

- Eos Gastblog - <http://www.scilogs.be/eos-gastblog> -

Gen-iaal Vlaanderen

Posted By *Eos Gastblog* On 27. februari 2015 @ 12:58 In Genetica | [No Comments](#)

Op maandagavond 22 oktober 2012 kwamen meer dan 150 genodigden en geïnteresseerden samen in het Romeins Archeologisch Museum (RAM) in het West-Vlaamse Oudenburg. Onder de belangstelling van een nationale televisieploeg en verschillende journalisten en fotografen kreeg een vijftigtal Oudenburgse mannen steriele wattenstaafjes aangereikt. Deze op voorhand zorgvuldig geselecteerde mannen mochten met de wattenstaafjes stevig aan de binnenkant van hun wangen wrijven. Op die manier werd hun DNA verzameld, net als dat van honderden andere families uit Tongeren, Alken, Idegem, Velzeke en Snellegem. In het onderzoek georganiseerd door de KU Leuven en in samenwerking met tal van vrijwilligers van Familiekunde Vlaanderen, met de Universiteit Gent en drie Vlaamse archeologische musea, trachtte men het 'genetisch erfgoed' binnen Vlaamse gemeenten in kaart te brengen en dit te vergelijken met het erfgoed op regionale schaal. Na drie jaar hard zwoegen in het archief en in het genetisch laboratorium worden de resultaten van dit uniek project in februari 2015 bekend gemaakt via een wetenschappelijke publicatie in het vaktijdschrift *Heredity*. Door hun verrassende inzichten in genetische genealogie en in de historische genetische diversiteit binnen West-Europese steden en dorpen, hebben deze resultaten internationaal weerklank.

Het interessante Y van de man

Ieder van ons heeft in elk van zijn cellen een levend archiefdocument, namelijk het DNA, dat een uniek beeld kan geven zowel over de evolutie van de mens als over de geschiedenis van de eigen voorouders. Het 'genetisch erfgoed' van een groep mensen uit een continent, land, regio of zelfs dorp biedt hierdoor inzichten in de evolutie en in de geschiedenis van die bepaalde populatie. Genetische diversiteit linken aan evolutionaire en geschiedkundige feiten is echter een zware klus. Gelukkig hebben genetici enkele 'trucjes' om dit eenvoudiger te realiseren. Eén van deze trucs is de studie van het mannelijk Y-chromosoom. Het is een uniek stukje DNA doordat het enkel via de vader wordt doorgegeven, in tegenstelling tot de rest van het genoom dat een combinatie is van het DNA van beide ouders. Door de sterke koppeling met de familienaam en genealogie in directe paternale lijn kan men bovendien het traject van de Y-chromosomale variant van de DNA-donor in ruimte en tijd volgen sinds erfelijke familienamen in gebruik raakten (in Vlaanderen vanaf de late middeleeuwen). Om de genetische diversiteit en de biologische verwantschap tussen paternale lijnen op het ogenblik van de aanneming van een erfelijke familienaam te bestuderen binnen Vlaamse gemeenten, werd een genetisch genealogisch onderzoeksproject georganiseerd door de KU Leuven in samenwerking met Familiekunde Vlaanderen. Het Vlaamse genetisch erfgoed werd geanalyseerd bij honderden families uit zes gemeenten in combinatie met uitgebreid familienaam- en stamboomonderzoek. Hiervoor werden de gemeenten Oudenburg en Snellegem in West-Vlaanderen, Velzeke en Idegem in Oost-Vlaanderen, en Tongeren en Alken in Limburg geselecteerd. Deze koppels van gemeenten zijn geografisch gescheiden waarbij in

