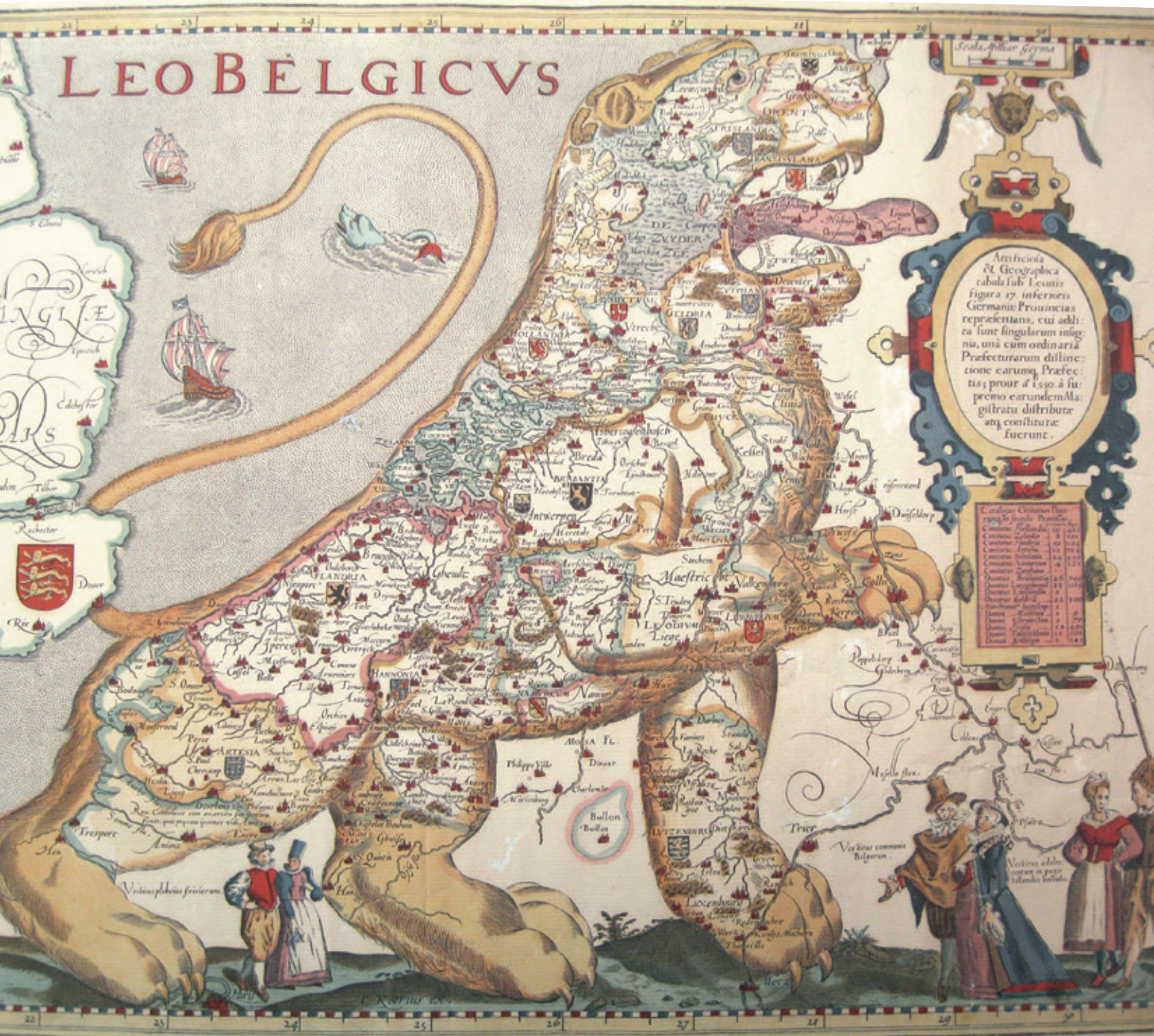


LEO BELGICVS



Artificioſa
 & Geographica
 tabula ſub Leonis
 figura 17. inferioris
 Germaniæ Præſentis
 repræſentans, cui ad-
 dita ſunt ſingularum inſig-
 niarum, unâ cum ordinariâ
 Præfecturarum diline-
 tione earum, Præfec-
 tus, prout à 1590. à ſu-
 premo earundem Ma-
 giſtrato tributa-
 atq; conſtituta
 fuerunt.

Præſentis Germaniæ Præſentis	Præſentis Germaniæ Præſentis
Comitatus Hollandiæ	101 430
Comitatus Brabantie	8 684
Comitatus Flandriæ	102 104
Comitatus Arthuriæ	13 794
Comitatus Namurici	124 000
Comitatus Louvaniæ	4 124
Comitatus Limburgi	2 800
Comitatus Gueldriæ	23 100
Comitatus Zutphaniæ	1 000
Comitatus Friflandiæ	2 000
Comitatus Groninganiæ	1 000
Comitatus Overiſſi	1 000
Comitatus Utrechtæ	1 000
Comitatus Flevorici	1 000

INGLIÆ
 Rostrot
 Dour
 Rie

Veritas plebis feruorem
 Veritas adhibet
 Veritas communis
 Veritas adhibet
 Veritas adhibet

De mens als archiefbron

DNA-onderzoek voor genealogie, archeologie en lokale geschiedenis

Marc Van den Cloot

Inleiding

Het ontstaan en de geschiedenis van een dorp of stad onderzoeken is niet eenvoudig. Ondanks het nog bestaande materieel erfgoed, de overgeleverde documenten en verhalen blijven vele vragen onbeantwoord. De heemkundige bijt zijn tanden stuk op vragen zoals wie heeft die gemeenschap gesticht, van waar kwamen deze mensen, was het een enkele of verschillende familieclans of tot welke volksgroep behoorden zij? Sinds enkele jaren krijgt de heemkunde vanuit een onverwachte hoek hulp aangereikt dankzij het onderzoek van het menselijk DNA.

Het letterwoord DNA schrikt nog veel mensen af.¹ Via de media associëren ze het met ziekten en misdadonderzoek. Maar het belang van de kennis en het onderzoek van DNA reikt veel verder. DNA is aanwezig in elke lichaamscel en bepaalt onze lichamelijke en geestelijke kenmerken. We erven het in gelijke mate van onze ouders op nog steeds dezelfde wijze als bij het ontstaan van de mens. Het DNA is daardoor een archiefdrager van de menselijke evolutie.

Heemkundigen, genealogen en historici zijn vertrouwd met en afhankelijk van allerlei soorten archiefvormen. Die brengen we spontaan in verband met schriftelijke of materiële archiefbronnen. Maar ook de mens is al eeuwen het studieobject van diverse wetenschappelijke disciplines. De ontstaans-geschiedenis van het leven en van de mens in het bijzonder fascineert alle stervelingen. De paleontologie en de archeologie slaagden erin een deel van de puzzel op te lossen. Hun bron betreft echter de dode mens, niet de levende. In ons erfgoedwerkveld, namelijk heemkunde en familie- en volkskunde, is die levende mens wel prominent aanwezig. De archiefbron die we daar aanboren is het menselijk geheugen en de uitgelezen techniek daarvoor is *oral history*. Mensen interviewen leert ons veel wat we niet in schriftelijke bronnen vinden. Daarbij voegen zich nu de mogelijkheden die het DNA-onderzoek ons biedt: de biologische mens als archiefbron.

