimisse jäänud mullaliikides. Seoses sellega muutus ka Tukey HSD testi tulemus. Näiteks konstantideta analüüsis ei olnud endogeense DNA protsendi keskmine oluliselt kõrgem nõrgalt leetunud mullas võrreldes rähkmullaga. CT asenduste protsent oli keskaegsete (maahaudadest) proovide puhul oluliselt madalam gleistunud lammimullal võrreldes pea kõigi teiste mullaliikidega, samas kui ilma konstantideta analüüsis ei tulnud selle erinevus üldse välja. See võrdlus näitas kõige reljeefsemalt, et olgugi, et endogeense DNA hulk ja selle kahjustused varieerusid mullaliikide vahel, oli eri jaotuste tulemused niivõrd erinevad, et ei ole võimalik öelda, millises mullas on paremad tingimused.

Suur osa proove jaotuses A1 oli prooviderohketest muististest. Näiteks Siksälä proovid moodustasid mullaliigi Lkl proovidest pea 80%, mispärast võis mullaliikidest pärit keskmiste

erinevus tuleneda mõne teise teguri mõjust, mis ühe muistise siseselt võis olla proovidel ühine. Seepärast vaadeldi ka proovirohkete muististe siseseid endogeense DNA ja CT asenduste protsente ja nähti, et need varieerusid ühe asukoha sees märgatavalt, ning veel tähtsam, asukohad erinesid oluliselt ka üksteisest.

Jaotuses A2, kus prooviderohked muistised olid eemaldatud, saadi dispersioonanalüüsi tulemuseks, et mullaliikide vahel ei olnud erinevusi endogeense DNA protsendis, samas kui luudel mullaliigist Kr (koreserikas rähkmuld) oli keskmine CT asenduste protsent oluliselt kõrgem kui luudel mullas Kh" (õhuke paepealne muld) ning samamoodi oli protsent kõrgem luudel mullast K (rähkmuld) kui mullast LP (kahkjass muld). Ka siin oli endogeense DNA ja CT asenduste vastastikust seost näha hästi, just mullatüübi Kr (koreserikas rähkmuld) kaudu. Koreserikkast rähkmullast kogutud luudel oli proovides kõige madalam endogeense DNA keskmine väärtus ja ühtlasi kõige kõrgem CT asenduste arvu keskmine (joonis 22).

Järgmisena analüüsiti DNA säilivust iseloomustavate muutujate varieeruvust Eesti eri piirkondades ja mullaliigi eeldatava niiskuse põhjal tehtud jaotuste põhiselt. Tulemuseks saadi, et endogeense DNA protsent ei varieeru oluliselt Eesti piirkondade lõikes. Eeldati, et kuna Lõuna-Eesti ja ülejäänud Eesti vahel on suur erinevus ka mulla happelisuses, võiks see tulemus viidata sellele, et happelisus ei ole märkimisväärse mõjuga muutuja. CT asendused aga varieerusid Lõuna- ning Põhja- ja Lääne-Eesti (k.a saared) vahel. Keskmiselt rohkem CT asendusi oli Põhja- ja Lääne-Eesti (k.a saared) proovides (joonis 23).

Endogeense DNA protsent ja CT asenduste sagedused ei erinenud erodeeritud, liiv- ja kruusmuldades võrreldes ülejäänud mullaliikidega. Käesoleva valimi põhjal järeldati seega, et pinnase niiskus ei ole oluline mõjutaja. Siin tuleb aga arvestada, et põhiline alus selle jaotuse tegemisel oli lõimimine. Lõimimise klassifitseerimine on Maa-ameti kaardil aga suhteliselt tinglik: märgitud lõimimine on domineeriv, aga mitte ainuke. Lisaks segatakse eelkõige maahaudade rajamise puhul kogu pinnas segamini, sealhulgas selle eri lõimised ja kihistused, mis tähendab, et pinnase niiskuse mõju kohta ei saa teha määravaid järeldusi vaid selle analüüsi põhjal.

Mulla pH tase ja luudest saadud endogeense DNA protsent ei olnud omavahel seoses. See näib olevat vastuolus varasemate uurimistulemustega, sest näiteks rabalaipadest pole seni olnud DNA-d võimalik eraldada. Seda suure tõenäosusega seetõttu, et sealne keskkond on tugevalt happeline ja niiske. Käesoleva magistritöö andmebaasi analüüsimisel ei tulnud ilmselt happelisuse olulisus välja, sest valimis ei ole ühtegi proovi väga tugevalt happelisest keskkonnast ja tugevalt happelisest on vaid kaks (Lindora ja Kaberla). Statistiliselt oluline seos tuli välja aga pH taseme ja CT asenduste vahel. Suhe oli positiivne, mis on sisuliselt ebaloogiline, sest happelisuse vähenemisega vähenes surmajärgsete modifikatsioonide hulk. Samas oli ka R^2 väärtus madal (0,01976), mis tähendab, et konkreetne lineaarne mudel ei seletanud väga hästi nende vahelist suhet, aga oli parem variant, kui aktsepteerida nullhüpoteesi, et nende vahel ei ole mingisugust seost.

Järgmisena uuriti endogeense DNA protsendi ja CT asenduste sageduse seost matusetüübi ja luu vanusega. Endogeense DNA protsendi puhul oli statistiliselt oluline erinevus maahaudade ja kivikalmete vahel. Endogeense DNA protsendi ja luu vanuse vahel korrelatsiooni aga polnud. Seose puudumise tõttu vaadati, mis on nende proovide vanused, millel ei olnud endogeenset DNA-d tuvastatavas koguses säilinud (0%). Eesmärk oli vaadata, kas luud, millel ei ole endogeenset DNA-d säilinud, on eelkõige vanematest muististest. Perioodide järgi oli näha, et selliseid proove on varajasest pronksiajast kuni keskajani, kuid enamus olid keskajast. Põhjus võib olla selles, et keskajast on tehtud märkimisväärselt rohkem proove, mistõttu on suurem võimalus, et mõned neist on nullprotsendiga.

Vastupidiselt endogeense DNA protsendile leiti, et CT asenduste ja luu vanuse vahel on seos: vanematel proovidel oli surmajärgseid modifikatsioone enam. See oli ootuspärane, sest DNA fragmendid lähevad ajas lühemaks, seega kahjustused nagu fragmenteerumine ja CT asendused on seotud ajaga. Siinkohal oli aga huvitav, et kahjustused ja proovi kvaliteet ehk endogeense DNA protsent on omavahel seoses, kuid ajaga oli neist seotud vaid üks. Seega võiks järeldada, et CT asendusi ehk DNA kahjustust mõjutab otsesemalt aeg, kuid proovi endogeense protsendi suurus sõltub aja kõrval paljudest teistest teguritest, mis võivad aja mõju varjutada, kaasa arvatud keskkond ja arheoloogiline kontekst.

Vaadeldi ka pH taseme ja luu vanuse koosmõju CT asendustele. Regressioonanalüüsi tulemus näitas, et F-statistik oli tunduvalt suurem ($74,54 > 20,03$), kui mudelisse lisati ainult luu vanus. R^2 väärtus näitas, et luu vanus seletab 21,9% CT asenduste varieeruvusest. Tuleb aga rõhutada, et statistilise seose olemasolu ei tähenda, et muutujad oleksid omavahel põhjuslikult seotud. Sellegipoolest vihjab see põhjusliku seose võimalusele.

CT asendused erinesid oluliselt ka eri matusetüüpides. Paariviisiliselt olid erinevused kivikalme nii maahaua kui kääpaga. Tõsiseltvõetav erinevus oli maahaua ja kivikalme vahel, sest nende võrdlemiseks oli valimis piisaval arvul proove. Analüüsi tulemus kinnitas ühest küljest dateeringu ja matusetüübi vahelist seost, sest CT asenduste puhul on nii luu vanus kui ka matusetüüp statistiliselt olulised mõjutajad. Huvitavalt kombel oli endogeense DNA protsent keskmiselt kõrgem kivikalmetes kui maahaudades ja CT asenduste protsent ehk DNA kahjustus oli keskmiselt väiksem. Samas ei ole endogeense DNA protsent statistiliselt olulises seoses ajaga. See omaette võiks viidata keskkonna olulisusele. Tuleb aga silmas pidada, et kivikalmeid on valimis 80 ja maahaudu 204 ehk enam kui poole rohkem. Matusetüüpide vaheline keskmiste erinevus ei tähenda tingimata, et see tuleneb kalme ehitusest, sest on muutujaid (nt hoiustamistingimused), mida siin töös ei arvestata. Samas viitab see sellele, et matmiskeskkond võib olla oluline.

Viimaks uuriti, kas on seost endogeense DNA ja CT asenduste varieeruvusel väljakaevamiste aja ehk hoiustamise aja pikkusega. Statistiliselt olulist seost ei nähtud mitte kummagi DNA kvaliteeti iseloomustava näitajaga. Võimalik, et hoiustamise aja pikkus (101 aastat) ei ole piisavalt pikk, et selline seos oleks eristatav. Näiteks CT asenduste ja luu vanuse seose graafikul (joonis 26) oli näha, et 1000 aastast nooremate proovide puhul oli CT asenduste arv pigem väike ja aeglasemas tõusus. Samas ei saa graafikut (joonis 27) vaadates väita, et lühikest aega hoiustatud luude puhul poleks kõrgeid CT asenduste väärtusi.

Eeldatavasti mõjutavad DNA säilivust erinevad pinnaseomadused, näiteks niiskus, vee läbilaskvus, veetaseme muutused, hapniku tase, pH tase, mineraalsus, mikrofauna. Üks põhjus, miks siinses töös pH taseme ja niiskuse mõju ei täheldatud, võib olla see, et need tunnused varieeruvad ka mullaliigi siseselt ning DNA lagunemise protsess võib olla nende suhtes piisavalt tundlik, et kvantitatiivse uuringu puhul seost ei ilmne. Ka käesolevas andmestikus varieerub

mullaliigi siseselt pH tase, eriti näiteks Kl ja Ll mullaliikide puhul (joonis 10). Kindlasti oli põhjuseks ka see, et proovide ebavõrdse jaotuvuse tõttu oli omavahel töös võimalik võrrelda väheseid mullaliike. Samas oli näha, et mullaliikide vahel on endogeense DNA hulgas ja CT asenduste sageduses statistiliselt olulisi erinevusi ja erinevused on ka Eesti eri piirkondadest pärit proovides. Endogeense DNA protsent oli erinev ka kivikalme ja maahaua vahel, kuid ajaga seost ei olnud, mispärast võiks järeldada, et erinevust mõjutab just keskkond.

Töös kasutatud andmestikust ei olnud näha seost luude vanuse ja endogeense DNA protsendi varieeruvuse vahel, aga see ei saa olla täielikult tõene, sest DNA-d ei ole saadud üle miljoni aasta vanustest luudest (van der Valk, 2021). On tõenäolisem, et käesolevas töös uuritud muutujate toime koos paljude seni uurimata teguritega avaldab kombineeritud mõju DNA säilimisele ning nende individuaalne mõju varieerub ajas ja ruumis. Seda illustreerib hästi CT asenduste ja luu vanuse omavaheline seos. Kuna CT asenduste arv hakkab järsult suurenema alates 1000 aasta vanuste proovide puhul (joonis 26), on võimalik, et sedagi seost ei oleks välja tulnud, kui töös oleks kasutada vaid kuni paarisaja-aastased proovid.

Käesoleva töö valimis on proove, mis on dateeritud vahemikku 200–8000 aastat tagasi. Võimalik, et luu vanuse ja DNA protsendi seos ei tulnud esile, sest uuritud ajavahemik on DNA lagunemise analüüsimiseks liiga lühike. On teada, et suur osa DNA-d hävib kohe peale surma (Gilbert jt 2003, 48), kuid ei ole täpselt teada, mis ajaks hävib geneetiline materjal täielikult. MtDNA alusel on teoreetiliselt välja arvatud, et ideaaltingimustel võiks piir olla umbes kuus miljonit aastat (Allentoft jt 2012).

Käesoleva töö andmestikus on kuni 1000 aasta vanustest luudest on tunduvalt rohkem proove, mille endogeense DNA protsent on üle 50 (joonis 26). Tuleb siiski arvestada, et vanema dateeringuga proove ongi vähem. See omakorda tekitab kaks probleemi. Esiteks, mida rohkem on proove, seda suurem võimalus on, et mõned on väga halva, aga ka et mõned on väga hea kvaliteediga ning ülejäänud jäävadki sinna vahele, see tähendab, et jaotus ongi hajusam, sest ei ole tõenäoline, et proovi kvaliteeti mõjutab ainult vanus. Teiseks, vanemaid muistiseid on vähem teada, mistõttu on ka valikut vähem, et leida proovistamiseks sobivaid luid.

Mõjurite kombinatoorsusele ja mõju muutumisele ajas ja ruumis annab toetust veel asjaolu, et seni tehtud uuringute tulemused on teinekord vastuolulised. See võib osaliselt tuleneda sellest, et uurimismeetodid arenevad kiiresti, millega seoses uuemad tulemused saavadki teistsugused varasematest töödest. Sellegipoolest ei ole jõutud veel kõikide teadmiseni, mis toimub surnukeha lagunemise käigus molekulaarsel tasemel, rääkimata lagunemisprotsessidest, mis toimuvad tuhandete aastate jooksul.

200–8000 aasta jooksul on ka matmiskeskkond luu ümber muutunud (kliima, veetase jms). Vastavalt kronoloogilisele vanusele on luud olnud maetud erinevatesse kalmetesse, erineval viisil. Enne Tallinna Ülikooli luhoidla rajamist, kus hetkel hoiustatakse suuremat osa arheoloogilistest luudest, olid proovistatud elemendid erinevatest hoiustamise keskkondades ning need kaevati välja kuni 101 aastat tagasi. Lisaks võrreldi siin töös omavahel proove, mis pärinevad erinevatest anatoomilistest elementidest ja nende erinevatest osadest, olgugi, et domineerivaks olid siiski hambad.

Hetkel kättesaadavas valimis ei olnud võimalik uurida ühte kindlat tunnust süvitsi ja analüüsida selle mõju suurust. Äärmiselt vähe on proove, mis pärinevad erinevatest muististest ja millel oleks rohkem kui kolm kattuvat konteksti tunnust. Ilmselt seetõttu ei ole DNA säilivuse uurimiseks tehtud palju mitme tunnusega analüüse. Olgugi, et valim ei olnud optimaalne, saadi tehtud uuringu käigus huvitavaid tulemusi, mis annavad põhjust teemat edasi uurida, eeldatavasti täpsemate taustaandmete ja/või suurema valimiga.

Kokkuvõte

Töö peamiseks eesmärgideks oli uurida, kas pinnas, arheoloogiline kontekst, vanus ja hoiustamise aeg mõjutavad vana DNA säilivust inimsäilmetes. Vastust otsiti sellele, kas proovistatud luude endogeense DNA hulk ja selle nukleotiididest ehitusplokkide koosseisu kuuluvate lämmastikaluste – tsütosiini (C) ja tümiini (T) surmajärgsete asenduste arv on seotud:

- a) mullaliigiga, kuhu surnukeha oli maetud (sealhulgas selle pH taseme või niiskusega),
- b) matusetüübiga,
- c) luude kronoloogilise vanusega või
- d) luude väljakaevamise ajaga ehk sellega, kui kaua neid on hoiustatud?

Tõstatatud küsimustele vastamiseks kasutati 286 DNA proovi 74-st Eesti arheoloogilisest muistisest. Algselt oli proovide taustainfo killustunud erinevate allikate vahel, mistõttu see koondati ühtseks andmebaasiks. Loodud andmebaas on aluseks edasistele uurimistöodele ning see aitab kaasa erinevate erialade andmete integreeritud kasutamisele.

Töö analüüsi osas leiti, et uuritavate mullaliikide vahel on endogeense DNA ja CT asenduste protsendi keskmistes olulisi erinevusi. DNA säilivust mõjutavate muutuvate varieerumist vaadati seitsmes eri jaotuses. Jaotuste tegemisel arvestati mullaliikide omadusi ja/või neist pärit proovide arvu. Omavahel võrreldi 1) kõiki mullaliike; 2) kõikidest mullaliikidest neid, kust oli proove võetud võrreldavas koguses ehk 18–28 (jaotus A1); 3) mullaliike, millest võetud proovid olid jaotuses A1 keskajast; 4) prooviderohkeid muistiseid; 5) mullaliike, millest oli võrreldavas koguses proove ehk 17–18, kui valimis eemaldati prooviderohked muistised (jaotus A2); 6) muldasid Lõuna-Eestit Põhja- ja Lääne-Eesti (k.a saarte) mullaliikidega ning viimaks 7) erineva eeldatava niiskustasemega muldasid, täpsemalt erodeeritud, liiv- ja kruusmuldasid teiste valimis olevate mullaliikidega. Pinnaseid võrreldi ANOVA testiga selle alusel, mismoodi erinesid endogeense DNA ja CT asenduste protsendi keskmised jaotustes võrreldavate gruppide sees ja nende vahel. Viimaks vaadati pH taset seoses DNA ja CT asenduste protsendiga.

Endogeense DNA protsent erines neljas analüüsis (1–4) seitsmest erinevate mullaliikide vahel. CT asenduste protsent erines teatud mullaliikide vahel kõigis jaotustes, välja arvatud viimases analüüsis, kus võrreldi eeldatavalt kuivasid mullaliike kõigi teiste valimis olevate mullaliikidega. Käesoleva andmestiku põhjal ei nähtud sisuliselt tõsiseltvõetavat seost DNA säilivust iseloomustavate muutujate ja pH taseme vahel. Tuleb arvestada, et pH tasemete varieeruvus oli valimis suhteliselt väike (4,2–7,2). Sellegipoolest on võimalik järeldada, et eelkõige DNA kahjustus, kuid mingil määral ka selle kvaliteet, erinevad oluliselt mullaliikide vahel. See tähendab, et mullaliik võiks olla kaalukas mõjutaja, kuid vajab edasist uurimist, sest kõiki nullhüpoteese ümber ei lükatud.

Vana DNA säilivust iseloomustavate muutujate erinevuse põhjust teatud mullaliikide vahel ei olnud võimalik välja selgitada, sest seost ei nähtud pH tasemega ega leitud erinevusi potentsiaalselt kuivast mullast proovistatud luude võrdlemisel potentsiaalselt niiskemast pinnasest pärit luudega. Tuleb nentida, et ka muististe siseselt oli endogeense DNA ja CT asenduste protsendi varieeruvus suur, olgugi et ühes kohas on tegu sama mullaliigi, pH ja niiskustasemega ning enamasti sama matusetüübi, sarnase dateeringu ja hoiustamise ajaga.

Endogeense DNA protsent oli oluliselt erinev matusetüüpide vahel aga ei olnud seoses luu vanusega. See näitab, et erinevust maahaudade ja kivikalmete vahel mõjutab miski muu peale vanuse. Tuleb siiski silmas pidada, et eri matusetüüpidest on erinev arv proove ja see, et nende gruppide vahel on erinevus, ei tähenda tingimata, et see tuleneb kalme ehitusest, kuid viitab sellele, et matmiskeskond võiks olla oluline mõjur.

Siinses töös oli kõige selgem lineaarne seos CT asenduste protsendi ja dateeringu vahel. Tegemine oli positiivse korrelatsiooniga, mis on igati loogiline, sest tähendab, et mida aeg edasi, seda rohkem on DNA kahjustunud. Statistiliselt oluliselt erinesid CT asendused ka matusetüüpide vahel, kuid proovide arvu tõttu oli tõsiseltvõetav erinevus vaid maahaudade ja kivikalmete vahel.