elk koppel een gemeente aanwezig is waar al tijdens het Romeinse rijk een nederzetting was – namelijk Oudenburg, Velzeke en Tongeren – alsook een gemeente die pas continue bewoning kende sinds de vroege middeleeuwen – namelijk Snellegem, Idegem en Alken. In het verleden was elk dorp of elke stad een kleine gemeenschap met een beperkt aantal familienamen. Hierdoor is het mogelijk dat toeval en/of de specifieke oorsprong en geschiedenis van de gemeente een sterke invloed hebben gehad op de genetische varianten aanwezig in families die al eeuwen in datzelfde dorp of diezelfde stad wonen. Door deze geselecteerde steden en dorpen onderling te vergelijken, werd het mogelijk om de geografische en historische factoren die het genetisch erfgoed op het niveau van een gemeente zouden kunnen bepalen in detail te bestuderen. Een dergelijk uniek project waaraan het brede publiek samen met wetenschappers uit diverse disciplines aan meewerkte maakte het daardoor mogelijk de genetische differentiatie in tijd en ruimte te bestuderen alsook de demografische evolutie sinds de aanname van de erfelijke familienamen in de 13de-14de eeuw.



De boerendans van Pieter Bruegel de Oude (circa 1569). Op basis van DNA-onderzoek weten we nu dat het leven tijdens de late middeleeuwen zich niet alleen 'onder de kerktoren' afspeelde.

Terug naar de late middeleeuwen

Voor elke geselecteerde gemeente werd met de hulp van vele vrijwilligers gezocht naar een 50-tal 'authentieke' families. De aldus bekomen groep van families zou op basis van archiefdocumenten in directe mannelijke lijn representatief zijn voor de populatie ten tijde van

de eerste noteringen van familienamen in die gemeente in de 14de-16de eeuw. De eerste stap in de selectie van deze families was om voor elke gemeente en regio op zoek te gaan naar familienamen die reeds in de late middeleeuwen waren genoteerd in archiefdocumenten. Daarvoor werden er vele (buiten)poorterslijsten, penningkohieren, ommelopers en gichten (allerlei documenten en registers) grondig bestudeerd. Vervolgens was het zoeken naar mannen met een authentieke familienaam van wie de oudste bekende voorvader rond 1600 in dezelfde gemeente woonde, of - als de documenten ontbraken - toch zeker voor de start van de industriële revolutie rond 1800. Uiteraard mochten potentiële DNA-donoren hun familienaam niet verkregen hebben via adoptie of via een maternale voorouder doordat een dergelijk feit een breuk betekende in de link tussen de familienaam en het Y-chromosoom. Indien er geen sprake was van adoptie of van een maternale voorouder die de naam doorgaf, bleek op basis van eerder genetisch onderzoek dat de link tussen familie en genealogie met het Y-chromosoom wel sterk genoeg is, ondanks de vele 'fabeltjes van de melkboer en de postbode ^[1]', waar ik het eerder over had. Om alle DNA-donoren te vinden en om voor elk van hen een uitgebreide stamboom uit te werken werd beroep gedaan op tal van vrijwilligers, maar ook vele DNA-donoren gingen zelf mee op zoek naar sporen van hun voorouders in de Belgische rijksarchieven en in de archieven van Familiekunde Vlaanderen. Zo was dit project een sterk staaltje van 'citizen science ^[2]' waarbij het brede publiek wordt ingeschakeld in wetenschappelijk onderzoek. De Y-chromosomen van alle geselecteerde DNA-donoren werden geanalyseerd in het genetisch laboratorium en met elkaar vergeleken. Op basis van 110 puntmutaties, de zogenoemde Y-SNPs ^[3], werd de specifieke evolutionaire lijn - of haplogroep ^[4] - in detail bepaald voor elk individu. Op basis van de 42 merkers met herhalingsmotieven, de zogenoemde Y-STRs ^[5], kon daarnaast ook de familiale lijn - of het haplotype - worden bepaald die de genealogische relaties tussen de deelnemers binnen elke evolutionaire lijn verder onderzocht. Hieruit was het ook mogelijk om via de mutatiesnelheden van de Y-STRs het tijdstip van de meest recente gemeenschappelijke voorouder tussen twee mannen binnen eenzelfde haplogroep te bepalen.