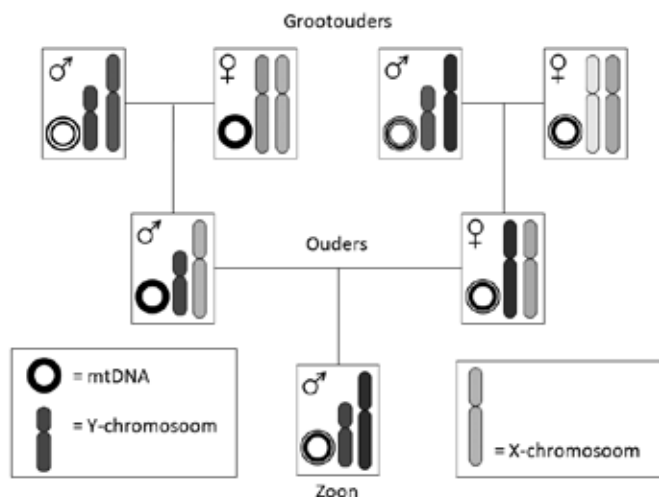
We gaan niet in op de erfelijkheidsleer waarvoor de Oostenrijkse kloosterling Gregor Johann Mendel (1822–1884) de basis legde met zijn bekende wetten van Mendel. Belangstellenden verwijzen we naar het artikel 'De mens als archiefbron'² en naar Wikipedia onder het lemma 'DNA-geschiedenis'. Voor een kort overzicht, zie kaderstuk Leeswijzer 1 dat aantoont dat deze jonge

1 DNA = deoxyribonucleic acid, in het Nederlands desoxyribonucleïnezuur, in het Frans ADN of acide desoxyribonucléique.

2 M. Van den Cloot, 'De mens als archiefbron', *Vlaamse Stam*, 48:2 (2012) 98–121.

wetenschappelijke discipline in volle ontwikkeling is. Allicht zorgt het onderzoek van het volledige genoom in de toekomst nog voor verrassingen.

De lezer stelt zich terecht de vraag: wat is het nut van DNA-onderzoek en meer bepaald van de genetische-genealogie, dat wil zeggen de koppeling van genetisch onderzoek met klassiek genealogisch onderzoek, voor de heemkunde? In dit artikel proberen we een antwoord op die vraag te bieden.



De genetische vererving via Y-chromosomaal DNA en mtDNA.

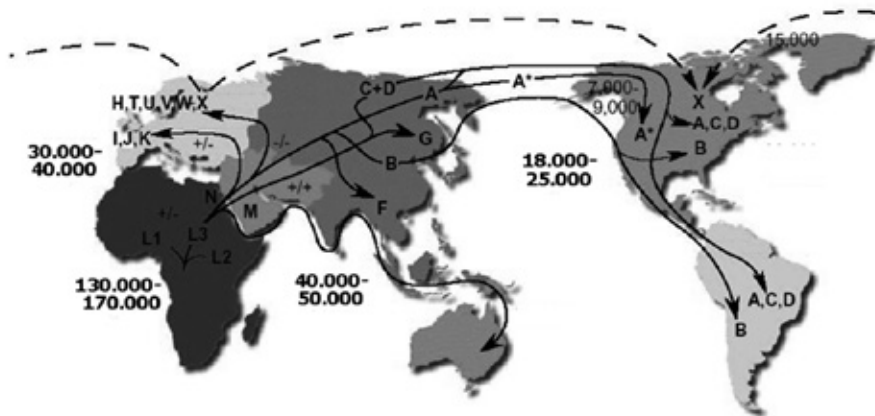
Keren we eerst terug naar het genetisch-genealogisch onderzoek. Alles start met een staalafname van DNA en vervolgens met de *sequencing*, het lezen van de volgorde der nucleotiden op de Y-chromosoom.³ Het resultaat is het haplotype van de geteste persoon. Dat is niet zijn genetische identiteitskaart (dat is het volledige genoom) maar het genetisch profiel van zijn vaderlijke voorouderlijn, in principe juridisch bepaald door de familienaam. Dat wil zeggen dat het haplotype en de daaraan verbonden subhaplogroep dezelfde zijn voor alle mannelijke leden van de vaderlijke lijn. Vader, zoons, broers, neven, achterneven delen hetzelfde genetisch kenmerk. Door vergelijking van de haplotypes onderscheidt men wereldwijd een 20-tal haplogroepen. Via de snips (zie Leeswijzer 2) splitst men die op in subhaplogroepen, die zelf weer in ondergroepen worden opgedeeld. In gewone taal: mannen die tot een zelfde subhaplogroep behoren, stammen af van een gemeenschappelijke voorvader of MRCA⁴. Dit is de basis van de genealogische genetica door de combinatie van genealogie en genetica.

Het is nuttig een onderscheid te maken tussen het algemeen nut van DNA-onderzoek en de specifieke mogelijkheden die het biedt. Tevens is er enerzijds de persoonlijke invalshoek van de deelnemer van een DNA-project en anderzijds deze van de globale resultaten voor de erfgoedgemeenschap. Onder de noemer van het algemeen nut van genetische-genealogie citeren we volgende belangrijke winstpunten: de bijdrage tot de kennis van de menselijke migratie-geschiedenis, wereldwijd en regionaal. Een andere finaliteit is het door middel van de bekomen genetische verwantschappen bijdragen tot het opmaken van een familienamenstamboom.⁵ Verder kan men ook het genetisch wetenschappelijk onderzoek verfijnen, onder meer door het ontdekken van nieuwe mutaties. Het historisch wetenschappelijk onderzoek en de kennis van de regionale en lokale geschiedenis zijn eveneens gebaat met de nieuwe inzichten over de menselijke migratiepatronen zowel in een ver als in een relatief recent verleden.

3 Zie ook het kaderstuk Leeswijzer 2.

4 MRCA = Most Recent Common Ancestor (meest recente gemeenschappelijke voorouder).

5 In het Engels noemt men dit 'surname projects'.



Migratielijnen van de moderne mens op basis van het mtDNA.

Specifieke mogelijkheden van genetische-genealogie voor individuen

Via genetische-genealogie kan iemand zijn plaats in de menselijke migratie-geschiedenis bepalen of zijn juridische (genealogische) stamboom bevestigen of ontkrachten. Hij kan ook zijn genealogie uitbreiden door verder in het verleden op te klimmen en vastgelopen opzoekingen vlot te trekken (onbekende vader, vondeling, adoptie). Verder kan hij bepalen of er verwantschap is met andere familienaamtakken en eventueel onvermoede verwante takken in binnen- en buitenland ontdekken. Ten slotte is het mogelijk de afstamming op te sporen uit middeleeuwse families (vóór de aanname van een familienaam) en zijn DNA te vergelijken met dit uit archeologische vondsten.

Dat is het opzet van de DNA-projecten van Familiekunde Vlaanderen die reeds 1.175 deelnemers tellen. In eerste instantie was het de bedoeling om het territorium van het historische oud-hertogdom Brabant te bestuderen. Op aanraden van professor Jean-Jacques Cassiman hebben we dit uitgebreid tot geheel België. Vanaf 2013 hebben we het onderzoeksterrein uitgebreid tot de hele Benelux en de aangrenzende regio's in Frankrijk, Duitsland en het Verenigd Koninkrijk. In het dubbelproject DNA Brabant en DNA België bleek door de onderlinge vergelijking dat 42,63 procent van de deelnemers genetisch verwant was. Namen we uitsluitend de deelnemers van 'Belgische' origine, dat wil zeggen wier oudst bekende voorvader in België geboren is, dan steeg dit cijfer tot 49,93 procent. Dat betekent dat ze tussen nu en ca. 1.000 jaar geleden een gemeenschappelijke voorvader hebben. Een uniek resultaat dat internationale belangstelling oogstte. De resultaten zijn gepubliceerd in twee boeken: *DNA Brabant* en *DNA België*.⁶ Vermits de evolutie niet stilstaat, zijn intussen een aantal subhaplogroepen verder opgedeeld, zoals de dominante West-Europese subhaplogroep R1b. Dat had tot gevolg dat een aantal eerder bepaalde verwantschappen een bank naar achter schoven omdat de MRCA zich verder in het verleden situeert.⁷

In de vermelde publicaties staan tal van voorbeelden van aangetoonde verwantschappen. We pikken er het meest spraakmakende voorbeeld uit.⁸ Dat bewees niet enkel de verwantschap op genetische afstand 1 tussen twee personen met een verschillende familienaam, Goetelen en Cornelis, maar ontmaskerde ook de onbekende vader van Walterus Goetelen.