Hoiustamise perioodi pikkuses ei nähtud seost kummagi DNA säilivust iseloomustava muutujaga. Peeti tõenäoliseks, et hoiustamise aeg (101 aastat) ei ole piisavalt pikk, et seos oleks olnud

eristatav. Sealjuures oli ka lühikest aega hoiustatud luude puhul neid, millel oli kõrge CT asenduste protsent (joonis 27).

Statistilise analüüsi tulemuste põhjal võib järeldada, et mullastiku ja matmisviisi tüübil on märkimisväärne mõju nii endogeense DNA kui ka CT asendusprotsendile. Kuigi luude vanus ei ole seotud endogeense DNA protsendiga, mõjutab see proovi kahjustumist, see tähendab seda, kui suur on CT asenduste protsent. Käesolevas töös kasutatav andmestik on suhteliselt juhuslik ja väike. Et küsimustele paremini vastata, peaks muutma ühte kahest. Siiski annab esialgne uurimus hea aluse tulevastele töödele selles valdkonnas.

Mõned seosed, mida uuriti, ei sobinud hästi lineaarse regressiooni mudelisse. Tulevikus võiks vaadata, kas neid selgitaks paremini mõni muu mudel ja milline see seos võiks sel juhul välja näha. Mõnel juhul oleks vaja ka mitmekesisemat andmestikku. Näiteks pH taseme puhul on raske siinse andmestiku põhjal järeldusi teha, sest enamuse pH tasemeid jäävad vahemikku 5,5–7,4. Samamoodi on tunduvalt vähem proove väga vanadest luudest kui näiteks keskaegsetest. Ühtlasi ei jälginud endogeense DNA protsent normaaljaotust. Tulevikus oleks ehk võimalik selle kõrvalekallet leevendada näiteks valimit suurendades.

Edaspidi võiks valimisse lisada mullaliike teistest geograafilistest piirkondadest, näiteks Soomest, mille mullastik erineb Eestist. Analüüside täpsuse suurendamiseks on tähtis teha spetsiaalne valim, keskendudes säilivusele, ning võtta luude ümbrusest pinnaseproove, mis võimaldaksid täpset keskkonna ja seal elutseva mikrofauna analüüsi. Huvitav oleks teha asukohapõhiseid võrdlusi kaevamisaruannete pinnasekirjelduste põhjal, kuid probleemiks võib kujuneda asjaolu, et kirjelduste põhjalikkus eri aruannetes varieerub. Võiks dokumenteerida ka mitmeid teisi parameetreid, näiteks hoiustamise tingimused, kasutatud materjalid jms (joonis 1).

The impact of soil, burial, and storage time on the preservation of ancient DNA in human bones found in Estonia

Summary

Collaboration between the natural sciences and archaeology is becoming increasingly common, making interdisciplinary work more necessary to create an effective workspace. This Master's thesis investigates the effects of soil, burial, and storage time on the preservation of ancient DNA in human bones found in Estonia. By understanding how environmental conditions and time affect bone and DNA preservation, it would be possible to use archaeological material even more efficiently.

DNA preservation studies have been conducted on both animal and human bones that range in date from approximately 13,000 years ago to the 20th century. The bones used for preservation analysis have come from various contexts and climatic zones. Based on the focus, the previous research studies can be categorised into four main groups. One field of research has focused on regional environmental differences, including the effects of soil and temperature. Another area of research includes temporal factors, examining both the chronological age of bones and the length of time archaeological material has been stored. The third field focuses on the properties of different anatomical elements and their potential to affect DNA preservation. Studies evaluating the combined and opposing effects of multiple factors make up the fourth group.

Most of the previous studies have mentioned, and to some extent considered, the origin of bones from different archaeological and landscape contexts, but this has rarely been a focus on its own. Soil type as a variable has only been added to the statistical analysis of one study (García et al. 1996), which distinguished only two types of soil, while the bone material was not archaeological. Burial type has not been included in the statistical analysis of any previous study.

The present study utilizes all DNA samples that have been extracted from Estonian archaeological bones in the clean laboratory of the Estonian Biocentre at the University of Tartu in the context of research projects between 01/04/2014 and 15/03/2022. A total of 286 samples from 74 archaeological sites were used, of which endogenous DNA was preserved in 263 samples and

DNA was absent in 23 samples. The majority of the samples (267) were extracted from teeth, with the remaining 10 from petrous bone and nine from other bones (Figure 14).

Initially, the information utilised throughout the study was fragmented and scattered across various institutional databases, research projects, and excavation reports. Therefore, it was necessary to collect and organise the information into a unified whole. The database created in this study will prevent duplicate sampling, which would save resources and streamline sample collection and analysis.

The information required for statistical analysis was divided into three categories: archaeological (burial type, context, age, etc.), environmental (coordinates, soil type, pH, etc.), and biological (the proportion of endogenous DNA and the frequency of CT substitutions at the 5' end of DNA fragments). The continuous variables were analysed using ANOVA (Analysis of Variance), Tukey's HSD (Honestly Significant Difference) and linear regression. The aim was to examine whether and how the factors included in the study affect the features that describe the preservation of ancient DNA.

The samples used in this study are from archaeological sites with 19 different soil types and four combinations of them, making a total of 22 different soil environments (Figure 7). Most of the samples in this study come from weakly acidic, neutral, and alkaline soils (Figure 10). Soil type identification is not available for those found in cities (58 samples) as they have been altered and partly destroyed by human activity.

The dataset used in this study is significantly influenced by the fact that there are archaeological sites from which many more samples have been taken compared to others, either due to the research question or the abundance of material. Most of the sites (67) have 1–7 DNA samples. There are significantly more samples from sites presented in Table 2. The sample size from each county is presented in Figure 8.

The majority of samples used in the study are from 1) inhumation graves, but also from 2) stone graves, and 3) barrows (Figure 11). The distribution of burials was compiled by the author based on excavation reports. When analysing the effect of soil in burial sites, especially in the case of inhumations, one must consider that buried individuals were rarely placed in the topsoil, but rather

deeper, where they came into contact with the surface layer covering the bedrock. Nevertheless, it can be assumed that when graves were dug, soil from the topsoil and the surface layer was mixed around the bones.

Burial types are strongly associated with time periods, according to the spread of burial traditions. The majority of datings are context-based (217). Radiocarbon dating has been conducted on approximately 17% of the burials (45). In this study, all bones (23) from which DNA could not be extracted, are undated. The age of the bones used in this study ranges from 200 to 8,000 years old (Figure 12). A large portion of the bones used in this study were excavated from the 1980s onwards, but a significant proportion also includes samples excavated and stored for a longer period of time (Figure 13).

During the study, the environmental parameters used in the analysis were grouped according to what was deemed appropriate and what could be investigated according to the sample sizes. The statistical analysis was divided into four parts according to the research questions posed in the study.

The first question was whether the amount of endogenous DNA and the number of postmortem cytosine (C) and thymine (T) substitutions are related to the soil type in which the body was buried (including its pH level and moisture). To answer this question, seven categories were created bearing in mind the characteristics of the soils and/or the number of samples taken from each. The following were compared: 1) all soil types, 2) soil types from which a comparable amount of samples (18–28) were taken (category A1), 3) soil types from category A1 with samples from the medieval period, 4) sites with a high density of samples, 5) soil types that had a comparable number of samples (17–28) when sites with a high density of samples were removed from the dataset (category A2), 6) soils from southern Estonia with those from northern and western Estonia (including the islands), and finally 7) soils with different expected moisture levels, specifically eroded, sandy and gravelly soils, compared to all other soil types in the sample. The soils were compared using ANOVA testing based on the difference in the average percentage of endogenous DNA and CT substitutions within and between comparable groups in each category. Finally, the pH level was examined in relation to the percentage of DNA and CT substitutions.

It was found that there are statistically significant differences in the average endogenous DNA percent from bones between the groups compared in categories 1–4. The percentage of CT substitutions differed in bones from soil types in almost all categories. It was only not relevantly different in the comparison between eroded, sandy and gravelly soils and all other soil types in the sample. Based on this dataset, there was no significant relationship between variables characterising DNA preservation and pH level. It should be noted that the variability of pH in the sample was rather small (4.2–7.2) and that pH also varied significantly within some of the soil types (Figure 10).

The second and third questions were whether the amount of endogenous DNA in the sampled bones and the number of post-mortem substitutions of the nitrogenous bases cytosine (C) and thymine (T) is related to the type of burial or to the chronological age of the bones. The percentage of endogenous DNA varied between burial types but was not related to bone age. This indicates that something other than age is affecting the difference between inhumations and stone graves. However, it should be noted that there are different numbers of samples from these burial types (inhumations 204, stone graves 80) and that the difference between these groups does not necessarily mean that it is due to grave type, but does suggest that the burial environment could be a factor.

The clearest linear correlation in this study was between the percentage of CT substitutions and age. This was a positive correlation, which is to be expected since it means that as time passes, DNA becomes more damaged. CT substitutions also differed significantly between burial types. Due to the number of samples, the difference that could be taken seriously was between inhumations and stone graves.

The fourth question was whether the amount of endogenous DNA and the number of post-mortem cytosine (C) and thymine (T) substitutions is related to the time since excavation, i.e. the storage time of the bones. There was no correlation observed between the length of the storage period and either of the variables used to describe DNA preservation. It was considered probable that the storage time (101 years) was not long enough to make the correlation detectable. In addition, some bones that were stored for a relatively short time had high percentages of CT substitutions (Figure 13).

From the results of the statistical analysis, it is possible to conclude that there is a considerably high possibility that soil and burial type have an influence on both the endogenous DNA and CT substitution percentage. Even though the age of the bones does not correlate with the endogenous DNA percentage it does have an effect on how damaged the sample is, i.e. on how large the percentage of CT substitutions is.

Even though the dataset used in this study is quite small and random the initial exploration of the effects of soil on the preservation of ancient DNA provides a solid foundation for future investigations in this area. Some of the relationships investigated did not fit well into a linear regression model and alternative models could be explored. Future studies could benefit from a larger and more diverse dataset, for example including soil samples from other regions. It would also be interesting to compare soil descriptions from excavation reports, although the level of detail varies across reports. Finally, documenting additional parameters such as storage conditions could improve the precision of the analysis.

Kasutatud kirjandus

Käsikirjad

Kadri Irdt. 2018. Vana DNA proovi kvaliteedi sõltuvus vanusest ja proovile antud visuaalsest hinnangust. Bakalaureuse töö. Tartu Ülikool, molekulaar- ja rakubioloogia instituut.

Publikatsioonid

Adler, C. J., Haak, W., Donlon, D., Cooper, A., Genographic Consortium. 2011. Survival and recovery of DNA from ancient teeth and bones. – *Journal of Archaeological Science*, 38: 5, 956–964.

Allentoft, M. E., Collins, M., Harker, D., Haile, J., Oskam, C. L., Hale, M.L., Campos, P. F., Samaniego, J. A., Gilbert, M. T. P., Willerslev, E., Zhang, G. 2012. The half-life of DNA in bone: measuring decay kinetics in 158 dated fossils. – *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 279, 4724–4733.

Allentoft, M. E., Sikora, M., Sjögren, K. G., Rasmussen, S., Rasmussen, M., Stenderup, J., Damgaard, P. B., Schroeder, H., Ahlström, T., Vinner, L., Malaspinas, A. S., Margaryan, A., Higham, T., Chivall, D., Lynnerup, N., Harvig, L., Baron, J., Della Casa, P., Dąbrowski, P., Duffy, P. R., Ebel, A. V., Epimakhov, A., Frei, K., Furmanek, M., Gralak, T., Gromov, A., Gronkiewicz, S., Grupe, G., Hajdu, T., Jarysz, R., Khartanovich, V., Khokhlov, A., Kiss, V., Kolář, J., Kriiska, A., Lasak, I., Longhi, C., McGlynn, G., Merkevicius, A., Merkyte, I., Metspalu, M., Mkrtychyan, R., Moiseyev, V., Paja, L., Pálfi, G., Pokutta, D., Pospieszny, L., Price, T. D., Saag, L., Sablin, M., Shishlina, N., Smrčka, V., Soenov, V. I., Szeverényi, V., Tóth, G., Trifanova, S. V., Varul, L., Vicze, M., Yepiskoposyan, L., Zhitenev, V., Orlando, L., Sichevitz-Pontén, T., Brunak, S., Nielsen, R., Kristiansen, K., Willerslev, E. 2015. Population genomics of bronze age Eurasia. – *Nature*, 522, 167–172.

Astover, A., Kölli, R., Roostalu, H., Reintam, E., Leedu, E. 2012. Mullateadus. Eesti Maaülikool, Tartu.

Astover, A., Leedu, E. 2019. Mulla ABC III osa. Mulla happesus ja lupjamine. Eesti Maaülikool, Tartu.

Astover, A., Leedu, E., Reintam, E. 2017. Mulla ABC I osa. Mulla mehaaniline koostis, Mullastikukaardid. Eesti Maaülikool, Tartu.

Austin, J. J., Ross, A. J., Smith, A. B., Fortey, R. A., Thomas, R. H. 1997. Problems of reproducibility—does geologically ancient DNA survive in amber-preserved insects? – Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences, 264: 1381, 467–474.

Bollongino, R., Tresset, A., Vigne, J. D. 2008. Environment and excavation: Pre-lab impacts on ancient DNA analyses. – *Comptes Rendus Palevol*, 7: 2-3, 91–98.

Burger, J., Hummel, S., Herrmann, B., Henke, W. 1999. DNA preservation: A microsatellite-DNA study on ancient skeletal remains. – *Electrophoresis*, 20: 8, 1722–1728.

Békési, A., Vértessy, B.G. 2011. Uracil in DNA: error or signal? – *Science in School*, 18, 27–31.

Cano, R. J., Poinar, H. N., Pieniazek, N. J., Acra, A., Poinar, G. O. 1993. Amplification and sequencing of DNA from a 120–135-million-year-old weevil. – *Nature*, 363, 536–538.

Cipollaro, M., Di Bernardo, G., Galano, G., Galderisi, U., Guarino, F., Angelini, F., Cascino, A. 1998. Ancient DNA in human bone remains from Pompeii archaeological site. – *Biochemical and biophysical research communications*, 247: 3, 901–904.

Collins, M. J., Gernaey, A. M., Nielsen-Marsh, C. M., Vermeer, C. and Westbroek, P. 2000. Slow rates of degradation of osteocalcin: Green light for fossil bone protein? – *Geology*, 28: 12, 1139–1142.

Cooper, A., Poinar, H. N. 2000. Ancient DNA: Do It Right or Not at All. – *Science*, 289: 5482, 1139–1139.

Dabney, J., Meyer, M., Pääbo, S. 2013. Ancient DNA damage. – *Cold Spring Harbor perspectives in biology*, 5: 7, 1–7.

Damgaard, P. B., Margaryan, A., Schroeder, H., Orlando, L., Willerslev, E., Allentoft, M. E. 2015. Improving access to endogenous DNA in ancient bones and teeth. – *Scientific Reports*, 5: 1, 1–12.

DeSalle, R., Gatesy, J., Wheeler, W., Grimaldi, D. 1992. DNA sequences from a fossil termite in Oligo-Miocene amber and their phylogenetic implications. – *Science*, 257: 5078, 1933–1936.

Elsner, J., Schibler, J., Hofreiter, M., Schlumbaum, A. 2015. Burial condition is the most important factor for mtDNA PCR amplification success in Palaeolithic equid remains from the Alpine foreland. – *Archaeological and anthropological sciences*, 7: 4, 505–515.

Eriksen, A. M. H., Nielsen, T. K., Matthiesen, H., Carøe, C., Hansen, L. H., Gregory, D. J., Turner-Walker, G., Collins, M. J., Gilbert, M. T. P. 2020. Bone biodeterioration – The effect of marine and terrestrial depositional environments on early diagenesis and bone bacterial community. – *Plos one*, 15: 10, 1–24.

Fernandes, D. M., Sirak, K. A., Ringbauer, H., Sedig, J., Rohland, N., Cheronet, O., Mah, M., Mallick, S., Olalde, I., Culleton, B. J., Adamski, N., Bernardos, R., Bravo, G., Broomandkoshbacht, N., Callan, K., Candilio, F., Demetz, L., Carlson, K. S. D., Eccles, L., Freilich, S., George, R. J., Lawson, A. M., Mandl, K., Marzaioli, F., McCool, W. C., Oppenheimer, J., Özdoğan, K. T., Schattke, C., Schmidt, R., Stewardson, K., Terrasi, F., Zalzal, F., Antúnez, C. A., Canosa, E. V., Colten, R., Cucina, A., Genchi, F., Kraan, C., La Pastina, F., Lucci, M., Maggiolo, M. V., Marcheco-Teruel, B., Maria, C. T., Martínez, C., París, I., Pateman, M., Simms, T. M., Sivoli, C. G., Vilar, M., Kennett, D. J., Keegan, W. F., Coppa, A., Lipson, M., Pinhasi, R., Reich, D. 2021. A genetic history of the pre-contact Caribbean. – *Nature*, 590, 103–110.

Frisch, T., Sørensen, M. S., Overgaard, S., Lind, M., Bretlau, P. 1998. Volume-referent bone turnover estimated from the interlabel area fraction after sequential labelling. – *Bone*, 22: 6, 677–682.

Field, A., Miles, J., Field, Z. 2012. *Discovering statistics using R*. SAGE Publications: London.

Gamba, C., Jones, E. R., Teasdale, M. D., McLaughlin, R. L., Gonzalez-Fortes, G., Mattiangeli, V., Domboróczy, L., Kóvári, I., Pap, I., Anders, A., Whittle, A., Dani, J., Raczky, P., Higham, T. F. G., Hofreiter, M., Bradley, D. G., Pinhasi, R. 2014. Genome flux and stasis in a five millennium transect of European prehistory. – *Nature Communications*, 5: 1, 1–9.

Geršak, Ž. M., Pajnič, I. Z., Črešnar, M., Zupanc, T. 2019. Determination of DNA yield rates in six different skeletal elements in ancient bones. – *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*, 7: 1, 120–122.

Gilbert, M. T. P., Hansen, A. J., Willerslev, E., Rudbeck, L., Barnes, I., Lynnerup, N., Cooper, A. 2003. Characterization of genetic miscoding lesions caused by postmortem damage. – *The American Journal of Human Genetics*, 72: 1, 48–61.

Glocke, I., Meyer, M. 2017. Extending the spectrum of DNA sequences retrieved from ancient bones and teeth. – *Genome research*, 27: 7, 1230–1237.

Golenberg, E. M., Giannasi, D. E., Clegg, M. T., Smiley, C. J., Durbin, M., Henderson, D. and Zurawski, G. 1990. Chloroplast DNA sequence from a Miocene *Magnolia* species. – *Nature*, 344, 656–658.

Götherström, A., Collins, M.J., Angerbjörn, A., Lidén, K. 2002. Bone preservation and DNA amplification. – *Archaeometry*, 44: 3, 395–404.

Green, R. E., Krause, J., Briggs, A. W., Maricic, T., Stenzel, U., Kircher, M., Patterson, N., Li, H., Zhai, W., Fritz, M. H. Y., 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., Weihmann, A., Nusbaum, C., Lander, E. S., Russ, C., Novod, N., Affourtit, J., Egholm, M., Verna, C., Rudan, P., Brajkovic, D., Kučan, Ž., Gušić, I., Doronichev, V. B., Golovanova, L. V., Lalueza-Fox, C., De La Rasilla, M., Fortea, 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., Pääbo, S. 2010. A Draft Sequence of the Neandertal Genome. – *Science* 328: 5979, 710–722.

Hagelberg, E., Bell, L. S., Allen, T., Boyde, A., Jones, S. J., Clegg, J. B. 1991. Analysis of ancient bone DNA: techniques and applications. – *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 333: 1268, 399–407.