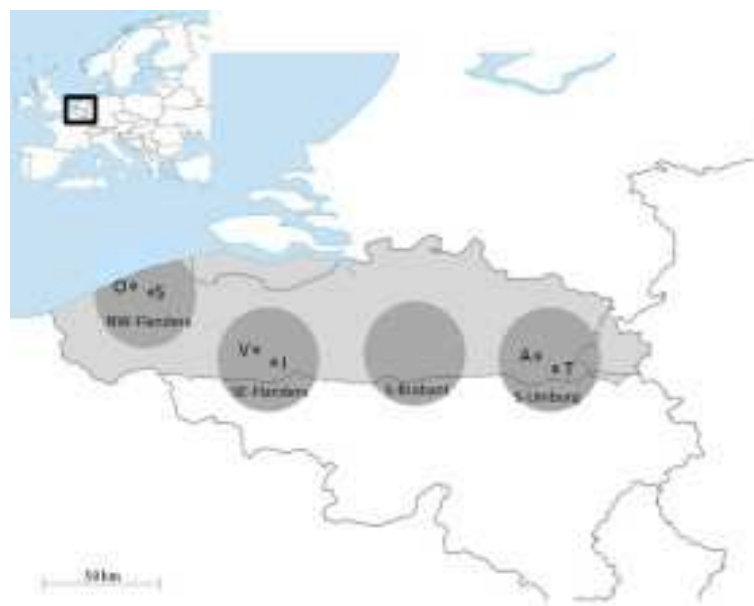
[6]

DNA-donoren tijdens de staalname-avond van het Romeins DNA-project in het Gallo-Romeins Museum in Tongeren op 22 november 2012.

Verwantschappen tussen familienamen

De eerste getoetste hypothese in de studie was of de biologische/genetische verwantschap

tussen twee 'authentieke' paternale stamlijnen uit eenzelfde gemeente gemiddeld sterker was dan tussen twee willekeurige stamreeksen uit eenzelfde regio (gedefinieerd als cirkel met een straal van 30 km) of uit heel Vlaanderen. Hiervoor werden de verwantschappen berekend tussen alle DNA-donoren binnen de zes geselecteerde gemeenten en vier regio's, alsook tussen andere DNA-donoren uit het grotere genetisch genealogisch project [7] met Familiekunde Vlaanderen, die geselecteerd werden op basis van hun paternale stamreeks en de 'authenticiteit' van hun familienamen voor Vlaanderen.



[8]

Kaart van het studiegebied in het Romeins DNA-project. De lichtgrijze regio representeert Vlaanderen inclusief de aangrenzende delen van de Nederlandse provincies Zeeland en Limburg; de donkergrijze regio's zijn de vier gedefinieerde regio's met straal 30 km, namelijk noordelijk West-Vlaanderen, zuidelijk Oost-Vlaanderen, zuidelijk Brabant en zuidelijk Limburg. De zwarte punten zijn de geselecteerde gemeenten, namelijk Oudenburg, Snellegem, Velzeke, Idegem, Alken en Tongeren.