6 M. Van den Cloot e.a., *DNA Brabant, DNA-project 2009 oud-hertogdom Brabant* (Lier 2010) en M. Van den Cloot e.a., *DNA België, DNA-project 2010 België exclusief oud-hertogdom Brabant* (Lier 2011).

7 Verwantschap drukt men uit in stappen van 0 tot 6, de genetische afstand. Hogere waarden beschouwen we niet meer als verwant. Waarde 0 is een genetische verwantschap met 95 % zekerheid ca. 250 à 270 jaar geleden. De statistische zekerheid daalt snel boven afstand 2 door de hogere mutatiesnelheid van bepaalde merkers dan aanvankelijk berekend.

8 Van den Cloot e.a., *DNA Brabant*, 135, 170 en 314.

Symbolen: °: geboren; ~: gedoopt; †: overleden; X: gehuwd.

Voorouders van deelnemer Goetelen:

- I **N.N.?** & Anna Maria Goetelen, ° Arendonk 21/2/1780, † Arendonk 3/9/1820
- II Walterus Goetelen, ° Arendonk 11/11/1805, † Arendonk 27/1/1872
X Arendonk 13/2/1829 Helena Van den Bergh, ° Arendonk 24/9/1800, † Arendonk 30/10/1856
- III Joannes Goetelen, ° Arendonk 10/5/1829, † Arendonk 24/2/1893
X Arendonk 2/5/1857 Maria Elisabeth Smolders, ° Duizel en Steensel (NL) 17/2/1833, † Arendonk 5/5/1916

Voorouders van deelnemer Cornelis:

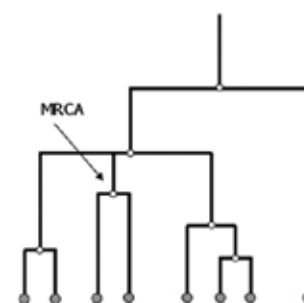
- I **Cornelius Cornelis**, ~ Reusel 12/3/1785, † Arendonk 30/11/1840
X Arendonk 25/4/1816 Maria Elisabeth van Eyck, ~ Arendonk 24/12/1791, † Arendonk 9/11/1838
- II Petrus Josephus Cornelis, ° Arendonk 1/2/1825
X Turnhout 11/2/1852 Elisabeth Schenkels, ° Turnhout 23/6/1829
- III Petrus Josephus Cornelis, ° Turnhout 3/9/1873, † Turnhout 16/1/1961
X Turnhout 18/2/1893 Anna Maria Claesens, ° Turnhout 9/4/1872, † Turnhout 22/9/1959

Cornelius Cornelis was de enige mogelijke kandidaat want zijn vader was reeds overleden vóór 1805 en hij had geen broers. Bovendien was hij minderjarig toen hij het kind verwekte dat na zijn geboorte de familienaam van moeder kreeg (Walterus Goetelen). Arendonk en Reusel grenzen aan elkaar, mogelijk een kermisavontuur ...

Dit verhaal toont de mogelijkheid aan om de gemeenschappelijke voorvader te vinden van personen die op een onbekende voorvader stuiten. Uiteraard waren de omstandigheden hier optimaal en konden we de koppelpersoon echt identificeren. Dat zou niet het geval zijn indien de vader en eventuele broers in 1805 in leven en sexueel actief waren geweest. Zij hadden immers hetzelfde Y-chromosomale DNA zodat we die niet onderling konden onderscheiden. In dat geval konden we enkel bepalen dat Goetelen uit het geslacht Cornelis stamde.

Een treffend voorbeeld was ook de zoektocht om acht verschillende takken van de familie Moorkens met als vermoedelijke MRCA Heynric Moorkens (° Herentals <1575, † Herentals 1651) aan elkaar te linken. Vijf takken sloten perfect aan, drie hadden een ander biologische vader.⁹ De afstamming bepalen uit families van vóór de invoering van de familienaam en des te meer uit

De afstamming bepalen uit families van vóór de invoering van de familienaam en des te meer uit middeleeuwse families, is niet eenvoudig. Er zijn immers weinig en vooral vaak onbetrouwbare bronnen, want onvolledig of onderling in tegenspraak



Voorbeeld van een evolutionaire boom waarbij de grijze bollen verschillende individuen, families of populaties voorstellen. De MRCA is de meest recente voorouder van de twee afgesplitste takken.

9 Zie hierover het artikel van drs. L.A.M. (Marc) Gabriëls, 'De Kempense "familie" Moorkens uit Herentals. Een praktijkoefening van genetische genealogie als verrijking van de genealogie', *Vlaamse Stam*, 48:2 (2012) 158–172.

middeleeuwse families, is niet eenvoudig. Er zijn immers weinig en vooral vaak onbetrouwbare bronnen, want onvolledig of onderling in tegenspraak. Algemeen gaat men er nu van uit dat verwantschappen van vóór 1400 moeilijk met absolute zekerheid te bewijzen zijn.

Vergelijking met DNA uit archeologische vondsten kan een oplossing bieden als men van een bekende en 'bewaarde' voorouder afstamt, maar ook dan zijn er grote problemen. Het Y-DNA degradeert snel door de grote vochtigheidsgraad in onze contreien, zodat er weinig, onvolledig of geen bruikbaar materiaal overblijft. Het mtDNA is veel talrijker, maar vertoont geen STRs zodat rechtstreekse verwantschappen niet te bewijzen zijn, tenzij men over een perfecte genealogie van de vrouwelijke lijn beschikt, wat meestal niet het geval is. Analyse van DNA uit archeologische opgravingen is daarom heel moeilijk en bovendien erg duur. Er zijn nochtans dergelijke projecten uitgevoerd in het buitenland. Spectaculaire resultaten die de media haalden, zijn de ontdekking van het skelet van de onfortuinlijke Engelse koning Richard III¹⁰ die in 1485 sneuvelde en de aan de Franse koning Henri IV toegeschreven schedel die uiteindelijk niet van hem bleek te zijn.¹¹ In beide gevallen leverde het mtDNA resultaten op. Voor Henri IV is het bewijs waterdicht omdat men over perfect bekende vrouwelijke lijnen beschikte. Bij Richard III is dat wetenschappelijk nog niet zeker. Bepaalde stukken mtDNA zijn bij alle of bij een grote groep mensen identiek, terwijl er toch geen verwantschap is. Dat komt doordat het volledige mtDNA-genoom niet is geanalyseerd. De onderzoekers trachten nu restanten van het Y-DNA te vinden, dat eventueel wel zekerheid kan bieden.

Specifieke mogelijkheden van genetische-genealogie voor erfgoedgemeenschap

De genetische genealogie kan bijdragen tot het migratie- en populatieonderzoek (internationaal, nationaal en regionaal), het hersamenstellen van een lokale gemeenschap vóór en na een historisch breekpunt en het bepalen van de mate waarin de juridische en de biologische afstamming afwijken. Uiteraard kunnen de laatste vier kenmerken van de mogelijkheden voor individuen ook voor de heemkundige nuttig zijn (zie supra).