Hansen, H. B., Damgaard, P. B., Margaryan, A., Stenderup, J., Lynnerup, N., Willerslev, E., Allentoft, M. E. 2017. Comparing ancient DNA preservation in petrous bone and tooth cementum. *PloS one*, 12: 1, 1–18.

Haynes, S., Searle, J. B. 2001. Bone Preservation and Ancient DNA: The Application of Screening Methods for Predicting DNA Survival. – *Journal of Archaeological Science*, 29, 585–592.

Hedges, R. E., Millard, A. R., Pike, A. W. 1995. Measurements and relationships of diagenetic alteration of bone from three archaeological sites. – *Journal of Archaeological Science*, 22: 2, 201–209.

Higgins, D., Rohrlach, A. B., Kaidonis, J., Townsend, G. and Austin, J. J. 2015. Differential nuclear and mitochondrial DNA preservation in post-mortem teeth with implications for forensic and ancient DNA studies. – *PloS one*, 10: 5, 1–7.

Higuchi, R., Bowman, B., Freiberger, M., Ryder, O. A., & Wilson, A. C. 1984. DNA sequences from the quagga, an extinct member of the horse family. – *Nature*, 312, 282–284.

Höss, M., Jaruga, P., Zastawny, T.H., Dizdaroglu, M., Pääbo, S. 1996. DNA damage and DNA sequence retrieval from ancient tissues. – *Nucleic acids research*, 24: 7, 1304–1307.

Hsu, C. W., Sowers, M. L., Baljinnayam, T., Herring, J. L., Hackfeld, L. C., Tang, H., Zhang, K., Sowers, L. C. 2022. Measurement of deaminated cytosine adducts in DNA using a novel hybrid thymine DNA glycosylase. – *Journal of Biological Chemistry*, 298: 3, 1–11.

I. Colson, J. Bailey, M. Vercauteren, B. Sykes, R. Hedges. 1997. The preservation of ancient DNA and Bone Diagenesis. – *Ancient Biomolecules*, 1: 2, 109–117.

International Human Genome Sequencing Consortium. 2001. Initial sequencing and analysis of the human genome. – *Nature*, 409, 860–921.

Jones, E. R., Zarina, G., Moiseyev, V., Lightfoot, E., Nigst, P. R., Manica, A., Pinhasi, R., Bradley, D. G. 2017. The Neolithic transition in the Baltic was not driven by admixture with early European farmers. – *Current Biology*, 27: 4, 576–582.

Jónsson, H., Ginolhac, A., Schubert, M., Johnson, P., Orlando, L. 2013. mapDamage2.0: fast approximate Bayesian estimates of ancient DNA damage parameters. – *Bioinformatics* 29: 13, 1682–1684.

Keighley, X., Bro-Jørgensen, M. H., Ahlgren, H., Szpak, P., Ciucani, M. M., Sánchez Barreiro, F., Howse, L., Gotfredsen, A. B., Glykou, A., Jordan, P., Lidén, K., Olsen, M. T. 2021. Predicting sample success for large-scale ancient DNA studies on marine mammals. – *Molecular ecology resources*, 21: 4, 1149–1166.

Kendall, C., Eriksen, A. M. H., Kontopoulos, I., Collins, M. J., Turner-Walker, G. 2018. Diagenesis of archaeological bone and tooth. – *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 491, 21–37.

Kistler, L., Ware, R., Smith, O., Collins, M., Allaby, R. G. 2017. A new model for ancient DNA decay based on paleogenomic meta-analysis. – *Nucleic acids research*, 45: 11, 6310–6320.

Kmoch, A., Kanal, A., Astover, A., Kull, A., Virro, H., Helm, A., Pärtel, M., Ostonen, I., Uuemaa, E. 2021. EstSoil-EH: a high-resolution eco-hydrological modelling parameters dataset for Estonia. – *Earth Syst. Sci. Data*, 13, 83–97.

Kõlli, R. 2003. Eesti muldade määraja. Eesti Põllumajandusülikool, Tartu.

Kontopoulos, I., Penkman, K., Mullin, V. E., Winkelbach, L., Unterländer, M., Scheu, A., Kreutzer, S., Hansen, H. B., Margaryan, A., Teasdale, M. D., Gehlen, B., Street, M.,

Lynnerup, N., Liritzis, I., Sampson, A., Papageorgopoulou, C., Allentoft, M. E., Burger, J., Bradley, D. G., Collins, M. J. 2020. Screening archaeological bone for palaeogenetic and palaeoproteomic studies. – *PloS one*, 15: 6, 1–17.

Kriiska, A., Lang, V., Mäesalu, A., Tvauri, A., Valk, H. 2020. Eesti esiaeg. (Eesti ajalugu, I.) Tartu Ülikooli ajaloo ja arheoloogia instituut, Tartu.

Lätti, P. 2004. Asustuspildist muinasaegsel Järvemaal – asustuskeskused ja linnused. – *Mäetagused*, 28, 123–148.

Lazaridis, I., Nadel, D., Rollefson, G., Merrett, D. C., Rohland, N., Mallick, S., Fernandes, D., Novak, M., Gamarra, B., Sirak, K., Connell, S., Stewardson, K., Harney, E., Fu, Q., Gonzalez-Fortes, G., Jones, E. R., Roodenberg, S. A., Lengyel, G., Bocquentin, F., Gasparian, B., Monge, J. M., Gregg, M., Eshed, V., Mizrahi, A.-S., Meiklejohn, C., Gerritsen, F., Bejenaru, L., Blüher, M., Campbell, A., Cavalleri, G., Comas, D., Froguel, P., Gilbert, E., Kerr, S. M., Kovacs, P., Krause, J., McGettigan, D., Merrigan, M., Merriwether, D. A., O'Reilly, S., Richards, M. B., Semino, O., Shamoony-Pour, M., Stefanescu, G., Stumvoll, M., Tönjes, A., Torroni, A., Wilson, J. F., Yengo, L., Hovhannisyan, N. A., Patterson, N., Pinhasi, R., Reich, D. 2016. Genomic insights into the origin of farming in the ancient Near East. – *Nature*, 536, 419–424.

Lindahl, T. 1993. Instability and decay of the primary structure of DNA. – *Nature*, 362, 709–715.

Lipson, M., Sawchuk, E. A., Thompson, J. C., Oppenheimer, J., Tryon, C. A., Ranhorn, K. L., de Luna, K. M., Sirak, K. A., Olalde, I., Ambrose, S. H., Arthur, J. W., Arthur, K. J. W., Ayodo, G., Bertacchi, A., Cerezo-Román, J. I., Culleton, B. J., Curtis, M. C., Davis, J., Gidna, A. O., Hanson, A., Kaliba, P., Katongo, M., Kwekason, A., Laird, M. F., Lewis, J., Mabulla, A. Z. P., Mapemba, F., Morris, A., Mudenda, G., Mwafulirwa, R., Mwangomba, D., Ndiema, E., Ogola, C., Schilt, F., Willoughby, P. R., Wright, D. K., Zipkin, A., Pinhasi, R., Kennett, D. J., Manthi, F. K., Rohland, N., Patterson, N., Reich, D., Prendergast, M. E. 2022. Ancient DNA and deep population structure in sub-Saharan African foragers. – *Nature*, 603, 290–296.

Lipson, M., Skoglund, P., Spriggs, M., Valentin, F., Bedford, S., Shing, R., Buckley, H., Phillip, I., Ward, G. K., Mallick, S., Rohland, N., Broomandkhoshbacht, N., Cheronet, O., Ferry, M., Harper, T. K., Michel, M., Oppenheimer, J., Sirak, K., Stewardson, K., Auckland, K., Hill, A. V. S., Maitland, K., Oppenheimer, S. J., Parks, T., Robson, K., Williams, T. N., Kennett, D. J., Mentzer, A. J., Pinhasi, R., Reich, D. 2018. Population turnover in remote Oceania shortly after initial settlement. – *Current Biology*, 28: 7, 1157-1165.

Gallego Llorente, M., Jones, E. R., Eriksson, A., Siska, V., Arthur, K. W., Arthur, J. W., Curtis, M. C., Stock, J. T., Coltorti, M., Pieruccini, P., Stretton, S., Brock, F., Higham, T., Park, Y., Hofreiter, M., Bradley, D. G., Bhak, J., Pinhasi, R., Manica, A. 2015. Ancient Ethiopian genome reveals extensive Eurasian admixture in Eastern Africa. – *Science*, 350: 6262, 820–822.

García, A.A., Munoz, I., Pestoni, C., Lareu, M.V., Rodriguez-Calvo, M.S. and Carracedo, A. 1996. Effect of environmental factors on PCR-DNA analysis from dental pulp. – *International Journal of Legal Medicine*, 109, 125–129.

Margaryan, A., Hansen, H. B., Rasmussen, S., Sikora, M., Moiseyev, V., Khoklov, A., Epimakhov, A., Yepiskoposyan, L., Kriiska, A., Varul, L., Saag, L., Lynnerup, N., Willerslev, E., Allentoft, M. E. 2018. Ancient pathogen DNA in human teeth and petrous bones. – *Ecology and evolution*, 8: 6, 3534–3542.

Margulies, M., Egholm, M., Altman, W. E., Attiya, S., Bader, J. S., Bemben, L. A., Berka, J., Braverman, M. S., Chen, Y.-J., Chen, Z., Dewell, S. B., Du, L., Fierro, J. M., Gomes, X. V., Godwin, B. C., He, W., Helgesen, S., Ho, C. H., Irzyk, G. P., Jando, S. C., Alenquer, M. L. I., Jarvie, T. P., Jirage, K. B., Kim, J.-B., Knight, J. R., Lanza, J. R., Leamon, J. H., Lefkowitz, S. M., Lei, M., Li, J., Lohman, K. L., Lu, H., Makhijani, V. B., McDade, K. E., McKenna, M. P., Myers, E. W., Nickerson, E., Nobile, J. R., Plant, R., Puc, B. P., Ronan, M. T., Roth, G. T., Sarkis, G. J., Simons, J. F., Simpson, J. W., Srinivasan, M., Tartaro, K. R., Tomasz, A., Vogt, K. A., Volkmer, G. A., Wang, S. H., Wang, Y., Weiner, M. P., Yu, P., Begley, R. F., Rothberg, J. M. 2005. Genome sequencing in microfabricated high-density picolitre reactors. – *Nature*, 437, 376–380.

Matisoo-Smith, E, Horsburgh, K. A. 2012. *DNA for Archaeologists*. Left Coast Press, Walnut Creek, California.

Miller, W., Drautz, D. I., Ratan, A., Pusey, B., Qi, J., Lesk, A. M., Tomsho, L. P., Packard, M. D., Zhao, F., Sher, A., Tikhonov, A., Raney, B., Patterson, N., Lindblad-Toh, K., Lander, E. S., Knight, J. R., Irzyk, G. P., Fredrikson, K. M., Harkins, T. T., Sheridan, S., Pringle, T., Schuster, S. C. 2008. Sequencing the nuclear genome of the extinct woolly mammoth. – *Nature* 456, 387–390.

Miloš, A., Selmanović, A., Smajlović, L., Huel, R. L., Katzmarzyk, C., Rizvić, A., Parsons, T. J. 2007. Success rates of nuclear short tandem repeat typing from different skeletal elements. – *Croatian medical journal*, 48: 4, 486.

Mittnik, A., Wang, C. C., Pfrengle, S., Daubaras, M., Zariņa, G., Hallgren, F., Allmäe, R., Khartanovich, V., Moiseyev, V., Tõrv, M. 2018. The genetic prehistory of the Baltic Sea region. – *Nature Communications*, 9: 1, 1–11.

Mullis, K. B., Faloona, F. 1987. Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction. – *Methods in Enzymology*, 155, 335–350.

Nielsen-Marsh, C. M., Hedges, R. E. 1999. Bone porosity and the use of mercury intrusion porosimetry in bone diagenesis studies. – *Archaeometry*, 41: 1, 165–174.

Nielsen-Marsh, C. M., Hedges, R. E. 2000. Patterns of diagenesis in bone I: the effects of site environments. – *Journal of Archaeological Science*, 27: 12, 1139–1150.

Nieves-Colón, M. A., Ozga, A. T., Pestle, W. J., Cucina, A., Tiesler, V., Stanton, T. W., Stone, A. C. 2018. Comparison of two ancient DNA extraction protocols for skeletal remains from tropical environments. – *American Journal of Physical Anthropology*, 166: 4, 824–836.

Nieves-Colón, M. A., Pestle, W. J., Reynolds, A. W., Llamas, B., De La Fuente, C., Fowler, K., Skerry, K. M., Crespo-Torres, E., Bustamante, C. D., Stone, A. C. 2020. Ancient DNA reconstructs the genetic legacies of precontact Puerto Rico communities. – *Molecular biology and evolution*, 37: 3, 611–626.

Nurk, S., Koren, S., Rhie, A., Rautiainen, M., Bzikadze, A. V., Mikheenko, A., Vollger, M. R., Altemose, N., Uralsky, L., Gershman, A., Aganezov, S. 2022. The complete sequence of a human genome. – *Science*, 376: 6588, 44–53.

Orlando, L., Allaby, R., Skoglund, P., Der Sarkissian, C., Stockhammer, P. W., Ávila-Arcos, M. C., Fu, Q., Krause, J., Willerslev, E., Stone, A. C., Warinner, C. 2021. Ancient DNA analysis. – *Nature Reviews Methods Primers*, 1, 1–14.

Orlando, L., Ginolhac, A., Zhang, G., Froese, D., Albrechtsen, A., Stiller, M., Schubert, M., Cappellini, E., Petersen, B., Moltke, I., Johnson, P. L. F., Fumagalli, M., Vilstrup, J. T., Raghavan, M., Korneliussen, T., Malaspinas, A. S., Vogt, J., Szklarczyk, D., Kelstrup, C. D., Vinther, J., Dolocan, A., Stenderup, J., Velazquez, A. M. V., Cahill, J., Rasmussen, M., Wang, X., Min, J., Zazula, G. D., Seguin-Orlando, A., Mortensen, C., Magnussen, K., Thompson, J. F., Weinstock, J., Gregersen, K., Røed, K. H., Eisenmann, V., Rubin, C. J., Miller, D. C., Antczak, D. F., Bertelsen, M. F., Brunak, S., Al-Rasheid, K. A. S., Ryder, O., Andersson, L., Mundy, J., Krogh, A., Gilbert, M. T. P., Kjær, K., Sicheritz-Ponten, T., Jensen, L. J., Olsen, J. V., Hofreiter, M., Nielsen, R., Shapiro, B., Wang, J., Willerslev, E. 2013. Recalibrating Equus evolution using the genome sequence of an early Middle Pleistocene horse. – *Nature*, 499, 74–78.

Ottoni, C., Koon, H. E., Collins, M. J., Penkman, K. E., Rickards, O., Craig, O. E. 2009. Preservation of ancient DNA in thermally damaged archaeological bone. – *Naturwissenschaften*, 96: 2, 267–278.

Pääbo, S. 1985. Molecular cloning of Ancient Egyptian mummy DNA. – *Nature* 314, 644–645.

Pääbo, S. 1989. Ancient DNA: extraction, characterization, molecular cloning, and enzymatic amplification. – *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 86: 6, 1939–1943.

Pääbo, S. 1991. Miocene DNA sequence—a dream come true? – *Current Biology*, 1, 45–46.

Pääbo, S. 2014. Neandertali inimene. Äripäev, Tallinn.

Pääbo, S., Higuchi, R. G., Wilson, A. C. 1989. Ancient DNA and the polymerase chain reaction. The emerging field of molecular archaeology. – *The Journal of biological chemistry*, 264: 17, 9709–9712.

Pääbo, S., Poinar, H., Serre, D., Jaenicke-Després, V., Hebler, J., Rohland, N., Kuch, M., Krause, J., Vigilant, L., Hofreiter, M. 2004. Genetic analyses from ancient DNA. – *Annual Review of Genetics*, 38: 1, 645–679.

Parker, C., Rohrlach, A. B., Friederich, S., Nagel, S., Meyer, M., Krause, J., Bos, K. I. and Haak, W. 2020. A systematic investigation of human DNA preservation in medieval skeletons. – *Scientific Reports*, 10: 1, 1–16.

Pinhasi, R., Fernandes, D., Sirak, K., Novak, M., Connell, S., Alpaslan-Roodenberg, S., Gerritsen, F., Moiseyev, V., Gromov, A., Raczky, P., Anders, A., Pietrusewsky, M., Rollefson, G., Jovanovic, M., Trinhhoang, H., Bar-Oz, G., Oxenham, M., Matsumura, H., Hofreiter, M. 2015. Optimal ancient DNA yields from the inner ear part of the human petrous bone. – *PloS one*, 10: 6, 1–13.

Poinar, H. N., Cano, R. J., Poinar, G. O. 1993. DNA from an extinct plant. – *Nature*, 363, 677–677.

Poinar, H. N., Schwarz, C., Qi, J., Shapiro, B., MacPhee, R. D. E., Buigues, B., Tikhonov, A., Huson, D. H., Tomsho, L. P., Auch, A., Rampp, M., Miller, W., & Schuster, S. C. 2006. Metagenomics to paleogenomics: large-scale sequencing of mammoth DNA. – *Science* 311: 5759, 392–394.

Prüfer, K., Racimo, F., Patterson, N., Jay, F., Sankararaman, S., Sawyer, S., Heinze, A., Renaud, G., Sudmant, P. H., de Filippo, C., Li, H., Mallick, S., Dannemann, M., Fu, Q., Kircher, M., Kuhlwilm, M., Lachmann, M., Meyer, M., Ongyerth, M., Siebauer, M., Theunert, C., Tandon, A., Moorjani, P., Pickrell, J., Mullikin, J. C., Vohr, S. H., Green, R. E., Hellmann, I., Johnson, P. L. F., Blanche, H., Cann, H., Kitzman, J. O., Shendure, J., Eichler, E. E., Lein, E. S., Bakken, T. E., Golovanova, L. V., Doronichev, V. B., Shunkov, M.

V., Derevianko, A. P., Viola, B., Slatkin, M., Reich, D., Kelso, J., Pääbo, S. 2014. The complete genome sequence of a Neanderthal from the Altai Mountains. – *Nature* 505, 43–49.

Pruvost, M., Schwarz, R., Correia, V. B., Champlot, S., Braguier, S., Morel, N., Fernandez-Jalvo, Y., Grange, T., Geigl, E. M. 2007. Freshly excavated fossil bones are best for amplification of ancient DNA. – *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104: 3, 739–744.

Rasmussen, M., Li, Y., Lindgreen, S., Pedersen, J. S., Albrechtsen, A., Moltke, I., Metspalu, M., Metspalu, E., Kivisild, T., Gupta, R., Bertalan, M., Nielsen, K., Gilbert, M. T. P., Wang, Y., Raghavan, M., Campos, P. F., Kamp, H. M., Wilson, A. S., Gledhill, A., Tridico, S., Bunce, M., Lorenzen, E. D., Binladen, J., Guo, X., Zhao, J., Zhang, X., Zhang, H., Li, Z., Chen, M., Orlando, L., Kristiansen, K., Bak, M., Tommerup, N., Bendixen, C., Pierre, T. L., Grønnow, B., Meldgaard, M., Andreasen, C., Fedorova, S. A., Osipova, L. P., Higham, T. F. G., Ramsey, C. B., Hansen, T. V. O., Nielsen, F. C., Crawford, M. H., Brunak, S., Sicheritz-Pontén, T., Villemis, R., Nielsen, R., Krogh, A., Wang, J., Willerslev, E. 2010. Ancient human genome sequence of an extinct Palaeo-Eskimo. – *Nature*, 463, 757–762.