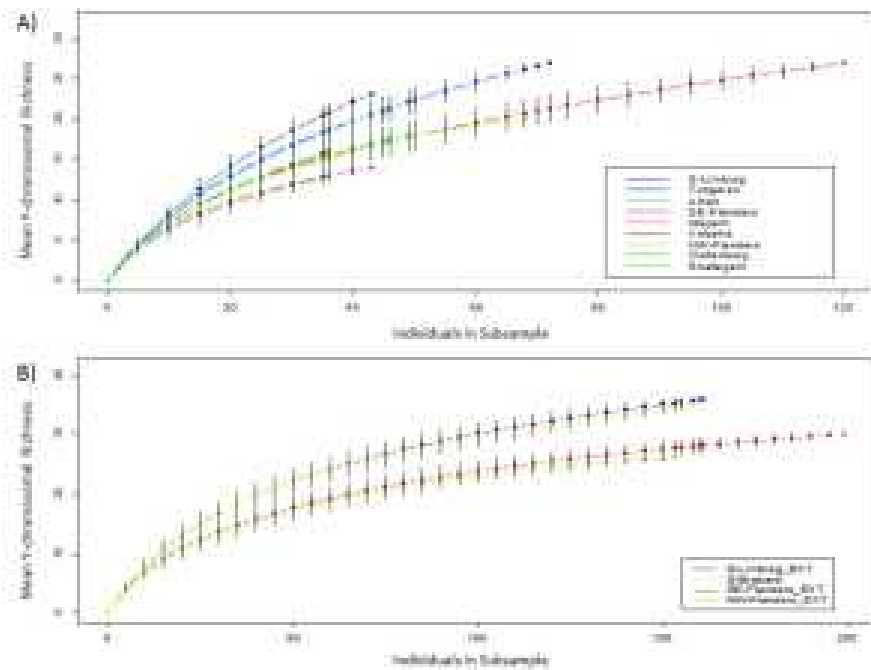
Opvallend was dat wanneer biologische verwantschap op het Y-chromosoom werd vastgesteld tussen DNA-donoren in het hele project, dit voor de grootste meerderheid reeds eerder werd verwacht op basis van een bekende gemeenschappelijke voorvader of op basis van een identieke familienaam (of spellingsvariant). Tussen families zonder soortgelijke familienaam of bekende gemeenschappelijke voorvader was de kans dat twee willekeurige authentieke paternale lijnen van een dorp of stad paternaal verwant waren op een tijdschaal van een millennium echter verrassend laag (0,35%; $\pm 0,16$). Deze uitkomst was niet significant hoger dan de kans voor biologische verwantschap tussen twee willekeurige authentieke paternale lijnen in een regio (0,22%, $\pm 0,05$). De kans dat twee willekeurige authentieke families uit de volledige regio Vlaanderen verwant waren, was echter op basis van statistische berekeningen wel significant lager (0,14% $\pm 0,02$).

De biologische verwantschap tussen de authentieke familielijnen binnen de zes geselecteerde gemeenten was dus verrassend laag. Deze vaststelling is heel relevant voor genealogen die via genetische genealogie andere families proberen te vinden waarmee ze verwant zouden zijn op een historische tijdschaal. Eerder werd al vastgesteld dat mannen de laatste vier eeuwen gewoonlijk in de buurt bleven wonen van de plaats waar ze opgroeien.

Samen met collega's van de universiteiten van Leuven en Gent besluiten we daarom uit de genetische gegevens dat de aanname van familienamen in de Vlaamse dorpen en steden een langdurig proces is geweest dat verschillende decennia heeft geduurd en dat verschillende gebeurtenissen in die periode gezorgd hebben voor een grote hoeveelheid migratie zodat de verwantschap tussen de authentieke paternale lijnen dermate laag is. Dat migratie in hoge mate aanwezig was tijdens de periode dat de erfelijke familienaam aangenomen werd in Vlaanderen, wordt trouwens duidelijk geïllustreerd met een andere vaststelling in het Romeins DNA-project: drie DNA-donoren met zeer soortgelijke familienamen maar authentiek voor Oudenburg, Velzeke en Idegem bleken op basis van hun Y-chromosomen biologisch aan elkaar verwant te zijn met een gemeenschappelijke voorvader binnen een periode van 1000 jaar. Deze observatie, die (uiteraard) door geen enkele genealoog uit de drie regio's kon worden vermoed, toont duidelijk de connectiviteit aan ten tijde van de late middeleeuwen, althans binnen het toenmalige gebied dat het huidige Oost- en West-Vlaanderen omvat.