Uit de afbeelding op pagina 53 bleek reeds duidelijk dat DNA-onderzoek een belangrijke bijdrage levert aan de kennis van de migratiepatronen in de wereld. De tabel op de volgende pagina geeft aan dat dit ook het geval is op nationaal en regionaal vlak. Van de 20 bekende haplogroepen zijn er negen in onze streken aangetroffen (de opsplitsing van de haplogroepen R, I en J even terzijde gelaten). De vier grootste groepen in de tabel vertegenwoordigen ruim 85 procent van het totaal. Een aanwijzing dat de bevolking van ons land erg stabiel en honkvast is.

Een zeldzame uitschieter is die ene deelnemer met haplogroep A (nu Y genoemd). Dat is de eerste mutatie van de homo sapiens, Afrikaans dus en bijna 200.000 jaar oud! Hij is mogelijk een afstammeling van een slaaf, zoals bij enkele gevallen in Engeland bleek.

Op gebied van het populatieonderzoek kan en moet nog veel gebeuren en daar ligt een enorm braakliggend terrein voor de samenwerking tussen lokale heemkringen en het DNA-project van Familiekunde Vlaanderen. Dat het mogelijk is, bewees Maarten Larmuseau met zijn onderzoek naar de oorsprong van de vele Franse familienamen in West-Vlaanderen.

Historische bronnen leren ons dat die regio tussen 1570 en 1600 ingevolge oorlogsgeweld en emigratie om godsdienstige of economische redenen een

10 M. Larmuseau, 'Het DNA van een koning – Genetische genealogie als sleutel bij het toeschrijven van stoffelijke resten aan historische figuren', *Vlaamse Stam*, 49:3 (2013) 201–203. Zie ook: Charlier e.a., 'Genetic comparison of the head of Henri IV and the presumptive blood from Louis XVI', *Forensic Science International: Genetics* (2013).

11 M. Larmuseau, 'Kopzorgen over de identiteit van een gemummificeerd hoofd – Genetisch-genealogisch onderzoek weerlegt eerdere identificatie die hoofd toeschreef aan Franse koning Henri IV', *Vlaamse Stam*, 49:6 (2013) 490–495. Zie ook: M. Larmuseau e.a., 'Genetic genealogy reveals true Y haplogroup of House of Bourbon contradicting recent identification of the presumed remains of two French kings', *European Journal of Human Genetics*, 22:5 (2013) 681–687.

Tabel: vergelijking Haplogroepen (Hg) en Subhaplogroepen (SHg) per regio en land

	Vlaanderen		Wallonië		België		Noord-Brabant		Andere		Totaal	
		%		%		%		%		%		%
Aantal deelnemers	710	100,00	66	100,00	776	100,00	163	100,00	25	100,00	964	100,00
Aantal Hg	12		8		12		9		6		12	
R1b	430	60,56	40	60,61	470	60,57	105	64,42	15	60,00	590	61,20
I 1	92	12,96	6	9,09	98	12,63	14	8,59	4	16,00	116	12,03
I 2	51	7,19	5	7,57	56	7,21	13	7,98	1	4,00	70	7,26
E 1	37	5,21	7	10,60	44	5,67	5	3,06	1	4,00	50	5,19
R1a	32	4,50	2	3,03	34	4,38	3	1,84	1	4,00	38	3,94
J 2	26	3,66	1	1,52	27	3,48	12	7,36	-	-	39	4,05
G 2	24	3,38	3	4,55	27	3,48	6	3,68	3	12,00	36	3,74
J 1	8	1,13	-	-	8	1,03	3	1,84	-	-	11	1,14
L	4	0,57	-	-	4	0,52	-	-	-	-	4	0,41
Q	3	0,42	-	-	3	0,38	-	-	-	-	3	0,31
T	2	0,28	2	3,03	4	0,52	2	1,23	-	-	6	0,62
A (nu Y genoemd)	1	0,14	-	-	1	0,13	-	-	-	-	1	0,11
Aantal SHg	41		17		42		26		9		42	
R1b-U106	179	25,21	16	24,23	195	25,13	52	31,90	6	24,00	253	26,24
R1b-P312	154	21,69	13	19,68	167	21,52	35	21,47	3	12,00	205	21,26
I1-M253	85	11,97	6	9,09	91	11,73	14	8,59	4	16,00	109	11,30
R1b-U152	76	10,71	9	13,63	85	10,95	10	6,13	5	20,00	100	10,37
R1a-M17	31	4,37	2	3,03	33	4,25	3	1,84	1	4,00	37	3,84
I2-M223	26	3,66	3	4,55	29	3,74	7	4,30	-	-	36	3,73
G2-U8	20	2,82	2	3,03	22	2,84	4	2,46	3	12,00	29	3,01
E1-V13	20	2,82	5	7,57	25	3,22	2	1,23	-	-	27	2,80
J2-M410	15	2,11	-	-	15	1,93	7	4,30	-	-	22	2,28
R1b-M269	13	1,83	1	1,52	14	1,80	2	1,23	1	4,00	17	1,76
E1-M34	10	1,41	-	-	10	1,29	1	0,61	-	-	11	1,14
I2-P37.2	10	1,41	-	-	10	1,29	3	1,84	1	4,00	14	1,45
I2-P215	10	1,41	1	1,52	11	1,42	2	1,23	-	-	13	1,35
I1-P109	7	0,99	-	-	7	0,90	-	-	-	-	7	0,72
J1-P58	6	0,85	-	-	6	0,77	2	1,23	-	-	8	0,83
J2b-M241	5	0,71	-	-	5	0,64	1	0,61	-	-	6	0,62
R1b-P310	5	0,71	-	-	5	0,64	2	1,23	-	-	7	0,72
E1-V22	3	0,42	-	-	3	0,38	1	0,61	-	-	4	0,41
L-M27	3	0,42	-	-	3	0,38	-	-	-	-	3	0,31
Q-P36.2	3	0,42	-	-	3	0,38	-	-	-	-	3	0,31
E1-M35	1	0,14	-	-	1	0,13	-	-	1	4,00	2	0,21
G2a-U13	2	0,28	-	-	2	0,26	1	0,61	-	-	3	0,31
I2b-P95	2	0,28	-	-	2	0,26	1	0,61	-	-	3	0,31
I2b-M284	2	0,28	-	-	2	0,26	-	-	-	-	2	0,21
J1-M267	2	0,28	-	-	2	0,26	1	0,61	-	-	3	0,31
J2a-M67	2	0,28	1	1,52	3	0,38	1	0,61	-	-	4	0,41
J2a-M92	2	0,28	-	-	2	0,26	3	1,84	-	-	5	0,52
T-M70	2	0,28	2	3,03	4	0,52	2	1,23	-	-	6	0,62
A-M91	1	0,14	-	-	1	0,13	-	-	-	-	1	0,11
E1-M78	1	0,14	-	-	1	0,13	-	-	-	-	1	0,11
E1-M81	1	0,14	1	1,52	2	0,26	-	-	-	-	2	0,21
E1-V12	1	0,14	-	-	1	0,13	-	-	-	-	1	0,11
G2a-P15	1	0,14	1	1,52	2	0,26	1	0,61	-	-	3	0,31
G2a-U16	1	0,14	-	-	1	0,13	-	-	-	-	1	0,11
I2b-P78	2	0,28	1	1,52	2	0,26	-	-	-	-	2	0,21
J2a-M319	1	0,14	-	-	2	0,26	-	-	-	-	2	0,21
L-M317	1	0,14	-	-	1	0,13	-	-	-	-	1	0,11
R1a-SRY10831	1	0,14	-	-	1	0,13	-	-	-	-	1	0,11
R1b-P25	1	0,14	-	-	1	0,13	-	-	-	-	1	0,11
R1b-P297	1	0,14	-	-	1	0,13	-	-	-	-	1	0,11
R1b-SRY2627	1	0,14	1	1,52	2	0,26	4	2,46	-	-	6	0,62
E1-M123	-	-	1	1,52	1	0,13	1	0,61	-	-	2	0,21