Reich, D., Green, R. E., Kircher, M., Krause, J., Patterson, N., Durand, E. Y., Viola, B., Briggs, A. W., Stenzel, U., Johnson, P. L. F., Maricic, T., Good, J. M., Marques-Bonet, T., Alkan, C., Fu, Q., Mallick, S., Li, H., Meyer, M., Eichler, E. E., Stoneking, M., Richards, M., Talamo, S., Shunkov, M. V., Derevianko, A. P., Hublin, J. J., Kelso, J., Slatkin, M., Pääbo, S. 2010. Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia. – *Nature* 468, 1053–1060.

Reimer, P. J., Austin, W. E. N., Bard, E., Bayliss, A., Blackwell, P. G., Bronk Ramsey, C., Butzin, M., Cheng, H., Edwards, R. L., Friedrich, M., Grootes, P. M., Guilderson, T. P., Hajdas, I., Heaton, T. J., Hogg, A. G., Hughen, K. A., Kromer, B., Manning, S. W., Muscheler, R., Palmer, J. G., Pearson, C., van der Plicht, J., Reimer, R. W., Richards, D. A., Scott, E. M., Southon, J. R., Turney, C. S. M., Wacker, L., Adolphi, F., Büntgen, U., Capano, M., Fahrni, S. M., Fogtmann-Schulz, A., Friedrich, R., Köhler, P., Kudsk, S., Miyake, F., Olsen, J., Reinig, F., Sakamoto, M., Sookdeo, A., Talamo, S. 2020. The IntCal20 northern hemisphere radiocarbon age calibration curve (0–55 cal kBP). – *Radiocarbon*, 62: 4, 725–757

Saag, L., Laneman, M., Varul, L., Malve, M., Valk, H., Razzak, M. A., Shirobokov, I. G., Khartanovich, V. I., Mikhaylova, E. R., Kushniarevich, A., Scheib, C. L., Solnik, A., Reisberg, T., Parik, J., Saag, L., Metspalu, E., Rootsi, S., Montinaro, F., Remm, M., Mägi, R., D'Atanasio, E., Crema, E. R., Díez-del-Molino, D., Thomas, M. G., Kriiska, A., Kivisild, T., Villems, R., Lang, V., Metspalu, M., Tambets, K. 2019. The arrival of Siberian ancestry connecting the Eastern Baltic to Uralic speakers further East. – *Current Biology*, 29: 10, 1701–1711.

Sauga, A. 2017. *Statistika õpik majanduseriala üliõpilastele*. Tallinna Tehnikaülikooli Kirjastus, Tallinn.

Sawyer, S., Krause, J., Guschanski, K., Savolainen, V., Pääbo, S. 2012. Temporal patterns of nucleotide misincorporations and DNA fragmentation in ancient DNA. – *PloS one*, 7: 3, 1–7.

Schlebusch, C. M., Malmström, H., Günther, T., Sjödin, P., Coutinho, A., Edlund, H., Munters, A. R., Vicente, M., Steyn, M., Soodyall, H., Lombard, M., Jakobsson, M. 2017. Southern African ancient genomes estimate modern human divergence to 350,000 to 260,000 years ago. – *Science*, 358: 6363, 652–655.

Schwarz, C., Debruyne, R., Kuch, M., McNally, E., Schwarcz, H., Aubrey, A. D., Bada, J., Poinar, H. 2009. New insights from old bones: DNA preservation and degradation in permafrost preserved mammoth remains. – *Nucleic acids research*, 37: 10, 3215–3229.

Sidow, A., Wilson, A. C., Pääbo, S. 1991. Bacterial DNA in *Clarkia* fossils. – *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 333: 1268, 429–433.

Sirak, K., Fernandes, D., Cheronet, O., Harney, E., Mah, M., Mallick, S., Rohland, N., Adamski, N., Broomandkoshbacht, N., Callan, K., Candilio, F., Lawson, A. M., Mandl, K., Oppenheimer, J., Stewardson, K., Zalzala, F., Anders, A., Bartík, J., Coppa, A., Dashtseveg, T., Évinger, S., Farkaš, Z., Hajdu, T., Bayarsaikhan, J., McIntyre, L., Moiseyev, V., Okumura, M., Pap, I., Pietrusewsky, M., Raczky, P., Šefčáková, A., Soficaru, A., Szeniczey, T., Szőke, B. M., Van Gerven, D., Vasilyev, S., Bell, L., Reich, D., Pinhasi, R. 2020. Human

auditory ossicles as an alternative optimal source of ancient DNA. – *Genome Research*, 30: 3, 427–436.

Sirak, K. A., Fernandes, D. M., Cheronet, O., Novak, M., Gamarra, B., Balassa, T., Bernert, Z., Cséki, A., Dani, J., Gallina, J. Z., Kocsis-Buruzs, G., Kóvári, I., László, O., Pap, I., Patay, R., Petkes, Z., Szenthe, G., Szeniczey, T., Hajdu, T., Pinhasi, R. 2017. A minimally-invasive method for sampling human petrous bones from the cranial base for ancient DNA analysis. – *BioTechniques*, 62: 6, 283–289.

Skoglund, P., Posth, C., Sirak, K., Spriggs, M., Valentin, F., Bedford, S., Clark, G. R., Reepmeyer, C., Petchey, F., Fernandes, D. M., Fu, Q., Harney, E., Lipson, M., Mallick, S., Novak, M., Rohland, N., Stewardson, K., Abdullah, S., Cox, M. P., Friedlaender, F. R., Friedlaender, J. S., Kivisild, T., Koki, G., Kusuma, P., Merriwether, D. A., Ricaut, F. X., Wee, J. T. S., Patterson, N., Krause, J., Pinhasi, R., Reich, D. 2016. Genomic insights into the peopling of the Southwest Pacific. – *Nature*, 538, 510–513.

Skoglund, P., Thompson, J. C., Prendergast, M. E., Mitnik, A., Sirak, K., Hajdinjak, M., Salie, T., Rohland, N., Mallick, S., Peltzer, A., Heinze, A., Olalde, I., Ferry, M., Harney, E., Michel, M., Stewardson, K., Cerezo-Román, J. I., Chiumia, C., Crowther, A., Gomani-Chindebvu, E., Gidna, A. O., Grillo, K. M., Helenius, I. T., Hellenthal, G., Helm, R., Horton, M., López, S., Mabulla, A. Z. P., Parkington, J., Shipton, C., Thomas, M. G., Tibesasa, R., Welling, M., Hayes, V. M., Kennett, D. J., Ramesar, R., Meyer, M., Pääbo, S., Patterson, N., Morris, A. G., Boivin, N., Pinhasi, R., Krause, J., Reich, D. 2017. Reconstructing prehistoric African population structure. – *Cell*, 171: 1, 59–71.

Smith, C. I., Chamberlain, A. T., Riley, M. S., Cooper, A., Stringer, C. B., Collins, M. J. 2001. Not just old but old and cold? – *Nature*, 410: 6830, 771–772.

Smith, C. I., Chamberlain, A. T., Riley, M. S., Stringer, C., Collins, M. J. 2003. The thermal history of human fossils and the likelihood of successful DNA amplification. – *Journal of human evolution*, 45: 3, 203–217.

Sosa, C., Vispe, E., Núñez, C., Baeta, M., Casalod, Y., Bolea, M., Hedges, R. E. M., Martínez-Jarreta, B. 2013. Association between ancient bone preservation and DNA yield: a multidisciplinary approach. – *American Journal of Physical Anthropology*, 151: 1, 102–109.

Van der Valk, T., Pečnerová, P., Díez-del-Molino, D., Bergström, A., Oppenheimer, J., Hartmann, S., Xenikoudakis, G., Thomas, J. A., Dehasque, M., Sağlıcan, E., Fidan, F. R., Barnes, I., Liu, S., Somel, M., Heintzman, P. D., Nikolskiy, P., Shapiro, B., Skoglund, P., Hofreiter, M., Lister, A. M., Götherström, A., Dalén, L. 2021. Million-year-old DNA sheds light on the genomic history of mammoths. – *Nature*, 591, 265–269.

Wayne, R. K., Leonard, J. A., Cooper, A. 1999. Full of sound and fury: the recent history of ancient DNA. – *Annual Review of Ecology and Systematics*, 30, 457–477.

Wess, T., Alberts, I., Hiller, J., Drakopoulos, M., Chamberlain, A. T., Collins, M. 2002. Microfocus Small Angle X-ray Scattering Reveals Structural Features in Archaeological Bone Samples; Detection of Changes in Bone Mineral Habit and Size. – *Calcified Tissue International*, 70: 2, 103–110.

Woodward, S. R., Weyand, N. J., Bunnell, M. 1994. DNA sequence from Cretaceous period bone fragments. – *Science*, 266: 5188, 1229–1232.

Zischler, H., Höss, M., Handt, O., von Haeseler, A., van der Kuyl, A.C., Goudsmit, J. 1995. Detecting dinosaur DNA. – *Science* 268: 5214, 1192–1194.

Internetiallikad

Maa-ameti Geoportaal. 2023. (<http://geoportaal.maaamet.ee/est/>. Viimati vaadatud 27.04.2023)

Rooma, I., Voiman, V. Eesti mullastik. Enstyklopeedia. http://entsyklopeedia.ee/meedia/eesti_mullastik/eesti_mullastik_kaart_tekstiga. Viimati vaadatud 17.04.2023.

Programmid

Bronk, Ramsey, C. 2020. OxCal 4.4. Oxford Radiocarbon Accelerator Unit, Oxford.
<https://c14.arch.ox.ac.uk/oxcal.html>.

JASP Team. 2023. JASP (Version 0.17.1). <https://jasp-stats.org/>.

QGIS Development Team. 2023. QGIS Geographic Information System. Open Source. Geospatial Foundation Project. <http://www.qgis.org>.

R Core Team. 2023. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>.

Suulised allikad

Liivi Varul. 2021. Autori intervjuu. Tartu, 17.11.2021.

Ain Kull. 2022. Autori intervjuu ja e-kiri. Tartu, 12.12.2022, 17.11.2022.

Kristi Tasuja. 2022. Autori e-kiri. 13.10.2022.

Valter Lang. 2022. Autori intervjuu. Tartu, 14.11.22.

LISA 1. Statistiliste testide tulemused R-is

1.1. Analüüsid nullaliikidega

1.1.1. Esimene analüüs

1.1.1.1. Endogeense DNA-ga

ANOVA

```
                Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
maaamet_III    21  24225   1153.6    2.174 0.00306 **
Residuals     206 109289    530.5
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
58 observations deleted due to missingness
```

Tukey HSD

```
Tukey multiple comparisons of means
 95% family-wise confidence level

Fit: aov(formula = endo ~ maaamet_III, data = BAAS)

$maaamet_III
      diff      lwr      upr      p adj
Ar-Ag    -6.62611111 -92.8033888  79.5511666 1.0000000
E2I-Ag   -5.13611111 -91.3133888  81.0411666 1.0000000
E3k-Ag    2.10388889 -84.0733888  88.2811666 1.0000000
K-Ag      8.10531746 -17.2352223  33.4458570 0.9999245
K_Ko-Ag  -5.32611111 -67.8456799  57.1934560 1.0000000
K_Kr-Ag  -4.80611111 -90.9833888  81.3711666 1.0000000
Kh''-Ag  22.03833333  -5.9212670  49.9979340 0.3554198
KI-Ag     33.84817460 -3.5144130  71.2107630 0.1340415
KIg-Ag    15.70388889 -70.4733888 101.8811666 1.0000000
Ko-Ag     9.52444444 -18.4351560  37.4840450 0.9997979
Ko_KI-Ag 67.13388889   4.6143210 129.6534560 0.0206518
Kog-Ag    14.37888889 -48.1406799  76.8984560 0.9999997
Kr-Ag     12.32455556 -10.2171950  34.8663060 0.9270109
L(k)I-Ag  9.47388889 -53.0456799  71.9934560 1.0000000
LI-Ag     9.88388889 -36.4818630  56.2496410 0.9999999
LkI-Ag    27.80496032   2.4644200  53.1455000 0.0153107
LP-Ag     11.79967836 -15.7895800  39.3889370 0.9950172
LP_KI-Ag 10.29222222 -29.2486240  49.8330690 0.9999976
LPe-Ag    2.71138889 -43.6543630  49.0771410 1.0000000
M''-Ag    52.15388889 -34.0233888 138.3311666 0.8325682
Pp-Ag     12.40638889 -33.9593630  58.7721410 0.9999961
E2I-Ar    1.49000000 -117.1325390 120.1125390 1.0000000
E3k-Ar    8.73000000 -109.8925390 127.3525390 1.0000000
K-Ar     14.73142857 -70.6320690 100.0949260 1.0000000
K_Ko-Ar   1.30000000 -101.4301320 104.0301320 1.0000000
K_Kr-Ar   1.82000000 -116.8025390 120.4425390 1.0000000
Kh''-Ar  28.66444444 -57.5128320 114.8417210 0.9998602
KI-Ar     40.47428571 -49.1959250 130.1444970 0.9903113
KIg-Ar    22.33000000 -96.2925390 140.9525390 1.0000000
Ko-Ar     16.15055556 -70.0267210 102.3278320 1.0000000
Ko_KI-Ar 73.76000000 -28.9701320 176.4901320 0.5439607
Kog-Ar    21.00500000 -81.7251320 123.7351320 1.0000000
Kr-Ar     18.95066667 -65.6242370 103.5255700 0.9999998
L(k)I-Ar 16.10000000 -86.6301320 118.8301320 1.0000000
LI-Ar     16.51000000 -77.2693510 110.2893510 1.0000000
LkI-Ar    34.43107143 -50.9324260 119.7945690 0.9976858
LP-Ar     18.42578947 -67.6320450 104.4836240 0.9999999
LP_KI-Ar 16.91833333 -73.6811270 107.5177940 1.0000000
LPe-Ar    9.33750000 -84.4418510 103.1168510 1.0000000
M''-Ar    58.78000000 -59.8425390 177.4025390 0.9722107
Pp-Ar     19.03250000 -74.7468510 112.8118510 1.0000000
E3k-E2I   7.24000000 -111.3825390 125.8625390 1.0000000
K-E2I     13.24142857 -72.1220690  98.6049260 1.0000000
K_Ko-E2I  -0.19000000 -102.9201320 102.5401320 1.0000000
K_Kr-E2I   0.33000000 -118.2925390 118.9525390 1.0000000
Kh''-E2I  27.17444444 -59.0028320 113.3517210 0.9999399
KI-E2I    38.98428571 -50.6859250 128.6544970 0.9938757
KIg-E2I   20.84000000 -97.7825390 139.4625390 1.0000000
Ko-E2I    14.66055556 -71.5167210 100.8378320 1.0000000
Ko_KI-E2I 72.27000000 -30.4601320 175.0001320 0.5848320
Kog-E2I   19.51500000 -83.2151320 122.2451320 1.0000000
Kr-E2I    17.46066667 -67.1142370 102.0355700 1.0000000
L(k)I-E2I 14.61000000 -88.1201320 117.3401320 1.0000000
LI-E2I    15.02000000 -78.7593510 108.7993510 1.0000000
LkI-E2I   32.94107143 -52.4224260 118.3045690 0.9987392
LP-E2I    16.93578947 -69.1220450 102.9936240 1.0000000
```