belangrijke bevolkingsafname kende. Daardoor kwamen heel wat huizen, hoeven en dorpen leeg te staan. Noord-Franse families zorgden voor het herbevolken van de streek en integreerden er zich geleidelijk. De vraag was: is dit genetisch aantoonbaar? Larmuseau vergeleek 549 Vlamingen met een authentieke Vlaamse familienaam met 50 Vlamingen met een Franse (Romaanse) familienaam. Van deze laatste groep leefden de oudst bekende paternale voorvader in het huidige Vlaanderen, maar was hun familienaam er niet aanwezig vóór 1575. Uit de Y-chromosomale DNA-analyse bleek er een statistisch significant verschil te zijn tussen beide groepen. Tevens vergeleek hij zijn resultaten met die uit de Franse regio's Nord-Pas-de-Calais en Île-de-France. Ook hier bleek een duidelijk verschil tussen de Franse familienamen en de Vlaamse. Tussen de Vlamingen met een Franse familienaam en de Noord-Fransen was echter geen significant verschil. De belangrijke conclusie daaruit is dat een migratie vanuit Noord-Frankrijk naar Vlaanderen ruim vierhonderd jaar later nog steeds detecteerbare genetische sporen achterliet in de huidige Vlaamse bevolking.¹²

De belangrijke conclusie daaruit is dat een migratie vanuit Noord-Frankrijk naar Vlaanderen ruim vierhonderd jaar later nog steeds detecteerbare genetische sporen achterliet in de huidige Vlaamse bevolking

Deze studie is om verschillende redenen belangrijk. Zij toonde immers aan dat genealogisch onderzoek gecombineerd met Y-DNA-analyse kan bijdragen tot het reconstrueren van historische gebeurtenissen en dat er een potentieel is om genetische signalen te detecteren van historische gebeurtenissen zodat men na vier eeuwen nog een relatie kan vinden tussen de oorsprong van de familienaam en het biologisch Y-chromosoom. Zij levert ook het bewijs dat ondanks het voorkomen van adopties en buitenechtelijke kinderen,¹³ voor het merendeel van de Vlaamse populatie de juridische genealogie overeenstemt met de biologische en dat de familienaam wel degelijk informatie kan verschaffen over vroegere familiale migraties die geen genealogische sporen nalieten.

Larmuseau besluit dan ook: 'Het toont hierbij het belang aan om verder ons genetisch erfgoed in Vlaanderen en daarbuiten te gaan bestuderen en te ontsluiten voor het publiek'. Duidelijker kan de opdracht voor ons als heemkundigen en genealogen niet zijn.

Familiekunde Vlaanderen speelde daar reeds op in door het oorspronkelijke project uit te breiden tot een heus Beneluxproject. Dat staat open voor iedereen met voorouders in de huidige Benelux en in de aangrenzende gebieden in Frankrijk, Duitsland en Engeland. Iedere geïnteresseerde man, zonder onderscheid van nationaliteit of afkomst, kan daaraan deelnemen. Alle informatie ter zake is downloadbaar van de website www.dna-benelux.eu of, als dat niet lukt, aan te vragen via de projectleider: marc.vandencloot@telenet.be.

12 M. Larmuseau, 'In naam van de Franse vader – Genetische aanwijzingen voor een 16^{de}-eeuwse migratie dankzij onze familienaam', *Vlaamse Stam*, 48:6 (2012). Zie eveneens: M. Larmuseau e.a., 'In the name of the migrant father – Analysis of surname origins identifies genetic admixture events undetectable from genealogical records', *Heredity*, 109 (2012) 90–95. (raadpleegbaar via: <http://www.nature.com/hdy/journal/v109/n2/full/hdy201217a.html>)

13 M. Larmuseau, 'Weinig Vlaamse 'koekoeks-kinderen' in de laatste 400 jaar – juridische stambomen komen nagenoeg overeen met de biologische', *Vlaamse Stam*, 50:1 (2014) 1–3 en M. Larmuseau e.a., 'Low historical rate of cuckoldry in a Western European human population traced by Y-chromosome and genealogical data', *Proceedings of the Royal Society B* (2013). (raadpleegbaar via: <http://rspb.royalsocietypublishing.org/content/280/1772/20132400>)

Afgeleide projecten

Vóór Maarten Larmuseau zijn familienamenproject lanceerde, trachtte Familiekunde Vlaanderen reeds een grensoverschrijdend proefproject op te zetten met drie aangrenzende Noord-Brabantse en drie Antwerpse gemeenten. Aan de hand van een 30-tal familienamen die in die gemeenten voorkwamen vóór en respectievelijk na de scheiding van de Noordelijke en Zuidelijke Nederlanden, was het de bedoeling om via DNA-onderzoek de migratie uit en naar die gemeenten in kaart te brengen. Uiteindelijk beoogden we daarmee een reconstructie van de respectievelijke dorpsgemeenschappen te maken vóór en na die historische breuklijn. Het betrof Essen, Kalmthout en Wuustwezel enerzijds en Roosendaal, Rucphen en Zundert anderzijds. Indien het lukte, konden we dit model uitbreiden tot alle andere grensgebieden. Ondanks de positieve en enthousiaste samenwerking van de lokale heemkringen, Genealogie West-Brabant en Familiekunde Vlaanderen liep het project spaak. De verhoopte financiële steun van de betrokken gemeenten en provincies kwam er niet. Een DNA-analyse is dan ook niet goedkoop, alles samen 140 euro. Niettemin lijkt dit een ideaal samenwerkingsproject tussen heem- en familiekunde met een belangrijke inbreng van de plaatselijke heemkringen. Hierbij dan ook een warme oproep om daar over na te denken. Op de medewerking van professor Ronny Decorte, dr. Maarten Larmuseau en hun team kunnen we alvast rekenen.

Om het gezichtspunt van de erfgoedgemeenschap af te ronden nog een bemerking over archeologie en DNA-onderzoek. Er is in de Benelux één baanbrekend project voor het lokaal historisch en heemkundig perspectief, namelijk de opgravingen van het kerkhof van de Sint-Catharinakerk in Eindhoven¹⁴. In het koor en het kerkhof van deze middeleeuwse kerk zijn in 2006 honderden skeletresten opgegraven, alle gedateerd tussen 1200 en 1850. Het was voor de eerste maal ter wereld dat tegelijk met een opgraving ook archeologisch DNA is verzameld. Het onderzoek moet gegevens aanreiken over de herkomst van de Eindhovenaren en hun onderlinge biologische verwantschap. Einde 2014 kwamen de eerste resultaten beschikbaar. Een eerste vaststelling is dat de frequentie van de meest voorkomende subhaplogroepen continuïteit aantoont tussen de skeletten van de periode 1200–1500 en deze van 1550–1850. Er blijkt ook overeenkomst te zijn met de spreiding van de haplogroepen die we in ons dubbelproject constateerden. Alhoewel nog vele vragen de komende jaren een antwoord moeten krijgen, is dit project van groot belang voor onze regio's.

In België heeft men bij de opgraving van het Sint-Romboutskerkhof in Mechelen ook DNA gevonden en opgeslagen voor later onderzoek. Er zijn nu jammer genoeg geen financiële middelen beschikbaar. Daarom richtten de stads-archeologen hun aandacht op de slachtoffers van de Boerenkrijg die er terechtgesteld werden en er begraven liggen. Omdat de namen van de slachtoffers bekend zijn, tracht men via genealogische weg afstammelingen te vinden. Totnogtoe lukte dat in één geval. DNA-onderzoek voor deze beperkte groep wordt nu overwogen. Familiekunde Vlaanderen zegde zijn medewerking toe, ondanks de financiële beperkingen die opnieuw roet in het eten dreigen te gooien.

Stippen we ten slotte nog het gesubsidieerde Romeinenproject van de KU Leuven aan. Daarbij werden drie archeologisch als Romeins bekende nederzettingen vergeleken met drie Frankische-Germaanse. Het betrof (uiteraard) het Romeinse Tongeren tegenover het Germaanse Alken-Wellen in Limburg. In Oost-Vlaanderen het Romeinse Velzeke-Ruddershove en Strijpen tegenover de Germaanse regio Idegem, Schendelbeke, Zandberge, Smeerebbe-Vloerzegem en Grimminge. In West-Vlaanderen ten slotte het Romeinse

14 M. Larmuseau, 'Een Nederlands knekelveld als DNA-archief – De betekenis van het archeologisch DNA-onderzoek in Noord-Brabant voor genetische genealogie', *Vlaams Stam*, 50:4 (2014) 309–311 en N. Arts (red.), *Een knekelveld maakt geschiedenis. Het archeologisch onderzoek van het koor en het grafveld van de middeleeuwse Catharinakerk in Eindhoven, 1200–1850* (Utrecht 2013).

Oudenburg aan de enerzijds en het Germaanse Snellegem-Varsenare, Zedelgem anderzijds. Maarten Larmuseau en zijn medewerkers onderzochten een 400-tal deelnemers die hun paternale afstamming in die regio's tot vóór 1650 konden aantonen. Het project is intussen afgerond en het is nog wachten op de publicatie van de definitieve resultaten.

Als besluit mogen we stellen dat zowel voor het individuele als voor het gemeenschappelijke gezichtspunt geldt: hoe meer deelnemers, hoe meer mogelijke resultaten en hoe groter de statistische betrouwbaarheid van die resultaten.

Moelijkheden bij de interpretatie

Als we over mogelijkheden spreken, is het ook belangrijk duidelijkheid te scheppen over de onmogelijkheden en de moeilijkheden bij de interpretatie. Tot grote ontgoocheling van velen is het wetenschappelijk niet mogelijk om een genetisch profiel toe te wijzen aan een volksgroep of taalgemeenschap. De enige uitzonderingen daarop vormen afgelegen eilanden die slechts één migratiegolf kenden. Men verwacht immers cultureel bepaalde begrippen als volk en taal met een genetisch kenmerk. Jammer genoeg staat het internet bol van dergelijke nonsens. Zo koppelt men de subhaplogroep I1 aan de Vikingen, U106 aan de Franken en Germanen en P312 aan de Kelten. Maar de mutaties die deze subhaplogroepen bepalen zijn allemaal veel ouder dan die volksgroepen. Via internetgroepen laten amateurs hun genetische 'bevindingen' en genealogische wensdromen los op de onwetende medeburger. Vooral Amerikaanse commerciële bedrijven zoals Family Tree DNA (FTDNA) moedigen dit aan, terwijl het hen uitsluitend te doen is om zoveel mogelijk DNA-staalkits te verkopen.

Tot grote ontgoocheling van velen is het wetenschappelijk niet mogelijk om een genetisch profiel toe te wijzen aan een volksgroep of taalgemeenschap

Ook de interpretatie is geen eenvoudige zaak. Was het onderzoek diepgaand genoeg? Zijn er voldoende merkers onderzocht? Is de toewijzing aan een bepaalde subhaplogroep op basis van de STRs gestaafd door een snip-analyse? Vergelijkingen zijn slechts significant indien men personen binnen een zelfde subhaplogroep bekijkt. Je kan geen appels met peren vergelijken.

Amateur-genetici lappen die principes al te vaak aan hun laarzen. Ook de gebruikte nomenclatuur zorgt voor verwarring. Het Y-Chromosome Consortium publiceerde jaarlijks de 'YCC-fylogenetische boom' van alle bekende haplo- en subhaplogroepen. Zij hielden zich strikt aan wetenschappelijke normen en erkenden een nieuw gevonden groep slechts nadat een onafhankelijk onderzoek van een ander laboratorium de vondst bevestigde, wat uiteraard tijd verg. In 2012 hielden ze het voor bekeken en hun website is intussen van het internet verdwenen. Daarentegen publiceert de ISOGG-boom van de International Society of Genetic Genealogy¹⁵ deze nieuwe groepen onmiddellijk. Daardoor ontstonden soms verschillende benamingen voor dezelfde subhaplogroep. Om nog maar te zwijgen van de fantasierijke interpretaties die men op het internet aan die nieuwe groepen toedicht.

15 International Society of Genetic Genealogy (ISSOG), url: www.issog.org

Maar ook de wetenschappers zelf kampen met interpretatieproblemen. Een typisch voorbeeld is het *surfeffect*. Stel: een groep nieuwkomers van 20 personen vestigt zich in een kleine dorpsgemeenschap van 200 personen. In één ruk vertegenwoordigen zij daar 9 procent van de bevolking. Indien deze nieuwkomers meer kinderen hebben dan de basisgroep, wat vaak voorkomt, dan maakt hun genetisch profiel na enkele generaties al een groot deel van de bevolking uit. De analogie met de actualiteit is u allicht opgevallen. Er zijn dan twee mogelijkheden: gaandeweg integreren zij zich en daalt hun kinderaantal tot het gemiddelde van de basisgroep. Dat stelde men bijvoorbeeld in Oost-Engeland vast waar de impact van de historische invasie van de Angelsaksers amper 10 procent bedraagt.

Anderzijds kunnen de nieuwelingen, indien ze in grotere groepen immigreren, op relatief korte termijn de kleine basisbevolking overvleugelen. Zo dacht men een tiental jaren geleden nog dat de massaal in West-Europa aanwezige R1b-subhaplogroep de oorspronkelijke bewoners van Europa waren. Zij vertegenwoordigen thans in de Benelux ca. 60 procent, in Frankrijk 70 procent en in Groot-Brittannië 80 procent. In Ierland en Baskenland stijgt dit zelfs tot 90 procent. Intussen weet men dat de mutatie die deze subhaplogroep deed ontstaan, slechts ca. 3.500 à 5.000 jaar oud is. Daarentegen is de haplogroep I en meer bepaald de subhaplogroep I1 veel ouder (20.000 à 30.000 jaar) maar vertegenwoordigt in België slechts 12,5 procent. In Noord-Nederland (Friesland) en vooral in Scandinavië liggen die cijfers hoger. Dat gaf aanleiding tot het gelijkstellen van het I1-profiel met de Vikings, uiteraard een historische aberratie.¹⁶

Hoe langer een groep ergens verblijft, hoe meer mutaties daar ontstaan waardoor de bevolking genetisch meer variatie vertoont

Daarom hechten genetici veel belang aan het begrip *variatie*. Hoe langer een groep ergens verblijft, hoe meer mutaties daar ontstaan waardoor de bevolking genetisch meer variatie vertoont. Logischerwijze vinden we de grootste variatie in Afrika: de homo sapiens verbleef er al ruim 150.000 jaar vooraleer een (kleine) groep dat continent verliet. Vandaar dat de variatie in Europa veel geringer is en a fortiori in onze bevolking zo klein is dat het moeilijk is om migratiegroepen van elkaar te onderscheiden.

Het DNA-project van Familiekunde Vlaanderen lokte intussen heel wat nieuwe initiatieven uit, zowel wetenschappelijke als genealogische. Tot de eerste categorie behoren de eerder vermelde onderzoeken naar de familienamenmigratie vanuit Frans-Vlaanderen naar Vlaanderen en het Romeinenproject. Daarnaast zijn er in de tweede categorie uiteraard de vele genealogische verbanden die aan het licht kwamen, zelfs bij personen die genealogisch vastliepen op een onbekende vader. Het zette ook een aantal familieverenigingen ertoe aan om de verwantschap van hun verschillende familietakken te onderzoeken, vaak met succes.¹⁷

Op dit ogenblik trachten we de deelnemers van het Nederlands project Zonen van Adam te overhalen om hun DNA-analyse van de universiteit van Leiden nu in Leuven te laten upgraden naar onze 38 merkerstandaard om ze daarna mee

16 M. Larmuseau, 'Zit er een Viking in uw familiegeschiedenis?', *Vlaamse Stam*, 50:5 (2014) 409–411. Zie ook: S. Harding, M. Jobling en T. King, *Viking DNA: The Wirral and West Lancashire Project* (Nottingham 2010).