M''-E2I	57.29000000	-61.332539	175.912539	0.9789341
Pp-E2I	17.54250000	-76.236851	111.321851	1.0000000
K-E3k	6.00142857	-79.362069	91.364926	1.0000000
K_Ko-E3k	-7.43000000	-110.160132	95.300132	1.0000000
K_Kr-E3k	-6.91000000	-125.532539	111.712539	1.0000000
Kh''-E3k	19.93444444	-66.242832	106.111721	0.9999997
KI-E3k	31.74428571	-57.925925	121.414497	0.9996382
KIg-E3k	13.60000000	-105.022539	132.222539	1.0000000
Ko-E3k	7.42055556	-78.756721	93.597832	1.0000000
Ko_KI-E3k	65.03000000	-37.700132	167.760132	0.7713623
Kog-E3k	12.27500000	-90.455132	115.005132	1.0000000
Kr-E3k	10.22066667	-74.354237	94.795570	1.0000000
L(k)I-E3k	7.37000000	-95.360132	110.100132	1.0000000
LI-E3k	7.78000000	-85.999351	101.559351	1.0000000
LkI-E3k	25.70107143	-59.662426	111.064569	0.9999717
LP-E3k	9.69578947	-76.362045	95.753624	1.0000000
LP_KI-E3k	8.18833333	-82.411127	98.787794	1.0000000
LPe-E3k	0.60750000	-93.171851	94.386851	1.0000000
M'''-E3k	50.05000000	-68.572539	168.672539	0.9958114
Pp-E3k	10.30250000	-83.476851	104.081851	1.0000000
K_Ko-K	-13.43142857	-74.824425	47.961568	0.9999999
K_Kr-K	-12.91142857	-98.274926	72.452069	1.0000000
Kh''-K	13.93301587	-11.407524	39.273556	0.9232263
KI-K	25.74285714	-9.702406	61.188120	0.5206945
KIg-K	7.59857143	-77.764926	92.962069	1.0000000
Ko-K	1.41912698	-23.921413	26.759667	1.0000000
Ko_KI-K	59.02857143	-2.364425	120.421568	0.0764032
Kog-K	6.27357143	-55.119425	67.666568	1.0000000
Kr-K	4.21923810	-14.978007	23.416483	0.9999999
L(k)I-K	1.36857143	-60.024425	62.761568	1.0000000
LI-K	1.77857143	-43.056534	46.613677	1.0000000
LkI-K	19.69964286	-2.717910	42.117196	0.1725113
LP-K	3.69436090	-21.236962	28.625684	1.0000000
LP_KI-K	2.18690476	-35.547459	39.921269	1.0000000
LPe-K	-5.39392857	-50.229034	39.441177	1.0000000
M'''-K	44.04857143	-41.314926	129.412069	0.9578566
Pp-K	4.30107143	-40.534034	49.136177	1.0000000
K_Kr-K_Ko	0.52000000	-102.210132	103.250132	1.0000000
Kh''-K_Ko	27.36444444	-35.155123	89.884012	0.9933397
KI-K_Ko	39.17428571	-28.078373	106.426944	0.8749786
KIg-K_Ko	21.03000000	-81.700132	123.760132	1.0000000
Ko-K_Ko	14.85055556	-47.669012	77.370123	0.9999995
Ko_KI-K_Ko	72.46000000	-11.418802	156.338802	0.1967775
Kog-K_Ko	19.70500000	-64.173802	103.583802	0.9999996
Kr-K_Ko	17.65066667	-42.641021	77.942354	0.9999822
L(k)I-K_Ko	14.80000000	-69.078802	98.678802	1.0000000
LI-K_Ko	15.21000000	-57.431173	87.851173	1.0000000
LkI-K_Ko	33.13107143	-28.261925	94.524068	0.9352088
LP-K_Ko	17.12578947	-45.229036	79.480615	0.9999939
LP_KI-K_Ko	15.61833333	-52.868422	84.105088	0.9999998
LPe-K_Ko	8.03750000	-64.603673	80.678673	1.0000000
M'''-K_Ko	57.48000000	-45.250132	160.210132	0.9104854
Pp-K_Ko	17.73250000	-54.908673	90.373673	0.9999992
Kh''-K_Kr	26.84444444	-59.332832	113.021721	0.9999506
KI-K_Kr	38.65428571	-51.015925	128.324497	0.9944952
KIg-K_Kr	20.51000000	-98.112539	139.132539	1.0000000
Ko-K_Kr	14.33055556	-71.846721	100.507832	1.0000000
Ko_KI-K_Kr	71.94000000	-30.790132	174.670132	0.5938627
Kog-K_Kr	19.18500000	-83.545132	121.915132	1.0000000
Kr-K_Kr	17.13066667	-67.444237	101.705570	1.0000000
L(k)I-K_Kr	14.28000000	-88.450132	117.010132	1.0000000
LI-K_Kr	14.69000000	-79.089351	108.469351	1.0000000
LkI-K_Kr	32.61107143	-52.752426	117.974569	0.9989055
LP-K_Kr	16.60578947	-69.452045	102.663624	1.0000000
LP_KI-K_Kr	15.09833333	-75.501127	105.697794	1.0000000
LPe-K_Kr	7.51750000	-86.261851	101.296851	1.0000000
M'''-K_Kr	56.96000000	-61.662539	175.582539	0.9802340
Pp-K_Kr	17.21250000	-76.566851	110.991851	1.0000000
KI-Kh''	11.80984127	-25.552747	49.172429	0.9999376
KIg-Kh''	-6.33444444	-92.511721	79.842832	1.0000000
Ko-Kh''	-12.51388889	-40.473489	15.445712	0.9912476
Ko_KI-Kh''	45.09555556	-17.424012	107.615123	0.5346541
Kog-Kh''	-7.65944444	-70.179012	54.860123	1.0000000
Kr-Kh''	-9.71377778	-32.25528	12.827973	0.9945189
L(k)I-Kh''	-12.56444444	-75.084012	49.955123	1.0000000
LI-Kh''	-12.15444444	-58.520197	34.211308	0.9999973
LkI-Kh''	5.76662698	-19.573913	31.107167	0.9999998
LP-Kh''	-10.23865497	-37.827913	17.350603	0.9992764
LP_KI-Kh''	-11.74611111	-51.286957	27.794735	0.9999773
LPe-Kh''	-19.32694444	-65.692697	27.038808	0.9964212
M'''-Kh''	30.11555556	-56.061721	116.292832	0.9997021
Pp-Kh''	-9.63194444	-55.997697	36.733808	1.0000000
KIg-KI	-18.14428571	-107.814497	71.525925	1.0000000
Ko-KI	-24.32373016	-61.686318	13.038858	0.7271314
Ko_KI-KI	33.28571429	-33.966944	100.538373	0.9725572
Kog-KI	-19.46928571	-86.721944	47.783373	0.9999852
Kr-KI	-21.52361905	-55.025175	11.977937	0.7485465
L(k)I-KI	-24.37428571	-91.626944	42.878373	0.9994874
LI-KI	-23.96428571	-76.538107	28.609536	0.9891107
LkI-KI	-6.04321429	-41.488477	29.402049	1.0000000
LP-KI	-22.04849624	-59.134759	15.037767	0.8534004
LP_KI-KI	-23.55595238	-70.221810	23.109950	0.9662807
LPe-KI	-31.13678571	-83.710607	21.437036	0.8576297
M'''-KI	18.30571429	-71.364497	107.975925	1.0000000
Pp-KI	-21.44178571	-74.015607	31.132036	0.9973156
Ko-KIg	-6.17944444	-92.356721	79.997832	1.0000000
Ko_KI-KIg	51.43000000	-51.300132	154.160132	0.9690453
Kog-KIg	-1.32500000	-104.055132	101.405132	1.0000000
Kr-KIg	-3.37933333	-87.954237	81.195570	1.0000000
L(k)I-KIg	-6.23000000	-108.960132	96.500132	1.0000000
LI-KIg	-5.82000000	-99.599351	87.959351	1.0000000
LkI-KIg	12.10107143	-73.262426	97.464569	1.0000000
LP-KIg	-3.90421053	-89.962045	82.153624	1.0000000
LP_KI-KIg	-5.41166667	-96.011127	85.187794	1.0000000
LPe-KIg	-12.99250000	-106.771851	80.786851	1.0000000

```

Pp-KIg      -3.29750000  -97.076851  90.481851  1.00000000
Ko_KI-Ko    57.60944444  -4.910123  120.129012  0.1152587
Kog-Ko      4.85444444  -57.665123  67.374012  1.00000000
Kr-Ko       2.80011111  -19.741640  25.341862  1.00000000
L(k)I-Ko    -0.05055556  -62.570123  62.469012  1.00000000
LI-Ko       0.35944444  -46.006308  46.725197  1.00000000
LkI-Ko     18.28051587  -7.060024  43.621056  0.5343980
LP-Ko       2.27523392  -25.314024  29.864492  1.00000000
LP_KI-Ko    0.76777778  -38.773069  40.308624  1.00000000
LPe-Ko     -6.81305556  -53.178808  39.552697  1.00000000
M''-Ko     42.62944444  -43.547832  128.806721  0.9727120
Pp-Ko       2.88194444  -43.483808  49.247697  1.00000000
Kog-Ko_KI  -52.75500000  -136.633802  31.123802  0.7809050
Kr-Ko_KI    -54.80933333  -115.101021  5.482354  0.1300720
L(k)I-Ko_KI -57.66000000  -141.538802  26.218802  0.6297859
LI-Ko_KI    -57.25000000  -129.891173  15.391173  0.3556663
LkI-Ko_KI   -39.32892857  -100.721925  22.064068  0.7531033
LP-Ko_KI    -55.33421053  -117.689036  7.020615  0.1594693
LP_KI-Ko_KI -56.84166667  -125.328422  11.645088  0.2606931
LPe-Ko_KI   -64.42250000  -137.063673  8.218673  0.1602751
M''-Ko_KI  -14.98000000  -117.710132  87.750132  1.00000000
Pp-Ko_KI    -54.72750000  -127.368673  17.913673  0.4457350
Kr-Kog      -2.05433333  -62.346021  58.237354  1.00000000
L(k)I-Kog   -4.90500000  -88.783802  78.973802  1.00000000
LI-Kog      -4.49500000  -77.136173  68.146173  1.00000000
LkI-Kog     13.42607143  -47.966925  74.819068  0.9999999
LP-Kog      -2.57921053  -64.934036  59.775615  1.00000000
LP_KI-Kog   -4.08666667  -72.573422  64.400088  1.00000000
LPe-Kog    -11.66750000  -84.308673  60.973673  1.00000000
M''-Kog     37.77500000  -64.955132  140.505132  0.9993667
Pp-Kog     -1.97250000  -74.613673  70.668673  1.00000000
L(k)I-Kr    -2.85066667  -63.142354  57.441021  1.00000000
LI-Kr       -2.44066667  -45.755494  40.874160  1.00000000
LkI-Kr     15.48040476  -3.716840  34.677650  0.3121489
LP-Kr      -0.52487719  -22.605603  21.555848  1.00000000
LP_KI-Kr    -2.03233333  -37.947091  33.882424  1.00000000
LPe-Kr     -9.61316667  -52.927994  33.701660  0.9999999
M''-Kr     39.82933333  -44.745570  124.404237  0.9841051
Pp-Kr       0.08183333  -43.232994  43.396660  1.00000000
LI-L(k)I    0.41000000  -72.231173  73.051173  1.00000000
LkI-L(k)I  18.33107143  -43.061925  79.724068  0.9999753
LP-L(k)I    2.32578947  -60.029036  64.680615  1.00000000
LP_KI-L(k)I 0.81833333  -67.668422  69.305088  1.00000000
LPe-L(k)I  -6.76250000  -79.403673  65.878673  1.00000000
M''-L(k)I  42.68000000  -60.050132  145.410132  0.9965729
Pp-L(k)I    2.93250000  -69.708673  75.573673  1.00000000
LkI-LI     17.92107143  -26.914034  62.756177  0.9979524
LP-LI      1.91578947  -44.227584  48.059163  1.00000000
LP_KI-LI    0.40833333  -53.735200  54.551867  1.00000000
LPe-LI     -7.17250000  -66.483770  52.138770  1.00000000
M''-LI     42.27000000  -51.509351  136.049351  0.9904719
Pp-LI      2.52250000  -56.788770  61.833770  1.00000000
LP-LkI     -16.00528195  -40.936605  8.926041  0.7497558
LP_KI-LkI  -17.51273810  -55.247102  20.221626  0.9865562
LPe-LkI    -25.09357143  -69.928677  19.741534  0.9102619
M''-LkI    24.34892857  -61.014569  109.712426  0.9999885
Pp-LkI     -15.39857143  -60.233677  29.436534  0.9997710
LP_KI-LP   -1.50745614  -40.787304  37.772392  1.00000000
LPe-LP     -9.08828947  -55.231663  37.055084  1.00000000
M''-LP     40.35421053  -45.703624  126.412045  0.9848630
Pp-LP      0.60671053  -45.536663  46.750084  1.00000000
LPe-LP_KI  -7.58083333  -61.724367  46.562700  1.00000000
M''-LP_KI  41.86166667  -48.737794  132.461127  0.9872305
Pp-LP_KI   2.11416667  -52.029367  56.257700  1.00000000
M''-LPe    49.44250000  -44.336851  143.221851  0.9479904
Pp-LPe     9.69500000  -49.616270  69.006270  1.00000000
Pp-M''     -39.74750000  -133.526851  54.031851  0.9955605

```

1.1.1.2. CT asendustega

ANOVA

```

          Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
maaamet_III 21  1463    69.68   3.112 1.85e-05 ***
Residuals  192   4299    22.39
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
72 observations deleted due to missingness

```

Tukey HSD

```

Tukey multiple comparisons of means
 95% family-wise confidence level

Fit: aov(formula = ct ~ maaamet_III, data = BAAS)

$maaamet_III
          diff          lwr          upr          p adj
Ar-Ag      -8.666667e+00  -26.388673   9.055340  0.9754395
E2I-Ag     -5.666667e+00  -23.388673  12.055340  0.9999224
E3K-Ag     -5.666667e+00  -23.388673  12.055340  0.9999224
K-Ag       3.787879e-01   -5.103410   5.860986  1.0000000
K_Ko-Ag    8.333333e-01  -12.023561  13.690228  1.0000000

```

K_Kr-Ag	3.333333e+00	-14.388673	21.055340	1.0000000
Kh"-Ag	-1.111111e-01	-5.860889	5.638667	1.0000000
KI-Ag	1.333333e+00	-6.350131	9.016797	1.0000000
KIg-Ag	1.333333e+00	-16.388673	19.055340	1.0000000
Ko-Ag	4.333333e+00	-1.593402	10.260069	0.5053254
Ko_KI-Ag	-3.666667e+00	-16.523561	9.190228	0.9999881
Kog-Ag	1.333333e+00	-11.523561	14.190228	1.0000000
Kr-Ag	2.511905e+00	-2.161764	7.185574	0.9367608
L(k)I-Ag	3.333333e+00	-14.388673	21.055340	1.0000000
LI-Ag	-2.333333e+00	-13.090183	8.423516	0.9999999
LkI-Ag	-3.059524e+00	-8.270703	2.151655	0.8655811
LP-Ag	-3.561404e+00	-9.235022	2.112215	0.7820558
LP_KI-Ag	-1.333333e+00	-9.464747	6.798081	1.0000000
LPe-Ag	-1.416667e+00	-10.951595	8.118262	1.0000000
M""-Ag	-7.666667e+00	-25.388673	10.055340	0.9941128
Pp-Ag	1.333333e+00	-8.201595	10.868262	1.0000000
E2I-Ar	3.000000e+00	-21.394242	27.394242	1.0000000
E3k-Ar	3.000000e+00	-21.394242	27.394242	1.0000000
K-Ar	9.045455e+00	-8.591554	26.682463	0.9597394
K_Ko-Ar	9.500000e+00	-11.626034	30.626034	0.9905414
K_Kr-Ar	1.200000e+01	-12.394242	36.394242	0.9738427
Kh"-Ar	8.555556e+00	-9.166451	26.277562	0.9786482
KI-Ar	1.000000e+01	-8.440314	28.440314	0.9313395
KIg-Ar	1.000000e+01	-14.394242	34.394242	0.9970553
Ko-Ar	1.300000e+01	-4.780207	30.780207	0.5053254
Ko_KI-Ar	5.000000e+00	-16.126034	26.126034	0.9999995
Kog-Ar	1.000000e+01	-11.126034	31.126034	0.9828392
Kr-Ar	1.117857e+01	-6.224093	28.581236	0.7470618
L(k)I-Ar	1.200000e+01	-12.394242	36.394242	0.9738427
LI-Ar	6.333333e+00	-13.584482	26.251149	0.9999290
LkI-Ar	5.607143e+00	-11.947513	23.161799	0.9999237
LP-Ar	5.105263e+00	-12.592180	22.802707	0.9999856
LP_KI-Ar	7.333333e+00	-11.298077	25.964744	0.9982970
LPe-Ar	7.250000e+00	-12.035342	26.535342	0.9991043
M""-Ar	1.000000e+00	-23.394242	25.394242	1.0000000
Pp-Ar	1.000000e+01	-9.285342	29.285342	0.9551037
E3k-E2I	1.687539e-14	-24.394242	24.394242	1.0000000
K-E2I	6.045455e+00	-11.591554	23.682463	0.9997708
K_Ko-E2I	6.500000e+00	-14.626034	27.626034	0.9999582
K_Kr-E2I	9.000000e+00	-15.394242	33.394242	0.9993160
Kh"-E2I	5.555556e+00	-12.166451	23.277562	0.9999434
KI-E2I	7.000000e+00	-11.440314	25.440314	0.9989718
KIg-E2I	7.000000e+00	-17.394242	31.394242	0.9999868
Ko-E2I	1.000000e+01	-7.780207	27.780207	0.9053091
Ko_KI-E2I	2.000000e+00	-19.126034	23.126034	1.0000000
Kog-E2I	7.000000e+00	-14.126034	28.126034	0.9998640
Kr-E2I	8.178571e+00	-9.224093	25.581236	0.9841767
L(k)I-E2I	9.000000e+00	-15.394242	33.394242	0.9993160
LI-E2I	3.333333e+00	-16.584482	23.251149	1.0000000
LkI-E2I	2.607143e+00	-14.947513	20.161799	1.0000000
LP-E2I	2.105263e+00	-15.592180	19.802707	1.0000000
LP_KI-E2I	4.333333e+00	-14.298077	22.964744	0.9999997
LPe-E2I	4.250000e+00	-15.035342	23.535342	0.9999999
M""-E2I	-2.000000e+00	-26.394242	22.394242	1.0000000
Pp-E2I	7.000000e+00	-12.285342	26.285342	0.9994606
K-E3k	6.045455e+00	-11.591554	23.682463	0.9997708
K_Ko-E3k	6.500000e+00	-14.626034	27.626034	0.9999582
K_Kr-E3k	9.000000e+00	-15.394242	33.394242	0.9993160
Kh"-E3k	5.555556e+00	-12.166451	23.277562	0.9999434
KI-E3k	7.000000e+00	-11.440314	25.440314	0.9989718
KIg-E3k	7.000000e+00	-17.394242	31.394242	0.9999868
Ko-E3k	1.000000e+01	-7.780207	27.780207	0.9053091
Ko_KI-E3k	2.000000e+00	-19.126034	23.126034	1.0000000
Kog-E3k	7.000000e+00	-14.126034	28.126034	0.9998640
Kr-E3k	8.178571e+00	-9.224093	25.581236	0.9841767
L(k)I-E3k	9.000000e+00	-15.394242	33.394242	0.9993160
LI-E3k	3.333333e+00	-16.584482	23.251149	1.0000000
LkI-E3k	2.607143e+00	-14.947513	20.161799	1.0000000
LP-E3k	2.105263e+00	-15.592180	19.802707	1.0000000
LP_KI-E3k	4.333333e+00	-14.298077	22.964744	0.9999997
LPe-E3k	4.250000e+00	-15.035342	23.535342	0.9999999
M""-E3k	-2.000000e+00	-26.394242	22.394242	1.0000000
Pp-E3k	7.000000e+00	-12.285342	26.285342	0.9994606
K_Ko-K	4.545455e-01	-12.284932	13.194023	1.0000000
K_Kr-K	2.954545e+00	-14.682463	20.591554	1.0000000
Kh"-K	-4.898990e-01	-5.972097	4.992299	1.0000000
KI-K	9.545455e-01	-6.530785	8.439876	1.0000000
KIg-K	9.545455e-01	-16.682463	18.591554	1.0000000
Ko-K	3.954545e+00	-1.712971	9.622062	0.5991066
Ko_KI-K	-4.045455e+00	-16.784932	8.694023	0.9999304
Kog-K	9.545455e-01	-11.784932	13.694023	1.0000000
Kr-K	2.133117e+00	-2.207129	6.473362	0.9740944
L(k)I-K	2.954545e+00	-14.682463	20.591554	1.0000000
LI-K	-2.712121e+00	-13.328353	7.904110	0.9999982
LkI-K	-3.438312e+00	-8.352672	1.476049	0.5938097
LP-K	-3.940191e+00	-9.342459	1.462077	0.5103256
LP_KI-K	-1.712121e+00	-9.656581	6.232339	0.9999999
LPe-K	-1.795455e+00	-11.171456	7.580547	1.0000000
M""-K	-8.045455e+00	-25.682463	9.591554	0.9887872
Pp-K	9.545455e-01	-8.421456	10.330547	1.0000000
K_Kr-K_Ko	2.500000e+00	-18.626034	23.626034	1.0000000
Kh"-K_Ko	-9.444444e-01	-13.801339	11.912450	1.0000000
KI-K_Ko	5.000000e-01	-13.330235	14.330235	1.0000000
KIg-K_Ko	5.000000e-01	-20.626034	21.626034	1.0000000
Ko-K_Ko	3.500000e+00	-9.437001	16.437001	0.9999951
Ko_KI-K_Ko	-4.500000e+00	-21.749334	12.749334	0.9999974
Kog-K_Ko	5.000000e-01	-16.749334	17.749334	1.0000000
Kr-K_Ko	1.678571e+00	-10.734445	14.091588	1.0000000
L(k)I-K_Ko	2.500000e+00	-18.626034	23.626034	1.0000000
LI-K_Ko	-3.166667e+00	-18.913082	12.579749	1.0000000
LkI-K_Ko	-3.892857e+00	-16.518077	8.732363	0.9999567
LP-K_Ko	-4.394737e+00	-17.217753	8.428279	0.9997713
LP_KI-K_Ko	-2.166667e+00	-16.250689	11.917356	1.0000000