17 L.A.M. Gabriëls, 'De Kempense 'familie' Moorkens uit Herentals. Een praktijktoepassing van genetische Genealogie als verrijking van de genealogie', *Vlaamse Stam*, 48:2 (2012) 158–172.



Staalafname: met twee plastic borsteltjes wat wangslimvlies afschrapen.

in het Beneluxproject op te nemen. Het spreekt voor zich dat dit door onze grotendeels overlappende voorgeschiedenis zowel voor de Nederlanders als de Belgen een win-winoperatie is. Verder werken we mee aan een project in Wales dat een vermoede middeleeuwse Vlaamse migratie naar Wales onderzoekt. Intrigerend is ook het geplande onderzoek naar de Vlaamse afstamming van de adellijke Engelse familie Percy, hertogen van Northumberland, die oorspronkelijk van een zoon van de graven van Leuven afstammen.

Besluit

DNA-onderzoek in het algemeen en de combinatie met genealogisch onderzoek in het bijzonder, zijn nog jonge takken van de biologische wetenschap. De volgende jaren zullen de mogelijkheden en de inzichten zich verder ontwikkelen en verdiepen. Ik hoop dat het hier geschetste palet van mogelijkheden en voorbeelden het nut en belang van het genetisch-genealogisch DNA-onderzoek voldoende aantoonde. De mate waarin de historische en archeologische wetenschap en de heemkunde hiervan de vruchten kunnen plukken is mede afhankelijk van de groei van het aantal deelnemers. De ruim duizend verschillende familienamen die in ons onderzoek betrokken zijn, vormen nog maar een klein deel van de naar schatting 300.000 familienamen die ons land telt. Meer dan ooit mogen we in dit opzicht stellen dat samenwerking de motor van de vooruitgang is. Laat ons daarom samen de hand aan de ploeg slaan.

BIBLIOGRAFIE

Algemeen

- S. Wells, *The Journey of Man, A Genetic Odyssey* (Londen 2003).
- B. Sykes, *De zeven dochters van Eva* (Amsterdam 2005).
- R. Dawkins, *Het verhaal van onze voorouders* (Amsterdam 2007).
- J. Diamond, *Zwaarden, paarden en ziektekiemen* (Houten 2009).
- S. Wells, *De akkers van Pandora* (Amsterdam/Antwerpen 2010).

DNA-projecten

- S. Barjesteh van Waalwijk van Doorn-Khosrovani e.a., *Zonen van Adam in Nederland – Genetische genealogie: een zoektocht in ons DNA-archief* (Rotterdam en Gronsveld 2008).
- M. Van den Cloot e.a., *DNA Brabant, DNA-project 2009 oud-hertogdom Brabant* (Lier 2010).
- M. Van den Cloot e.a., *DNA België, DNA-project 2010 België exclusief oud-hertogdom Brabant* (Lier 2011).
- M. Van den Cloot, 'DNA ten dienst van de genealogie', *Vlaamse Stam*, 47:5 (2011) 436–442.
- S. Harding, M. Jobling & T. King, *Viking DNA: The Wirral and West Lancashire Project*, (Nottingham 2011).
- M. Van den Cloot, 'De mens als archiefbron', *Vlaamse Stam*, 48:2 2 (2012) 98–121.
- L.A.M. Gabriëls, 'De Kempense familie Moorkens uit Herentals. Een praktijktoepassing van genetische Genealogie als verrijking van de genealogie', *Vlaamse Stam*, 48:2 (2012) 158–172.
- M. Larmuseau, 'In naam van de Franse vader – Genetische aanwijzingen voor een 16^{de}-eeuwse migratie dankzij onze familienaam', *Vlaamse Stam*, 48:6 (2012) 469–470.
- M. Larmuseau e.a., 'In the name of the migrant father – Analysis of surname origins identifies genetic admixture events undetectable from genealogical records', *Heredity*, 109 (2012) 90–95. (raadpleegbaar via: <http://www.nature.com/hdy/journal/v109/n2/full/hdy201217a.html>).
- M. Larmuseau, 'Het DNA van een koning – Genetische genealogie als sleutel bij het toeschrijven van stoffelijke resten aan historische figuren', *Vlaamse Stam*, 49:3 (2013) 201–203.
- Charlier et al., 'Genetic comparison of the head of Henri IV and the presumptive blood from Louis XVI', *Forensic Science International: Genetics* (2013).
- M. Larmuseau, 'Kopzorgen over de identiteit van een gemummificeerd hoofd – Genetisch-genealogisch onderzoek weerlegt eerdere identificatie die hoofd toeschreef aan Franse koning Henri IV', *Vlaamse Stam*, 49:6 (2013) 490–495.
- M. Larmuseau e.a., 'Genetic genealogy reveals true Y haplogroup of House of Bourbon contradicting recent identification of the presumed remains of two French kings', *European Journal of Human Genetics*, 22:5 (2013) 681–687.
- M. Larmuseau e.a., 'Low historical rate of cuckoldry in a Western European human population traced by Y-chromosome and genealogical data', *Proceedings of the Royal Society B* (2013). (raadpleegbaar via: <http://rspb.royalsocietypublishing.org/content/280/1772/20132400>).
- M. Larmuseau, 'Weinig Vlaamse 'koekoekskinderen in de laatste 400 jaar – juridische stambomen komen nagenoeg overeen met de biologische', *Vlaamse Stam*, 50:1 (2014) 1–3.
- M. Larmuseau, 'Een Nederlands knekelveld als DNA-archief – De betekenis van het archeologisch DNA-onderzoek in Noord-Brabant voor genetische genealogie', *Vlaamse Stam*, 50:4 (2014) 309–311.
- N. Arts (red.), *Een knekelveld maakt geschiedenis. Het archeologisch onderzoek van het koor en het grafveld van de middeleeuwse Catharinakerk in Eindhoven, 1200–1850* (Utrecht 2013).
- M. Larmuseau, 'Zit er een Viking in uw familiegeschiedenis?', *Vlaamse Stam*, 50:5 (2014) 409–411.

Internet

- www.familiekunde-vlaanderen.be
- www.dna-benelux.eu
- www.familienamen.be
- www.eupedia.com/europe/origins
- www.wikipedia.org
- <https://genographic.nationalgeographic.com>

Biografie

Drs. Marc Van den Cloot (° Borgerhout 30 augustus 1946) is handelingenieur en Master of Business Administration (KU Leuven). Hij was werkzaam bij Ford Motor Compagny in Antwerpen (1969–1882) en werd later directeur van Huize Walden vzw, een nursingtehuis voor fysiek gehandicapte volwassenen in Westmalle (1982–2009). Sinds 1980 is hij actief als medestichter en bestuurder van de Heemkundige Kring van Malle. Verder stichtte hij in 1985 de vzw Domein de Renesse, waarvan hij ook de eerste voorzitter en bestuurder is. Momenteel is hij ook voorzitter van Familiekunde Kempen vzw en Familiekunde Vlaanderen vzw. Daarbinnen fungeert hij als initiatiefnemer en projectleider van de DNA-projecten. Tot slot is hij ook actief binnen diverse andere heemkundige en genealogische verenigingen o.m. Heemkunde Vlaanderen (email: marc.vandencloot@telenet.be).