LPe-K_Ko	-2.250000e+00	-17.188362	12.688362	1.0000000
M''-K_Ko	-8.500000e+00	-29.626034	12.626034	0.9977045
Pp-K_Ko	5.000000e-01	-14.438362	15.438362	1.0000000
Kh''-K_Kr	-3.444444e+00	-21.166451	14.277562	1.0000000
KI-K_Kr	-2.000000e+00	-20.440314	16.440314	1.0000000
KIg-K_Kr	-2.000000e+00	-26.394242	22.394242	1.0000000
Ko-K_Kr	1.000000e+00	-16.780207	18.780207	1.0000000
Ko_KI-K_Kr	-7.000000e+00	-28.126034	14.126034	0.9998640
Kog-K_Kr	-2.000000e+00	-23.126034	19.126034	1.0000000
Kr-K_Kr	-8.214286e-01	-18.224093	16.581236	1.0000000
L(k)I-K_Kr	-5.506706e-14	-24.394242	24.394242	1.0000000
LI-K_Kr	-5.666667e+00	-25.584482	14.251149	0.9999886
LkI-K_Kr	-6.392857e+00	-23.947513	11.161799	0.9994339
LP-K_Kr	-6.894737e+00	-24.592180	10.802707	0.9985212
LP_KI-K_Kr	-4.666667e+00	-23.298077	13.964744	0.9999987
LPe-K_Kr	-4.750000e+00	-24.035342	14.535342	0.9999991
M''-K_Kr	-1.100000e+01	-35.394242	13.394242	0.9902237
Pp-K_Kr	-2.000000e+00	-21.285342	17.285342	1.0000000
KI-Kh''	1.444444e+00	-6.239020	9.127909	1.0000000
KIg-Kh''	1.444444e+00	-16.277562	19.166451	1.0000000
Ko-Kh''	4.444444e+00	-1.482291	10.371180	0.4536501
Ko_KI-Kh''	-3.555556e+00	-16.412450	9.301339	0.9999929
Kog-Kh''	1.444444e+00	-11.412450	14.301339	1.0000000
Kr-Kh''	2.623016e+00	-2.050653	7.296685	0.9070059
L(k)I-Kh''	3.444444e+00	-14.277562	21.166451	1.0000000
LI-Kh''	-2.222222e+00	-12.979072	8.534628	1.0000000
LkI-Kh''	-2.948413e+00	-8.159592	2.262766	0.9004071
LP-Kh''	-3.450292e+00	-9.123911	2.223326	0.8250198
LP_KI-Kh''	-1.222222e+00	-9.353636	6.909192	1.0000000
LPe-Kh''	-1.305556e+00	-10.840484	8.229373	1.0000000
M''-Kh''	-7.555556e+00	-25.277562	10.166451	0.9951027
Pp-Kh''	1.444444e+00	-8.090484	10.979373	1.0000000
KIg-KI	1.421085e-14	-18.440314	18.440314	1.0000000
Ko-KI	3.000000e+00	-4.816768	10.816768	0.9988000
Ko_KI-KI	-5.000000e+00	-18.830235	8.830235	0.9994912
Kog-KI	3.552714e-15	-13.830235	13.830235	1.0000000
Kr-KI	1.178571e+00	-5.736546	8.093689	1.0000000
L(k)I-KI	2.000000e+00	-16.440314	20.440314	1.0000000
LI-KI	-3.666667e+00	-15.569838	8.236505	0.9999574
LkI-KI	-4.392857e+00	-11.682031	2.896317	0.8361590
LP-KI	-4.894737e+00	-12.521376	2.731902	0.7484258
LP_KI-KI	-2.666667e+00	-12.263310	6.929977	0.9999923
LPe-KI	-2.750000e+00	-13.561592	8.061592	0.9999983
M''-KI	-9.000000e+00	-27.440314	9.440314	0.9759606
Pp-KI	7.105427e-15	-10.811592	10.811592	1.0000000
Ko-KIg	3.000000e+00	-14.780207	20.780207	1.0000000
Ko_KI-KIg	-5.000000e+00	-26.126034	16.126034	0.9999995
Kog-KIg	-1.065814e-14	-21.126034	21.126034	1.0000000
Kr-KIg	1.178571e+00	-16.224093	18.581236	1.0000000
L(k)I-KIg	2.000000e+00	-22.394242	26.394242	1.0000000
LI-KIg	-3.666667e+00	-23.584482	16.251149	1.0000000
LkI-KIg	-4.392857e+00	-21.947513	13.161799	0.9999988
LP-KIg	-4.894737e+00	-22.592180	12.802707	0.9999929
LP_KI-KIg	-2.666667e+00	-21.298077	15.964744	1.0000000
LPe-KIg	-2.750000e+00	-22.035342	16.535342	1.0000000
M''-KIg	-9.000000e+00	-33.394242	15.394242	0.9993160
Pp-KIg	-7.105427e-15	-19.285342	19.285342	1.0000000
Ko_KI-Ko	-8.000000e+00	-20.937001	4.937001	0.8031151
Kog-Ko	-3.000000e+00	-15.937001	9.937001	0.9999997
Kr-Ko	-1.821429e+00	-6.711155	3.068298	0.9992144
L(k)I-Ko	-1.000000e+00	-18.780207	16.780207	1.0000000
LI-Ko	-6.666667e+00	-17.519135	4.185801	0.8119953
LkI-Ko	-7.392857e+00	-12.798653	-1.987061	0.0002910
LP-Ko	-7.894737e+00	-13.747616	-2.041858	0.0003938
LP_KI-Ko	-5.666667e+00	-13.924157	2.590823	0.6311811
LPe-Ko	-5.750000e+00	-15.392671	3.892671	0.8485721
M''-Ko	-1.200000e+01	-29.780207	5.780207	0.6622914
Pp-Ko	-3.000000e+00	-12.642671	6.642671	0.9999499
Kog-Ko_KI	5.000000e+00	-12.249334	22.249334	0.9999843
Kr-Ko_KI	6.178571e+00	-6.234445	18.591588	0.9703727
L(k)I-Ko_KI	7.000000e+00	-14.126034	28.126034	0.9998640
LI-Ko_KI	1.333333e+00	-14.413082	17.079749	1.0000000
LkI-Ko_KI	6.071429e-01	-12.018077	13.232363	1.0000000
LP-Ko_KI	1.052632e-01	-12.717753	12.928279	1.0000000
LP_KI-Ko_KI	2.333333e+00	-11.750689	16.417356	1.0000000
LPe-Ko_KI	2.250000e+00	-12.688362	17.188362	1.0000000
M''-Ko_KI	-4.000000e+00	-25.126034	17.126034	1.0000000
Pp-Ko_KI	5.000000e+00	-9.938362	19.938362	0.9998409
Kr-Kog	1.178571e+00	-11.234445	13.591588	1.0000000
L(k)I-Kog	2.000000e+00	-19.126034	23.126034	1.0000000
LI-Kog	-3.666667e+00	-19.413082	12.079749	0.9999997
LkI-Kog	-4.392857e+00	-17.018077	8.232363	0.9997123
LP-Kog	-4.894737e+00	-17.717753	7.928279	0.9988880
LP_KI-Kog	-2.666667e+00	-16.750689	11.417356	1.0000000
LPe-Kog	-2.750000e+00	-17.688362	12.188362	1.0000000
M''-Kog	-9.000000e+00	-30.126034	12.126034	0.9951497
Pp-Kog	3.552714e-15	-14.938362	14.938362	1.0000000
L(k)I-Kr	8.214286e-01	-16.581236	18.224093	1.0000000
LI-Kr	-4.845238e+00	-15.067422	5.376946	0.9825756
LkI-Kr	-5.571429e+00	-9.563874	-1.578983	0.0001841
LP-Kr	-6.073308e+00	-10.652957	-1.493660	0.0005655
LP_KI-Kr	-3.845238e+00	-11.254903	3.564426	0.9547444
LPe-Kr	-3.928571e+00	-12.855950	4.998807	0.9927246
M''-Kr	-1.017857e+01	-27.581236	7.224093	0.8695117
Pp-Kr	-1.178571e+00	-10.105950	7.748807	1.0000000
LI-L(k)I	-5.666667e+00	-25.584482	14.251149	0.9999886
LkI-L(k)I	-6.392857e+00	-23.947513	11.161799	0.9994339
LP-L(k)I	-6.894737e+00	-24.592180	10.802707	0.9985212
LP_KI-L(k)I	-4.666667e+00	-23.298077	13.964744	0.9999987
LPe-L(k)I	-4.750000e+00	-24.035342	14.535342	0.9999991
M''-L(k)I	-1.100000e+01	-35.394242	13.394242	0.9902237
Pp-L(k)I	-2.000000e+00	-21.285342	17.285342	1.0000000
LkI-LI	-7.261905e-01	-11.205039	9.752658	1.0000000

```

LP-LI      -1.228070e+00 -11.944404  9.488264  1.0000000
LP_KI-LI   1.000000e+00 -11.197121  13.197121  1.0000000
LPe-LI     9.166667e-01 -12.257730  14.091063  1.0000000
M''-LI     -5.333333e+00 -25.251149  14.584482  0.9999959
Pp-LI      3.666667e+00 -9.507730  16.841063  0.9999921
LP-LkI     -5.018797e-01 -5.628905  4.625145  1.0000000
LP_KI-LkI  1.726190e+00 -6.033728  9.486109  0.9999999
LPe-LkI    1.642857e+00 -7.577300  10.863014  1.0000000
M''-LkI    -4.607143e+00 -22.161799  12.947513  0.9999971
Pp-LkI     4.392857e+00 -4.827300  13.613014  0.9815423
LP_KI-LP   2.228070e+00 -5.849671  10.305811  0.9999932
LPe-LP     2.144737e+00 -7.344460  11.633934  0.9999998
M''-LP     -4.105263e+00 -21.802707  13.592180  0.9999997
Pp-LP      4.894737e+00 -4.594460  14.383934  0.9573667
LPe-LP_KI  -8.333333e-02 -11.217731  11.051064  1.0000000
M''-LP_KI  -6.333333e+00 -24.964744  12.298077  0.9997982
Pp-LP_KI   2.666667e+00 -8.467731  13.801064  0.9999994
M''-LPe    -6.250000e+00 -25.535342  13.035342  0.9999039
Pp-LPe     2.750000e+00 -9.447121  14.947121  0.9999998
Pp-M''     9.000000e+00 -10.285342  28.285342  0.9853927

```

1.1.2. Teine analüüs

1.1.2.1. Endogeense DNA-ga

ANOVA

```

      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
maaamet_1828  5  11452   2290.4     4.53 0.000797 ***
Residuals    123  62192   505.6
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
157 observations deleted due to missingness

```

Tukey HSD

```

Tukey multiple comparisons of means
 95% family-wise confidence level

Fit: aov(formula = endo ~ maaamet_1828, data = BAA5)

$maaamet_1828
      diff          lwr          upr          p adj
K-Ag      8.105317 -11.5622090  27.772844  0.8393909
Kh"-Ag    22.038333  0.3380781  43.738589  0.0442801
Ko-Ag     9.524444 -12.1758107  31.224700  0.8003240
LkI-Ag    27.804960  8.1374338  47.472487  0.0010593
LP-Ag     11.799678 -9.6131435  33.212500  0.6031562
Kh"-K     13.933016 -5.7345106  33.600542  0.3200844
Ko-K      1.419127 -18.2483995  21.086653  0.9999440
LkI-K     19.699643  2.3007314  37.098554  0.0167307
LP-K      3.694361 -15.6555606  23.044282  0.9937453
Ko-Kh"   -12.513889 -34.2141441  9.186366  0.5544371
LkI-Kh"   5.766627 -13.9008995  25.434153  0.9575482
LP-Kh"   -10.238655 -31.6514769  11.174167  0.7363282
LkI-Ko    18.280516 -1.3870106  37.948042  0.0843862
LP-Ko     2.275234 -19.1375880  23.688056  0.9996235
LP-LkI   -16.005282 -35.3552035  3.344640  0.1661999

```

1.1.2.2. CT asendustega

ANOVA

```

      Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
maaamet_1828  5   757.1   151.41     6.364 2.97e-05 ***
Residuals    115  2735.9   23.79
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
165 observations deleted due to missingness

```

Tukey HSD

```
Tukey multiple comparisons of means
95% family-wise confidence level

Fit: aov(formula = ct ~ maaamet_1828, data = BAAS)

$maaamet_1828
      diff      lwr      upr      p adj
K-Ag    0.3787879 -4.1141577  4.8717335 0.9998783
Kh"-Ag -0.1111111 -4.8233522  4.6011300 0.9999998
Ko-Ag    4.3333333 -0.5239336  9.1906003 0.1091406
LkI-Ag  -3.0595238 -7.3303550  1.2113074 0.3070188
LP-Ag   -3.5614035 -8.2112281  1.0884211 0.2367680
Kh"-K   -0.4898990 -4.9828446  4.0030466 0.9995697
Ko-K     3.9545455 -0.6902782  8.5993691 0.1425544
LkI-K   -3.4383117 -7.4658845  0.5892612 0.1404758
LP-K    -3.9401914 -8.3676300  0.4872472 0.1107598
Ko-Kh"  4.4444444 -0.4128225  9.3017114 0.0933028
LkI-Kh" -2.9484127 -7.2192439  1.3224185 0.3482380
LP-Kh"  -3.4502924 -8.1001170  1.1995322 0.2692447
LkI-Ko  -7.3928571 -11.8231873 -2.9625270 0.0000599
LP-Ko   -7.8947368 -12.6914748 -3.0979989 0.0000786
LP-LkI  -0.5018797 -4.7037425  3.6999831 0.9993290
```

1.1.3. Kolmas analüüs

1.1.3.1. Endogeense DNA-ga

ANOVA

```
              Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
maaamet_1828_al.kesk 4    9216    2304.0    4.141 0.00455 **
Residuals          70    38951     556.4
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
211 observations deleted due to missingness
```

Tukey HSD

```
Tukey multiple comparisons of means
95% family-wise confidence level

Fit: aov(formula = endo ~ maaamet_1828_al.kesk, data = BAAS)

$maaamet_1828_al.kesk
      diff      lwr      upr      p adj
K-Ag    19.975500 -5.606828  45.557828 0.1969305
Ko-Ag    37.514667 -12.208441  87.237774 0.2263703
LkI-Ag   27.985778   6.714599  49.256957 0.0039806
LP-Ag    11.040456 -11.774070  33.854983 0.6580191
Ko-K     17.539167 -32.909864  67.988197 0.8661957
LkI-K     8.010278 -14.906536  30.927091 0.8639151
LP-K     -8.935044 -33.291150  15.421062 0.8419343
LkI-Ko   -9.528889 -57.934594  38.876816 0.9814415
LP-Ko   -26.474211 -75.577691  22.629270 0.5597595
LP-LkI  -16.945322 -36.724792   2.834149 0.1277188
```

1.1.3.2. CT asendustega

ANOVA

```
              Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
maaamet_1828_al.kesk 4    202.5     50.63   7.164 7.11e-05 ***
Residuals          68    480.5      7.07
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
213 observations deleted due to missingness
```

Tukey HSD

```
Tukey multiple comparisons of means
95% family-wise confidence level

Fit: aov(formula = ct ~ maaamet_1828_al.kesk, data = BAAS)

$maaamet_1828_al.kesk
      diff      lwr      upr      p adj
K-Ag -5.0000000 -8.041221 -1.9587794 0.0001755
Ko-Ag -5.8000000 -11.407734 -0.1922662 0.0391200
LkI-Ag -3.3185185 -5.717466 -0.9195713 0.0021808
LP-Ag -3.6947368 -6.267742 -1.1217321 0.0013393
Ko-K -0.8000000 -6.570310 4.9703104 0.9950655
LkI-K 1.6814815 -1.076190 4.4391530 0.4355806
LP-K 1.3052632 -1.605090 4.2156167 0.7181641
LkI-Ko 2.4814815 -2.977677 7.9406396 0.7079859
LP-Ko 2.1052632 -3.432590 7.6431159 0.8235025
LP-LkI -0.3762183 -2.606932 1.8544951 0.9895674
```

1.1.4. Neljas analüüs

1.1.4.1. Endogeense DNA-ga

ANOVA

```
          Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
muistis   4  11372   2843.1     5.831 0.000309 ***
Residuals 94   45832    487.6

---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
29 observations deleted due to missingness
```

Tukey HSD

```
Tukey multiple comparisons of means
95% family-wise confidence level

Fit: aov(formula = endo ~ muistis, data = BAAS4)

$muistis
      diff      lwr      upr      p adj
Kukruse-Kivisaare  10.2572381 -8.696435 29.210911 0.5617082
Liiva-Putla-Kivisaare -5.1841667 -28.970837 18.602504 0.9737948
Siksaala-Kivisaare  23.6084848  3.043333 44.173637 0.0160471
Veibri-Kivisaare   -5.7280000 -28.154288 16.698288 0.9536453
Liiva-Putla-Kukruse -15.4414048 -35.986697  5.103887 0.2328472
Siksaala-Kukruse   13.3512468 -3.358894 30.061387 0.1805579
Veibri-Kukruse    -15.9852381 -34.938911  2.968435 0.1398313
Siksaala-Liiva-Putla 28.7926515  6.751944 50.833359 0.0040729
Veibri-Liiva-Putla -0.5438333 -24.330504 23.242837 0.9999962
Veibri-Siksaala   -29.3364848 -49.901637 -8.771333 0.0013095
```

1.1.4.2. CT asendustega

ANOVA

```
          Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
muistis   4   1102    275.57   12.98 2.85e-08 ***
Residuals 84   1784     21.24

---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
39 observations deleted due to missingness
```

Tukey HSD

```
Tukey multiple comparisons of means
95% family-wise confidence level

Fit: aov(formula = ct ~ muistis, data = BAAS4)

$muistis
      diff      lwr      upr      p adj
Kukruse-Kivisaare -6.44514107 -10.994402 -1.8958797 0.0014898
Liiva-Putla-Kivisaare -0.52272727 -5.885423  4.8399689 0.9987797
Siksala-Kivisaare -9.95454545 -14.698664 -5.2104270 0.0000009
Veibri-Kivisaare -6.47272727 -11.572501 -1.3729532 0.0057916
Liiva-Putla-Kukruse  5.92241379  1.512719 10.3321087 0.0029769
Siksala-Kukruse -3.50940439 -7.141698  0.1228896 0.0633692
Veibri-Kukruse -0.02758621 -4.113488  4.0583158 1.0000000
Siksala-Liiva-Putla -9.43181818 -14.042273 -4.8213638 0.0000017
Veibri-Liiva-Putla -5.95000000 -10.925673 -0.9743266 0.0108955
Veibri-Siksala  3.48181818 -0.819981  7.7836173 0.1695928
```

1.1.5. Viies analüüs

1.1.5.1. Endogeense DNA-ga

ANOVA

```
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
maaamet_III  3  2584   861.4   1.642  0.187
Residuals  77 40389   524.5
```

1.1.5.2. CT asendustega

ANOVA

```
      Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
maaamet_III  3  508.9   169.64   7.767 0.00015 ***
Residuals  70 1528.9    21.84
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
7 observations deleted due to missingness
```

Tukey HSD

```
Tukey multiple comparisons of means
95% family-wise confidence level

Fit: aov(formula = ct ~ maaamet_III, data = BAAS8)

$maaamet_III
      diff      lwr      upr      p adj
Kh"-K -0.489899 -4.39907169  3.41927371 0.9875153
Kr-K  3.821212 -0.29735689  7.93978113 0.0785775
LP-K -3.940191 -7.79236846 -0.08801431 0.0430583
Kr-Kh" 4.311111  0.01102114  8.61120109 0.0491760
LP-Kh" -3.450292 -7.49596062  0.59537582 0.1214325
LP-Kr -7.761404 -12.00974563 -3.51306139 0.0000492
```

1.1.6. Kuues analüüs

1.1.6.1. Endogeense DNA-ga

ANOVA

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
piirkond_Eestis_II	1	650	649.7	0.976	0.324
Residuals	284	188984	665.4		

1.1.6.2. CT asendustega

ANOVA

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
piirkond_Eestis_II	1	615	614.6	24.49	1.34e-06 ***
Residuals	261	6551	25.1		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
23 observations deleted due to missingness

1.1.7. Seitsmes analüüs

1.1.7.1. Endogeense DNA-ga

ANOVA

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
ELK_T_NA	1	436	435.8	0.74	0.391
Residuals	226	133078	588.8		

58 observations deleted due to missingness

1.1.7.2. CT asendustega

ANOVA

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
ELK_T_NA	1	16	15.89	0.586	0.445
Residuals	212	5747	27.11		

72 observations deleted due to missingness

1.2. Analüüs pH tasemega

1.2.1. Endogeense DNA-ga

```
Call:
lm(formula = BAAS$endo ~ BAAS$pH)

Residuals:
    Min     1Q   Median     3Q      Max
-20.67 -19.67 -11.61  15.45  69.53

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  21.4812    13.5693   1.583   0.115
BAAS$pH      -0.1408     2.0785  -0.068   0.946

Residual standard error: 24.31 on 226 degrees of freedom
(58 observations deleted due to missingness)
Multiple R-squared:  2.029e-05, Adjusted R-squared: -0.004404
F-statistic: 0.004586 on 1 and 226 DF,  p-value: 0.9461
```

```
Call:
lm(formula = endo ~ pH + dat_mean + pH:dat_mean, data = BAAS)

Residuals:
    Min     1Q   Median     3Q      Max
-24.39 -19.71 -11.88  15.42  65.99

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  2.988188  22.019955   0.136   0.892
pH           3.086924   3.510755   0.879   0.380
dat_mean     0.009029   0.012835   0.703   0.483
pH:dat_mean -0.001451   0.001999  -0.726   0.469

Residual standard error: 24.61 on 209 degrees of freedom
(73 observations deleted due to missingness)
Multiple R-squared:  0.003791, Adjusted R-squared: -0.01051
F-statistic: 0.2651 on 3 and 209 DF,  p-value: 0.8505
```

1.2.2. CT asendustega

```
Call:
lm(formula = BAAS$ct ~ BAAS$pH)

Residuals:
    Min     1Q   Median     3Q      Max
-9.6074 -3.6074 -0.7347  2.2653 18.4330

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)   5.1168     2.9376   1.742  0.0830 .
BAAS$pH       1.0404     0.4522   2.301  0.0224 *
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 5.15 on 212 degrees of freedom
(72 observations deleted due to missingness)
Multiple R-squared:  0.02436, Adjusted R-squared:  0.01976
F-statistic: 5.294 on 1 and 212 DF,  p-value: 0.02237
```

```

Call:
lm(formula = ct ~ pH + dat_mean + pH:dat_mean, data = BAAS)

Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-12.5557  -3.0457  -0.4049   2.5511  13.9401

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  0.1438788  4.1222950   0.035  0.9722
pH           1.4634500  0.6572387   2.227  0.0270 *
dat_mean     0.0061154  0.0024027   2.545  0.0116 *
pH:dat_mean -0.0007307  0.0003743  -1.952  0.0522 .
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 4.607 on 209 degrees of freedom
(73 observations deleted due to missingness)
Multiple R-squared:  0.2233,    Adjusted R-squared:  0.2122
F-statistic: 20.03 on 3 and 209 DF,  p-value: 1.889e-11

```

1.3. Matusetüüp

1.3.1. Endogeense DNA-ga

ANOVA

```

              Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)
m_tuup        2   4970   2485.2   3.809 0.0233 *
Residuals    283 184663    652.5
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

Tukey HSD

```

Tukey multiple comparisons of means
 95% family-wise confidence level

Fit: aov(formula = endo ~ m_tuup, data = BAAS)

$m_tuup
              diff            lwr            upr            p adj
kivikalme-kaabas -33.659625 -76.7459810  9.426731 0.1583304
maahaud-kaabas   -25.969657 -68.7354331 16.796119 0.3264708
maahaud-kivikalme  7.689968  -0.2495094 15.629446 0.0599687

```

1.3.2. CT asendustega

ANOVA

```

              Df Sum Sq Mean Sq F value    Pr(>F)
m_tuup        2     873    436.3   18.03 4.65e-08 ***
Residuals    260    6293     24.2
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
23 observations deleted due to missingness

```

Tukey HSD

Tukey multiple comparisons of means
95% family-wise confidence level

Fit: aov(formula = ct ~ m_tuup, data = BAAS)

\$m_tuup		diff	lwr	upr	p adj
kivikalme-kääbas		9.133333	0.8247649	17.441902	0.0272067
maahaud-kääbas		5.284946	-2.9589767	13.528869	0.2873364
maahaud-kivikalme		-3.848387	-5.4345932	-2.262181	0.0000001

1.4. Luu vanus

1.4.1. Endogeense DNA-ga

```
Call:
lm(formula = BAAS$endo ~ BAAS$dat_mean)

Residuals:
    Min     1Q   Median     3Q      Max
-25.83 -22.32 -11.92  16.94  65.38

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  26.372532   2.318831  11.373  <2e-16 ***
BAAS$dat_mean -0.001197   0.001059  -1.131   0.259
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 26.01 on 260 degrees of freedom
(24 observations deleted due to missingness)
Multiple R-squared:  0.004893, Adjusted R-squared:  0.001066
F-statistic: 1.278 on 1 and 260 DF, p-value: 0.2592
```

1.4.2. CT asendustega

```
Call:
lm(formula = BAAS$ct ~ BAAS$dat_mean)

Residuals:
    Min     1Q   Median     3Q      Max
-12.3042  -3.0797  -0.1302   2.3953  14.3752

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  8.7600067   0.4110518  21.311  < 2e-16 ***
BAAS$dat_mean 0.0016167   0.0001877   8.615  6.87e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 4.611 on 260 degrees of freedom
(24 observations deleted due to missingness)
Multiple R-squared:  0.2221, Adjusted R-squared:  0.2191
F-statistic: 74.22 on 1 and 260 DF, p-value: 6.867e-16
```

1.5. Luu väljakavamise aeg

1.5.1. Endogeense DNA-ga

```
Call:
lm(formula = BAAS$endo ~ BAAS$k_aeg_tagasi_mean)

Residuals:
    Min     1Q   Median     3Q      Max
-26.37 -20.51 -11.91  16.81  70.15

Coefficients:
                Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)      20.06046   2.63326   7.618 3.86e-13 ***
BAAS$k_aeg_tagasi_mean  0.06715   0.06006   1.118   0.264
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 25.78 on 284 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.004382, Adjusted R-squared:  0.0008766
F-statistic: 1.25 on 1 and 284 DF, p-value: 0.2645
```

1.5.2. CT asendustega

```
Call:
lm(formula = BAAS$ct ~ BAAS$k_aeg_tagasi_mean)

Residuals:
    Min     1Q   Median     3Q      Max
-8.4882 -3.3601 -0.5198  2.5661 18.7047