Leeswijzer 1:

Overzicht van de ontwikkeling van het DNA-onderzoek

1953: bepaling van de chemische DNA-structuur door de Britten Francis Crick (1916–2004), Rosalind Franklin (1920–1958) en Maurice Wilkins (1916–2004) en de Amerikaan James Watson (° 1928). Voor hun ontdekking ontvingen ze samen de Nobelprijs in 1962, behalve Franklin, die in 1958 overleed.

1975: de Brit Frederick Sanger (1918–2013) ontwikkelde een methode om de volgorde van de nucleotiden te bepalen. Dat leverde hem in 1980 een tweede Nobelprijs voor Scheikunde op,¹⁸ samen met de Amerikaan Walter Gilbert (° 1932). Deze methode, *sequencing*, is nu de standaardmethode in de moleculaire biologie en wordt intens gebruikt om de verwantschap tussen mensen te bepalen. Dat 'lezen' van de DNA-sequentie was erg tijdrovend.

1985: ontwikkeling van een machine die *sequencing* volledig automatiseert. Van dan af ging het snel. Genetici focusten op het ontrafelen van het genoom, het totale DNA van organismen. Van ééncelligen stapte men in relatief korte tijd over op hogere levensvormen.

1990 en volgende jaren: opkomst van de **genografie**: de studie van het ontstaan en de verspreiding van de mensheid over de wereld. Het onderzoek steunde op het mitochondriaal DNA (mtDNA) dat in moederlijke lijn vererft. Het bevestigde de stelling van paleontologen en archeologen dat de wieg van de moderne mens, homo sapiens, in Oost-Afrika stond. Naarmate de resultaten talrijker en preciezer werden, kon men de migratie van een beperkte groep mensen 'Out of Africa' circa 50.000 à 60.000 jaar geleden situeren. Aanvankelijk trokken die langs de kusten en later het Aziatische binnenland in. Door het koude klimaat, met een lagere zeespiegel tot gevolg, konden ze via de zuid-oost-Aziatische eilandenarchipels Australië bevolken. Ongeveer 40.000 jaar geleden bereikte de moderne mens Europa.

Einde jaren 1990: men ontdekt de mogelijkheden die de Y-chromosoom bood. Die vererft uitsluitend via de vaderlijke lijn en is door zijn kenmerkende STR-mutaties een hulpmiddel om de verwantschap tussen mannen te bepalen.

2001: het menselijk genoom is volledig in kaart gebracht.

Rond 2005: ontstaan van de **genetische-genealogie**, een nieuwe benadering die genetische DNA-analyse met klassiek genealogisch bronnenonderzoek combineert. Zij kan verwantschap aantonen via de STR- of herhalingsmutaties van de Y-chromosoom.

2005–2010: lancering van het International Genographic Project van de Amerikaan dr. Spencer Wells. Hij wilde wereldwijd 100.000 mannen onderzoeken, waarvan 10.000 in Europa. Het project, standaard uitgevoerd op 12 STR-merkers, liep vertraging op en de resultaten zijn slechts partieel beschikbaar.

2007–2008: start van het Nederlandse project 'Zonen van Adam',¹⁹ het eerste genetisch-genealogisch project in Europa. Het onderzocht eerst 16 en later 17 STR-merkers.

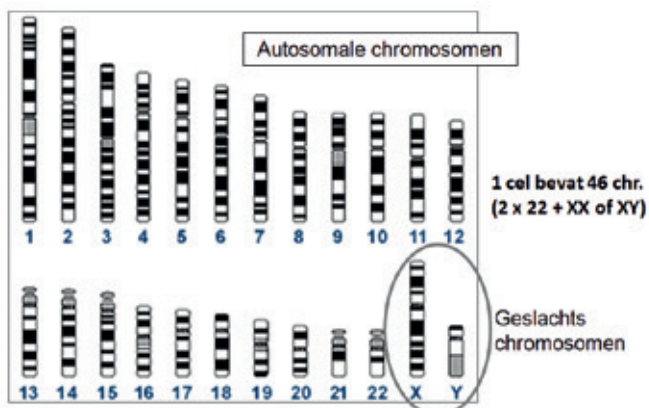
18 De eerste (1958) bekroonde het onderzoek van eiwitstructuren, meer bepaald van insuline.

19 Het project 'Zonen van Adam' werd naar aanleiding van het 125-jarig bestaan van het Koninklijk Nederlandsch Genootschap voor Geslacht- en Wapenkunde gelanceerd in samenwerking met de Nederlandse Genealogische vereniging en de Zuid-Hollandse Vereniging voor Genealogie 'Ons Voorgeslacht'. De resultaten werden gepubliceerd in: Barjesteh van Waalwijk van Doorn-Khosrovani e.a., *Zonen van Adam in Nederland – Genetische genealogie: een zoektocht in ons DNA-archief* (Rotterdam en Gronsveld 2008). Een tweede deel is nog niet klaar.

2009 tot heden: Familiekunde Vlaanderen lanceert het project 'DNA Brabant' en aansluitend het project 'DNA België' op 37, later 38 STR-merkers, uitgevoerd door de KU Leuven (team prof. R. Decorte). Het DNA-project loopt nog steeds door onder de benaming **DNA Benelux**.

Leeswijzer 2: Wat is DNA en hoe verloopt het onderzoek?

DNA bestaat uit een *dubbele helix* opgebouwd uit slechts vier chemische stoffen: **Adenine**, **Cytosine**, **Guanine** en **Thymine** die we **nucleotiden** noemen. Hun volgorde bepaalt de erfelijke aanleg van alle levende wezens. DNA bevat alle informatie voor de bouw van onze cellen, eiwitten en organen. De 20.687 **genen** (minder dan 3 % van het totale DNA) geven de erfelijke kenmerken van vader en moeder van generatie op generatie door via onze 46 chromosomen (23 paren). Daarvan bepalen er 44 (de autosomen) onze lichamelijke en intellectuele eigenschappen en twee uitsluitend ons geslacht. De man heeft een X- en een Y-chromosoom (XY), de vrouw twee X-chromosomen (XX).



De mens heeft 46 chromosomen: 44 autosomen en 2 geslachtschromosomen.

Elke **chromosoom** bestaat uit een dubbele spiraal DNA waarvan elke streng ca. 1 miljard nucleotiden telt. De vier nucleotiden duidt men aan met hun beginletters A, C, G en T. Zij vormen vaste koppels: A-T en C-G. De genetici lezen de DNA-sequentie, de volgorde van de nucleotiden, af op de onderzochte genlocaties of **merkers** (in ons project 38) en bepalen zo van elk individu het **haplotype**.

In onze cellen bevinden zich twee soorten DNA: kern-DNA of **Y-DNA** en mitochondriaal DNA (**mtDNA**) dat enkel via de vrouw wordt doorgegeven. Bij de celdeling ontdebelt het DNA zich en vormt een complementaire kopie van zichzelf. Tijdens dit reproductieproces treden er fouten op: **mutaties**, die bij de volgende kopieersessie worden doorgegeven. Er zijn twee soorten mutaties²⁰. De **puntmutatie** (**SNP** of snip) is zo zeldzaam dat ze slechts één maal in de menselijke evolutiegeschiedenis voorkomt op die bepaalde locatie. Omdat ze zowel bij mannen als vrouwen opduikt, is ze uiterst geschikt om de menselijke migratie vanuit de bakermat Afrika over de gehele wereld te bestuderen. Die benadering noemt men de **genografie**. Dat opent perspectieven voor de studie van de regionale en lokale geschiedenis.

²⁰ Enkel bij mannen zijn er herhalingsmutaties of STRs (Short Tandem Repeats) die de basis vormen van de verwantschapsvergelijking, bij vrouwen bestaan deze niet. De veel zeldzamere puntmutaties (SNP, Singular Nucleotide Polymorphisms of snips) komen bij beiden voor.

erf!