Coefficients:
                Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)      11.235029   0.552180  20.347 <2e-16 ***
BAAS$k_aeg_tagasi_mean  0.003014   0.012592   0.239   0.811
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 5.239 on 261 degrees of freedom
(23 observations deleted due to missingness)
Multiple R-squared:  0.0002194, Adjusted R-squared: -0.003611
F-statistic: 0.05728 on 1 and 261 DF, p-value: 0.811
```

LISA 2. Andmebaas

<https://datadoi.ee/handle/33/539>

Kasutatud kirjandus

Käsikirjad Tallinna Ülikooli arheoloogia teaduskogust

Lang, V. 1995. Aruanne Ilmandu III tarandkalme päästekaevamistest 1994. aastal.

Tamm, J. 1981. Niguliste kiriku põhjakülje kalmistu 1978. aasta arheoloogiliste kaevamiste aruanne.

Käsikirjad Tartu Ülikooli arheoloogia osakonna arhiivist

Allmäe, R. 2002. Kivisaare 2002.

Alttoa, K. 1979. Tartu Toomkiriku pikihoone ja lääneosa ehitusajalooline uurimus. Köide I–A. Tekst.

Ariste, E. 1948. Aruanne kaevamiste kohta Märjamaa v. Haimre Mittetäieliku Keskkooli õuel 4.VI–16.VI 48.a.

Aun, M. 1982. Aruanne avariikaevamistest Tartu Riikliku Ülikooli Botaanikaiaia territooriumil 9. detsembrist 1981. a. kuni 30. jaanuarini 1982. a.

Friedenthal, A. 1927. Bericht über die im Auftrage der Estländischen Literarischen Gesellschaft im Sommer 1927 vorgenommenen archäologischen Untersuchungen.

Friedenthal, A. 1928. Bericht über die im Auftrage der Estländischen Literarischen Gesellschaft von Dr. A. Friedenthal im Juli 1928 vorgenommenen archäologischen Untersuchungen.

Indreko, R. 1933. Aruanne kaevamistest Lügänuuse khk. Püssi vld. Sope kl. Metsavälja tl. maal 9–13.VII.1933.

Indreko, R. 1939. Aruanne järelkaevamiste kohta venekirveskultuuri haudade leiukohtadel Tika metsas ja Tutku kl. kruusaaugus 24.–27. VIII 1938.a.

Jaanits, L. 1949. Aruanne kaevamistest Kursi khk-s ja vallas Kunila külas Mäe-Jaaniantsu e. Keldri talu piirides asuval Jaaniantsu mäel 5.–10. juulini 1948.

Jaanits, L. 1954. Aruanne arheoloogilistest proovikaevamistest muistse asulal Narva linnas Joaorus 8.–25. juunini 1954. a.

Jaanits, L. 1959. Aruanne arheoloogilistest kaevamistest Kihelkonna Loona hilisneoliitilisel asulal 1956. ja 1957. aasta.

Jaanits, L. 1963. Aruanne arheoloogilistest kaevamistest asulakohal Narva linnas Joaorus 28. juunist 5. augustini 1963.a.

Jaanits, L. 1965. Aruanne arheoloogilistest kaevamistest Kivisaare kalmistul Viljandi rajoonis end. Kolga-Jaani khk-s 29.VI.1962.a. ja 6.–19. VII 1965.a.

Jonuks, T., Lõhmus, M. 2010. Arheoloogilised uuringud Ida-Virumaal, Kohtla vallas Kukruse külas (Jõhvi khk) Tallinn-Narva mnt-l. 12.–13. sajandi laibakalmistu, põletusmatustega kalmistu, uusaegne teesillutis.

Kriiska, A, Johanson, K. 2002/2003. Arheoloogilised väljakaevamised Kivisaares 15. juuli–14. august 2002.

Kriiska, A. 1990. Aruanne arheoloogilistest väljakaevamistest Lehmja-Pildiküla asulakohal ja matmispaigal (Jüri khk.) 27. augustist kuni 13. septembrini 1990.a.

Kriiska, A. 2011. Aruanne arheoloogilistest eeluuringutest Rock City külalistemaja planeeritava laienduse alal Kihnus 27. ja 28. mai 2011.

Kriiska, A., Lõhmus, M. 2003. Aruanne arheoloogilistest kaevamistest Mõisaküla asulakohal Kihnus.

Kriiska, A., Tõrv, M. 2003/2004. Aruanne arheoloogilistest välitöödest Kivisaare asulakohal ja matmispaigal ning nende lähiümbruses 21. juulist kuni 17. augustini 2003. aastal.

Kustin, A. 1955a. Aruanne Orissaare rajoonis Karja katsepunktis teostatud arheoloogilistest kaevamistest 1955.a.

Kustin, A. 1955b. Loksa rajoonis, Viktor Kingissepa nimelise kolhoosi piirkonnas Kaberla külas toimunud arheoloogilistest kaevamistest 1955. a.

Kustin, A. 1959. Aruanne Kihelkonna Loona maa-aluse laibakalmistu kaevamisest 1956.–1958.a.

Kustin, A. 1963. Aruanne Liiva-Putla Kalmumäe kaevamisest 1963. a.

Kustin, A. 1987. Aruanne arheoloogilistest kaevamistest Kihelkonna Loona hilisneoliitilisel asulal 1956. ja 1957. a.

Laneman jt 2015a = Laneman, M., Lang, V., Saage, R. 2015. Aruanne põllukivihunniku ja matmispaiga arheoloogilisest kaevamisest Raplamaal Alu lähistel 2015. a. suvel.

Lang, V. 1991. Viimsi II tarandkalme kaevamisaruanne 1990.

Lang, V. 1994. Aruanne Tõugu kivikalme kaevamisest 1993. aastal.

Lang, V. 1997. Aruanne Tõugu II kivikalme kaevamisest 1995. aastal.

Laul, S. 1976. Aruanne arheoloogilistest kaevamistest Tartu rajoonis, end. Rannu kihelkonnas, Vehendi külas, Konguta maakonnas, Sapi vahtkonnas 8. juulist–8. augustini 1975. ja 7.–22. juulini 1976.

Laul, S. 1993. Aruanne arheoloogilistest kaevamistest Võru rajoonis, Vastseliina k/n, Vastseliina sovhoosi maal; endise jaotuse järgi Vastseliina kihelkonnas, Tabina külas, endise kooli tl. maal vastu Lindora metskonna piiri asuval kääbastikul 12. juulist 10. augustini 1977.

Laul, S. 2005. Vastseliinas khk-s asuva Siksali kalmistu kaevamisest 1.–29. juulini 1982. a.

- Laul, S.** 2007. Vastseliinas khk-s asuva Siksali kalmistu kaevamisest 8. juulist–31. juulini 1991. 2007.
- Laul, S.** 2007a. Vastseliinas kh-s asuva Siksali kalmistu kaevamisest 3. juulist–24. augustini. 1984. a.
- Laul, S.** 2007b. Vastseliinas khk-s asuva Siksali kalmistu kaevamisest 2. juulist–23. augustini 1985. a.
- Laul, S.** 2007c. Vastseliinas khk-s asuva Siksali kalmistu kaevamisest 30. juuni–22. august 1986. a.
- Laul, S.** 2007d. Vastseliinas khk-s asuva Siksali kalmistu kaevamisest 2. juulist–20. augustini 1987. a.
- Laul, S.** 2007e. Vastseliinas khk-s asuva Siksali kalmistu kaevamisest 7. juulist–23. augustini 1988. a.
- Laul, S.** 2007f. Aruanne Vastseliina khk-s asuva Siksali kalmistu kaevamisest 8. juulist–31. juulini 1991.
- Lavi, A.** 1986. Aruanne arheoloogilistest kaevamistest 1982.a. Raatvere kalmemäel.
- Ligi, P.** 1980. Aruanne arheoloogilistest kaevamistest Jõuga kääbaskalmistul 1980. aastal.
- Lõugas, V.** 1977. Aruanne Püha khk. Kõnnu kiviaja asulakoha avariikaevamistest 1977. a mais.
- Lõugas, V.** 1988. Rebala (Jõelähtme khk.) Presti tl. maal oleva kivikalme nr. 157 kaevamised 1986–1988.
- Lõugas, V.** 1988. Võhma kivikalme (Mustjala kih.) 1987.–1988. a. kaevamiste aruanne.
- Malve, M.** 2017. Kodavere kirikaed 2017. TÜ.5.1.15
- Malve, M.** 2018. Valjala kirikaed 2018. TÜ.5.1.18.

Malve, M., Piirits, P., Juus, T. 2018. Arheoloogilised päästekaevamised Vastseliina piiskopilinnuse juurde (reg nr 14081) rajatava palverändurite maja süvendi kaevamisel ja trasside paigaldamisel 2017. aastal.

Malve, M., Roog, R. 2014. Arheoloogilised uuringud Tartu Toomkirikus 2013. aastal (reg nr 6887).

Malve, M., Valk, H. 2010. 2008. aasta suvel Tartu Toomkirikus toimunud päästekaevamiste aruanne.

Mandel, M. 1976. Aruanne Lihula kivikalme kaevamistest 1974. aastal.

Mandel, M. 1976. Aruanne Poanse tarandkalmete arheoloogilisest kaevamisest 1975.–1976. aastal.

Mandel, M. 1996. Ehmja kivikalme „Varetemäe“ 1982.–1991. a. arheoloogiliste kaevamiste aruanne.

Mandel, M. 2014. Maidla kivikalmete 1983.–1990 aasta kaevamisaruane.

Metsallik, R. 1992. Tartu arheoloogiliste uuringute esialgseid tulemusi. Magistritöö. Tartu Ülikool, humanitaarteaduste ja kunstide valdkond, ajaloo ja arheoloogia instituut.

Moora, H. 1926. Aruanne kaevamisest Lüganuse kihelkonnas Sope kl. Metsavälja tl. maal 23. augustil 1926. aastal.

Moora, H. 1929. Aruanne kalmistu kaevamisest Senno valla Viski küla Mogilniku talu maal 30.aug–7.sept. 1929.

Moora, T. 1972. Ülevaade arheoloogilistest kaevamistest Võhma Tandemäel 1969.–1972. aastatel (Koostatud esitamiseks Lahemaa Rahvuspargile).

Mägi, M. 2002. Aruanne arheoloogilistest kaevamistest Lepna Katkuaugu kivikalmel 1.–21. juulil 2002.

- Mägi, M.** 2003. Aruanne arheoloogilistest kaevamistest Lepna Katkuaugu kivikalmel 30. juunil–26. juulil 2003.
- Mägi, M.** 2014 (2020). Saunamäe kalme ja kultuskoht. Kaevamiste aruanne 2012–2014.
- Olli, M., Kivirüüt, A.** 2015. Aruanne arheoloogilistest kaevamistest Aakre Kivivare tarandkalmel 21. juuli–3. august, 7. august, 6.–7. september 2014.
- Rappu, T., Lange, K., Pääsuke, M.** 1990. Tartu Jaani kiriku 1990. a. uurimistööde vahearuanne.
- Saadre, O.** 1939. Aruanne kaevamisest Otepää külakalmel 13.–15. oktoobrini 1938.a. 1939.
- Schmiedehelm, M.** 1928. Aruanne kaevamisest külakalmel Otepääl 1. VI–5. VI 1928 a.
- Schmiedehelm, M.** 1929. Aruanne kaevamistest Otepääl 17. VI–21 VI 1929. a.
- Sokolovski, V.** 1996b. Stratigraafia. Aruanne arheoloogilistest uuringutest endisel Püha Barbara kalmistul. I köide.
- Sokolovski, V.** 1996c. Aruanne arheoloogilistest uuringutest endisel Püha Barbara kalmistul. II köide. Luustike kirjeldused (I ja II kaevand).
- Tamla, T.** 1989. Aruanne Pada maa-aluse kalmistu kaevamistest Rakvere rajoonis Viru–Nigula kolhoosis (Viru–Nigula kihelkond, Pada mõis, tänapäeval Viru-Nigula vald, Pada küla) 1989.aastal.
- Tiidu, Elis.** 2016. Tartu kesk- ja varauusaegse Maarja kalmistu matuste dateerimisest. Magistritöö. Tartu Ülikool, humanitaarteaduste ja kunstide valdkond, ajaloo ja arheoloogia instituut.
- Tiirmaa, U.** 1990. Arheoloogilised uuringud Tartu Jaani kirikus. Aruanne hauakastide eelse perioodi matmisel kasutatud kirstudest I.
- Tiirmaa, U., Alttoa, K., Metsallik, R., Säre, P.** 1983. Tartu linn, Jaani kirik. Ehitisarheoloogilised uuringud 1983. a. Väliuurimiste aruanne ja leiuainese fotod.

Tiirmaa, U., Lange, K., Rappu, M. 1991. Tartu Jaani kiriku 1989. a. arheoloogilised väljakaevamised.

Tvauri, A. 1998. Aruanne kaevamisest Halliste kihelkonnas Kaubi külakalmistul juunis 1998.

Tõnisson, E. 1958. Aruanne arheoloogilisest kaevamisest matusekohal Väike-Maarja rajoonis Tammikus (Simuna khk., end. Tammiku asundus).

Vaab, H. 2003. Kurevere kivikalme Saaremaal. Peaseminaritöö. Tartu Ülikool.

Valk, H. 1981. Aruanne arheoloogilisest kaevamisest Vana-Kuuste Matusemaal.

Valk, H. 1983. Aruanne Vana-Kuuste 15.–17. sajandi Külakalme arheoloogilistest kaevamistest 1982.a.

Valk, H. 1985. Mäletjärvel 16.VIII–5.IX 1984 toimunud arheoloogiliste kaevamiste aruanne.

Valk, H. 1986. Vaabina Kalmetumäel 02.17.08 1985. a. toimunud arheoloogiliste kaevamiste aruanne.

Valk, H. 1988. Aruanne arheoloogilistest kaevamistest Makita Kabelimäel 1986. ja 1987. a.

Valk, H. 1988. Aruanne Tartu Toomkiriku lõunaküljel oleva veetrassi lääneosa arheoloogilistest uurimistöödest 01.–22. VII 1987.a.

Valk, H. 1989a. Aruanne arheoloogilistest kaevamistest Mäksa 13.–15. saj. maahaudkalmistul 1988.a.

Valk, H. 1989b. Aruanne arheoloogilistest kaevamistest Sammaste kivikalmel 26.06.–31.07.1989.a.

Valk, H. 2018. Aruanne kaevamiste kevadisest eelkäigust Helmesse.

Valk, H., Kaseorg, M. 2021. Aruanne arheoloogilisest uuringust Sammaste kivikalmel Halliste kihelkonnas Mulgi vallas Viljandi maakonnas.

Varul, L. 2016. Matusekombestik Jõelähtme kivikirstkalmetel: kalmete 1–9, 12–24 ja 34–36 osteoloogilise analüüsi tulemused. Magistritöö. Tartu Ülikool, ajaloo ja arheoloogia instituut.

Publikatsioonid

Friedenthal, A. 1927. Ein Gräberfeld der Bronzezeit in Estland. – Beiträge zur Kunde Estlands, XIII: 1–2, 47–52.

Indreko, R. 1935. Sèpultures nèolithiques en Estonie. – Õpetatud Eesti Seltsi aastaraamat, 1933. Tartu, 202–223.

Jaanits, K., and Lavi, A. 1978. Über die Ausgrabungen eines Steinkistengrabes in Vao. – Eesti NSV Teaduste Akadeemia Toimetised. Ühiskonnateadused, 27: 4, 330–333.

Jaanits, L., Laul, S., Lõugas, V., Tõnisson, E. 1982. Eesti esiajalugu. Eesti Raamat, Tallinn.

Johanson, K., Jonuks, T., Kriiska, A., Tõrv, M. 2013. From the first people to idols and figurines: Richard Indreko as a scientist. Man, his time, artefacts, and places. Collection of articles dedicated to Richard Indreko. (Muinasaja teadus, 19.) Tartu Ülikooli ajaloo ja arheoloogia instituut, Tartu, 95–180.

Jonuks, T., Konsa, M. 2005. Kunda hiiemägi-kalmeväli ja pühakoht. – Eesti Loodus, 2005, märts, 20–23.

Khrustaleva, I, Roog, R., Kholkina, M., Kriiska, A. 2020. Hunter-gatherer pit-houses in Stone Age Estonia. – Archaeological and Anthropological Sciences 12: 2, 1–17.

Kivirüüt, A., Olli, Maarja. 2011. Archaeological research on Aakre Kivivare tarand-grave. – Arheoloogilised välitööd Eestis, 2010, 59–70.

Kraut, A. 1985. Die Steinkistengräber von Jõelähtme. – Eesti NSV Teaduste Akadeemia Toimetised. Ühiskonnateadused, 34: 4, 358–350.

Kriiska, A. 2006. Research into the Stone Age. Archaeological Research in Estonia 1865–2005. (Estonian Archaeology, 1) Tartu Ülikooli Kirjastus, Tartu, 53–76.

Kriiska, A., Lõugas, L., Lõhmus, M., Mannermaa, K., Johanson, K. 2007. New AMS dates from Estonian Stone Age burial sites. – Eesti Arheoloogia Ajakiri, 11: 2, 83–121.

Kriiska, A., Oras, E., Lõugas, L., Meadows, J., Lucquin, A., Craig, O. E. 2017. Late Mesolithic Narva stage in Estonia: pottery, settlement types and chronology. – Eesti Arheoloogia Ajakiri, 21: 1, 52–86.

Kungla, L. 1967. Liiva-Putla tarandkalme Saaremaal. – Ajalooalaseid töid (ÜTÜ ajalooringi kogumik) Tartu Riiklik Ülikool, Tartu.

Kustin, A. 1958. Kalmistu XIII–XIV sajandist Karjas, Saaremaal. – Eesti NSV Teaduste Akadeemia Toimetised. Ühiskonnateadused, 1, 47–57.

Laneman jt 2015b = Laneman, M., Lang, V., Malve, M. 2015. New data on Jaani stone graves at Vão. – Eesti Arheoloogia Ajakiri, 19: 2, 110–137

Laneman, M., Lang, V. 2013. New radiocarbon dates for two stone–cist graves at Muuksi, northern Estonia. – Eesti Arheoloogia Ajakiri, 17: 2, 89–122.

Laneman, M., Lang, V., Saage, R. 2014. Burial site hidden in a clearance cairn at Alu, Raplamaa. – Arheoloogilised välitööd Eestis, 2015, 35–46.

Lang, V. 1993. Kaks tarandkalmet Viimsis, Jõelähtme kihelkonnas. Eesti Teaduste Akadeemia, Tallinn

Lang, V. 1994. An early tarand-grave and clearance cairn at Tõugu, North Estonia. – Eesti NSV Teaduste Akadeemia Toimetised. Ühiskonnateadused, 43: 4, 383–384.

Lang, V. 1996. Muistne Rävala. 2. köide, Kronoloogia. Asustus, ühiskond ja majandus : muistised, kronoloogia ja maaviljelusliku asustuse kujunemine Loode-Eestis, eriti Pirita jõe alamjooksu piirkonnas. (Muinasaja teadus, 4.) Eesti Teaduste Akadeemia Ajaloo Instituut, Tallinn.

Lang, V. 2000. Keskusest ääremaaks. Viljelusmajandusliku asustuse kujunemine ja areng Vihasoo-Palmse piirkonnas Virumaal. (Muinasaja teadus, 7.) Eesti Teaduste Akadeemia Ajaloo Instituut, Tallinn.

- Lang, V.** 2000. Varased kangurkalmed Eestis. – Eesti Arheoloogia Ajakiri, 4: 1, 3–20.
- Lang, V.** 2006. Research into the Bronze and Early Iron Ages. – Archaeological Research in Estonia 1865–2005. (Estonian Archaeology, 1.) Tartu Ülikooli Kirjastus, Tartu, 77–104.
- Lang, V.** 2007. The Bronze and Early Iron Ages in Estonia. (Estonian Archaeology, 3.) Tartu Ülikooli Kirjastus, Tartu.
- Laul, S.** 1978. Noorema rauaaja kääpad Lindoras. – Eesti NSV Teaduste Akadeemia Toimetised. Ühiskonnateadused, 27: 4, 349.
- Lavi, A., Peets, J.** 1985. Zur Archäologischen Forschung Ostestlands. – Eesti NSV Teaduste Akadeemia Toimetised. Ühiskonnateadused, 34: 1, 358–366.
- Ligi, P.** 1986. Uusi andmeid matmisviisist Alutagusel. – Eesti NSV Teaduste Akadeemia Toimetised. Ühiskonnateadused, 35: 4, 364.
- Ligi, P.** 1988. Kirde-Eesti vadjapäraste kalmete uurimise tulemusi. – Eesti NSV Teaduste Akadeemia Toimetised. Ühiskonnateadused, 37: 3, 267–291.
- Ligi, P., Valk, H.** 1993. Vadjapärased kalmistud Tartumaal (13.–15. sajand). – Vadjapärased kalmed Eestis 9.–16. sajandil. (Muinasaja teadus, 2.) Eesti Teaduste Akadeemia Ajaloo Instituut, Tallinn, 176–215.
- Ligi, P.** 1993. Vadjapärased kalmed Kirde-Eestis (9.–16. sajand). – Vadjapärased kalmed Eestis 9.–16. sajandil. (Muinasaja teadus, 2.) Eesti Teaduste Akadeemia Ajaloo Instituut, Tallinn, 7–176.
- Lõhmus, M., Jonuks, T., Malve, M.** 2011. Archaeological salvage excavations at Kukruse: a modern age road, cremation field and 12th–13th century inhumation cemetery. preliminary results. – Arheoloogilised välitööd Eestis, 2010, 89–102.
- Lõhmus, M., Malve, M., Plado, J., Tšugai, A.** 2011. Archaeological research at Veibri: a Late Mesolithic cemetery and a mass grave from the 13th century AD. – Arheoloogilised välitööd Eestis, 2010, 89–102.

- Lõugas, V.** 1975. Über die Entstehung ortsgebundene Bodenbaukultur in Westestland. – Eesti NSV Teaduste Akadeemia Toimetised. Ühiskonnateadused, 24: 1, 85–88.
- Lõugas, V.** 1976. Ausgrabungen der Steingräber und Flurrelikte in Iru. – Eesti NSV Teaduste Akadeemia Toimetised. Ühiskonnateadused, 25: 1, 48–52.
- Lõugas, V.** 1976. Uut Saaremaa kinnismuististest. – Eesti NSV Teaduste Akadeemia Toimetised. Ühiskonnateadused, 25: 1, 53–55.
- Lõugas, V.** 1983. Über die Steingrabergruppe Lastekangrud in Rebala. – Eesti NSV Teaduste Akadeemia Toimetised. Ühiskonnateadused, 32: 4, 295–297.
- Lõugas, V.** 1988. Kivikalme Võhma külas. – Eesti NSV Teaduste Akadeemia Toimetised. Ühiskonnateadused, 37: 4, 350.
- Lõugas, V., Selirand, J.** 1977. Arheoloogia Eestimaa teedel. Valgus, Tallinn.
- Malve, M., Roog, R., Tvauri, A.** 2012. Preliminary results of the rescue excavation in St Mary's churchyard and its surroundings in Tartu 2010–2011. – Arheoloogilised välitööd Eestis, 2011, 137–150.
- Mandel, M.** 2003. Läänemaa 5.–13. sajandi kalmed. (Töid ajaloo alalt, 5.) Eesti Ajaloomuuseum, Tallinn.
- Mägi, M.** 2002. At the crossroads of space and time. Graves, changing society and ideology on Saaremaa (Ösel), 9th–13th centuries AD. Tallinna Raamatutrükikoda, Tallinn.
- Mägi, M.** 2004. Lepna surnumaja Lõuna-Saaremaal. – Arheoloogilised välitööd Eestis, 2003, 57–60.
- Mägi, M.** 2005. Kivikalmed ja surnumajad. Matmiskombestiku areng rauaaegsel Saaremaal. – Saaremaa Muuseum, kaheaastaraamat 2003–2004. Saaremaa Muuseum, Kuressaare, 3–34.
- Mägi, M., Malve, M., Toome, T.** 2019. Early Christian burials at Valjala churchyard, Saaremaa. – Arheoloogilised välitööd Eestis, 2018, 93–118.

Oras, E., Lang V., Rannamäe, E., Varul, L., Konsa, M., Limbo–Simovart, J., Vedru, G., Laaneman, M., Malve, M., Price, T. D. 2016. Tracing Prehistoric migration: isotope analysis of Bronze and Pre–Roman Iron Age coastal burials in Estonia. – *Eesti Arheoloogia Ajakiri*, 20: 1, 3–32.

Pesti, O., Rikas, K. 1991. Saaremaa ajaloo- ja kultuurimälestised. Olion, Tallinn.

Pärn, A. 1988. Могильник Мыйзакюла-Маргу. – *Eesti NSV Teaduste Akadeemia Toimetised. Ühiskonnateadused*, 37: 4, 357–359.

Saag, L., Laneman, M., Varul, L., Malve, M., Valk, H., Razzak, M. A., Shirobokov, I. G., Khartanovich, V. I., Mikhaylova, E. R., Kushniarevich, A., Scheib, C. L., Solnik, A., Reisberg, T., Parik, J., Saag, L., Metspalu, E., Rootsi, S., Montinaro, F., Remm, M., Mägi, R., D’Atanasio, E., Crema, E. R., Díez-del-Molino, D., Thomas, M. G., Kriiska, A., Kivisild, T., Villems, R., Lang, V., Metspalu, M., Tambets, K. 2019. The Arrival of Siberian Ancestry Connecting the Eastern Baltic to Uralic Speakers further East. *Current Biology*, 29: 10, 1701–1711.

Saag, L., Varul, L., Scheib, C. L., Stenderup, J., Allentoft, M. E., Saag, L., Pagani, L., Reidla, M., Tambets, K., Metspalu, E., Kriiska, A., Willerslev, E., Kivisild, T., Metspalu, M. 2017. Extensive Farming in Estonia Started through a Sex–Biased Migration from the Steppe. – *Current Biology*, 27: 14, 2185–2193.

Selirand, J. 1967. Esivanemate kalmuküngastel. Eesti Raamat, Tallinn.

Selirand, J. 1974. Eestlaste matmiskombed varafeodaalsete suhete tärgamise perioodil (11.–13. sajand). Eesti Raamat, Tallinn.

Selirand, J. 1982. 1981. aasta arheoloogiliste välitööde tulemusi. – *Eesti NSV Teaduste Akadeemia Toimetised. Ühiskonnateadused*, 31: 1, 366–368.

Spreckelsen, A. 1926. Ausgrabungen in Neuenhof, Kirchsp. Kusal, Dorf Muuksi, Löökeses-Gesinde. – *Beiträge zur Kunde Ehst-, Liv- und Kurlands*, XI, 38–42.

- Tamla, T.** 1987. Muististest Pada jõe piirkonnas. – Eesti NSV Teaduste Akadeemia Toimetised. Ühiskonnateadused, 36: 4, 368.
- Tamla, T.** 1987. Об археологических памятниках в бассейне реки Падан. – Eesti NSV Teaduste Akadeemia Toimetised. Ühiskonnateadused, 36: 4, 365–368.
- Tõnisson, E., and Selirand, J.** 1964. Nõukogude Eesti arheoloogide välitööd aastail 1958–1962. – Eesti NSV Teaduste Akadeemia Toimetised. Ühiskonnateadused, 3, 225–246.
- Tšugai, A., Plado, J., Jõeleht, A., Kriiska, A., Mustasaa, M. Raig, H., Risberg, J., Rosentau, A.** 2014. Ground-penetrating Radar and Geological Study of the Kudruküla Stone Age Archaeological Site, Northeast Estonia. – Archaeological Prospection, 21, 225–234.
- Tvauri, A.** 1999. Rescue excavations on Kaubi village cemetery and supervision in the churchyards of Kambja and Nõo. – Arheoloogilised välitööd Eestis, 1998, 133–140.
- Tvauri, A.** 2007. Aruanne arheoloogilistest päästekaevamistest Ida-Virumaal Tudulinna külakalmel 2007. aastal.
- Tvauri, A.** 2008. Archaeological investigations at Tudulinna cemetery. – Arheoloogilised välitööd Eestis, 2007, 115–120.
- Tõrv, M.** 2016. Persistent Practices. A Multi-Disciplinary Study of Hunter–Gatherer Mortuary Remains from c. 6500–2600 cal. BC, Estonia. Doktoritöö. Tartu Ülikool, ajaloo ja arheoloogia instituut.
- Tõrv, M., Meadows, J.** 2015. Radiocarbon dates and stable isotope data from the early Bronze Age burials in Riigiküla I and Kivisaare settlement sites, Estonia. – Radiocarbon, 57: 4, 645–656.
- Tõrv, M., Varul, L., Paavel, K.** 2016. Muinasaegne matmispaik Tõlluste külas Saaremaal. – Tutulus, 2016, 31.
- Valk, H.** 1989c. Leiud Mäksa kalmistult ja asulakohalt. – Eesti NSV Teaduste Akadeemia Toimetised. Ühiskonnateadused, 38: 4, 343–344.

Valk, H. 2020. Investigations in Helme: medieval chapel ruins, earlier timber shrine and churchyard. – *Arheoloogilised välitööd Eestis*, 2019, 109–124.

Valk, H., Erlich, F., Malve, M. 2018. Iron Age and medieval cemetery at the former Soe inn in Võrumaa, south-eastern Estonia. – *Arheoloogilised välitööd Eestis*, 2017, 85–86.

Valk, H., Laul, S. 2014. Siksälä kalme I. Muistis ja ajalugu. Tallinna Raamatutrükikoda, Tallinn.

Valk, H., Malve, M. 2021. 14th-century cemetery at Otepää, southern Estonia. 14. sajandi kalmistu Otepääl, Lõuna-Eestis. – *Arheoloogilised välitööd Eestis*, 2020, 143–150.

Valk, H., Malve, M., Juus, T., Liblik, M.-A. 2019. Kodavere medieval cemetery – a parish churchyard? – *Arheoloogilised välitööd Eestis* 2018, 119–138.

Valk, H., Ratas, J., Laul, S. 2014. Siksälä kalme II. Matuste ja leidude kataloog. Tallinna Raamatutrükikoda, Tallinn.

Varul, L., Galeevb, R. M., Malytina, A. A., Tõrv, M., Vasilyeve, S. V., Lõugas, L. Kriiska, K. 2019. Complex mortuary treatment of a Corded Ware Culture individual from the Eastern Baltic: A case study of a secondary deposit in Sope, Estonia. – *Journal of Archaeological Science: Reports*, 24, 463–472.

Vasil'ev jt 2019 = Васильев, С. В., Крийска, А., Боруцкая С. Б., Варул Л. 2019. Антропологическая характеристика и боевой травматизм населения Восточной Прибалтики III тысячелетия до н. э. (по материалам могильника Арду, Эстония). – *Stratum Plus Journal*, 2, 237–250.

Vassar, A. 1938. Drei Steinkistengräber aus Nordestland. – *Õpetatud Eesti Seltsi Aastaraamat*, 1937, 1, 304–364.

Vedru, G. 1998. Aruanne kivikirstkalme kaevamistest Muuksi hundikangrutes 1996–1997. 1998.

Internetiallikad

Kultuurimälestiste register. 2023. <https://register.muinas.ee/public.php>. Viimati vaadatud 27.04.2023.

Konsa, M., Sikk, K., Tvauri, A. 2013. Arheoloogilised kaevamised Eestis 1799–1999. Võrguteavik. Tartu: TÜ ajaloo ja arheoloogia instituut. <http://www.arheo.ut.ee/kaevamiste-nimekiri>. Viimati vaadatud 30.04.2023.

Lõugas, V. 1971. Iru kivikalme. Kaevamiste pass. <https://register.muinas.ee/public.php?menuID=monument&action=imagegallery&id=17540>. Viimati vaadatud 30.04.2023.

Suulised allikad

Aivar Kriiska. 2022. Autori intervjuu. Tartu, 05.10.2022, 16.10.2022.

Heiki Valk. 2022. Autori intervjuu ja e-kirjad. Tartu, 13.09.2022, 16.03.2022, 21.03.2022, 22.03.2022, 24.05.2022, 05.10.2022, 12.10.2022.

Mati Mandel. 2022. Autori e-kiri. 07.10.2022.

Mari Tõrv. 2022. Autori intervjuu. Tartu, 17.10.2022.

Martin Malve. 2022. Autori intervjuu. Tartu, 21.03.2022.

Litsents

Lihtlitsents lõputöö reprodutseerimiseks ja üldsusele kättesaadavaks tegemiseks.

Mina, Mairi Kaseorg

1. annan Tartu Ülikoolile tasuta loa (lihtlitsentsi) minu loodud teose

Pinnase, matmise ja hoiustamise aja mõju vana DNA säilimisele Eestist leitud inimluudes, mille juhendajad on Aivar Kriiska ja Kristiina Tambets,

reprodutseerimiseks eesmärgiga seda säilitada, sealhulgas lisada digitaalarhiivi DSpace kuni autoriõiguse kehtivuse lõppemiseni.

2. Annan Tartu Ülikoolile loa teha punktis 1 nimetatud teos üldsusele kättesaadavaks Tartu Ülikooli veebikeskkonna, sealhulgas digitaalarhiivi DSpace kaudu Creative Commons'i litsentsiga CC BY NC ND 4.0, mis lubab autorile viidates teost reprodutseerida, levitada ja üldsusele suunata ning keelab luua tuletatud teost ja kasutada teost ärieesmärgil, alates 09.05.2026 kuni autoriõiguse kehtivuse lõppemiseni.

3. Olen teadlik, et punktides 1 ja 2 nimetatud õigused jäävad alles ka autorile.

4. Kinnitan, et lihtlitsentsi andmisega ei riku ma teiste isikute intellektuaalomandi ega isikuandmete kaitse õigusaktidest tulenevaid õigusi.

Mairi Kaseorg

07.05.2023