Genetische verschillen tussen Vlaamse gemeenten

De tweede getoetste hypothese in de studie was of de genetische diversiteit in een dorp of stad tijdens de late middeleeuwen minder groot was dan gedacht. Om deze hypothese statistisch te toetsen werden zogenaemde '[rarefactiecurves](#) ^[9]' opgesteld. Dat is een specifieke statistische maatstaf die het mogelijk maakt om de hoeveelheid genetische diversiteit te vergelijken tussen staalnames die niet even groot zijn. Hiermee kon de genetische diversiteit in Y-chromosomale evolutionaire lijnen tussen de geselecteerde gemeenten en de regio's vergeleken worden. Hieruit bleek dat de bevolking in het westen van het huidige Vlaanderen een beduidend lagere Y-chromosomale diversiteit bezat dan de populaties in het oosten. Dit was verrassend aangezien men het omgekeerde zou vermoeden door de grotere migratiemogelijkheden (en dus meer 'open' grenzen) via de zee dan via het binnenland. Ondanks de rijke geschiedenis met vele migraties, handelsmissies en invallen van onder andere Franken, Friezen en Vikingen in de kustregio, blijken populaties in Brabant en Limburg toch een hogere graad aan Y-chromosomale lijnen te hebben. Deze trend is ook duidelijk zichtbaar wanneer men naar het niveau van dorpen en steden kijkt, aangezien de West- en Oost-Vlaamse gemeenten in de late middeleeuwen een veel lagere diversiteit kenden dan de twee Limburgse gemeenten. De resultaten tonen aan dat de populaties van Brabant en Limburg in de late middeleeuwen beïnvloed zijn door een hogere graad aan migratie dan de populaties in West- en Oost-Vlaanderen.



[10]

Rarefactiecurves van de Y-chromosomale diversiteit van A) drie gedefinieerde regio's (NW-Vlaanderen, ZO-Vlaanderen en Z-Limburg) en alle zes geselecteerde gemeenten binnen deze regio's, en B) alle vier gedefinieerde regio's inclusief de zes gemeenten. Op de horizontale as: het aantal individuen in een gemeente/regio; op de verticale as: het gemiddelde aantal Y-chromosomale varianten in een gemeente/regio.

Een volgende opmerkelijke vaststelling is de hoge genetische diversiteit in de zes bestudeerde dorpen en steden die even groot was als in de gedefinieerde regio's. Dit is opvallend wanneer men rekening houdt met de vaststelling dat mensen vaak 'onder de eigen kerktoren bleven' in de voorbije eeuwen, zeker tot voor de start van de industriële revolutie in de 19de eeuw. Uit de resultaten blijkt dat de genetische diversiteit in de late middeleeuwen reeds duidelijk verspreid was over een hele regio en niet verschillend was tussen gemeenten binnen een regio.

Bovendien blijkt niet alleen de grootte van de diversiteit overeen te komen tussen dorp/stad en zijn regio; ook de diversiteit zelf komt volledig overeen. De diversiteit aan Y-chromosomale lijnen die men in een dorp of stad observeert, is wat men verwacht op basis van de geografische positie in Vlaanderen en West-Europa. Met andere woorden: dezelfde frequenties aan evolutionaire lijnen of haplogroepen komen voor in de dorpen en steden als degene in de regio waarin ze zich bevinden. Daardoor vindt men op basis van de zes geselecteerde gemeenten en vier regio's de west-oost gradiënten in haplogroepfrequenties volledig terug die men eerder ook had waargenomen op internationaal niveau. Statistisch kon men vervolgens dan ook aantonen dat de geografie het meeste invloed had op de genetische diversiteit in een dorp of stad en dat de specifieke geschiedenis van de nederzetting geen enkele invloed had in de genetische diversiteit van de paternale lijnen. Er werd immers geen significant verschil gevonden tussen de gemeenten die al in de tijd van het Romeinse Rijk

bevolkt waren (Oudenburg, Velzeke en Tongeren) en de andere drie gemeenten die pas in de vroege middeleeuwen permanent bevolkt werden (Snellegem, Idegem en Alken).

Wil dit zeggen dat er tijdens de Romeinse overheersing geen migratie is gebeurd met genetische uitwisseling? Uiteraard niet! Het betekent wel dat indien er relevante genmigratie is geweest in deze periode, deze tussen gemeenten bij de aanneming van de familienamen ten tijde van de late middeleeuwen niet meer te observeren was.

Het gen-iale erfgoed van Vlaanderen

Dit genetisch genealogisch project was internationaal het eerste onderzoek waarbij getracht werd om via genetische markers en genealogische gegevens de historische genetische diversiteit in West-Europese gemeenten en regio's te bestuderen ten tijde van de late middeleeuwen. Hierbij werd het mogelijk om een link te maken tussen biologische, archeologische, historische en demografische gegevens op micro-geografische schaal. Hoewel de voorbije eeuwen mannen gewoonlijk bleven wonen waar ze waren geboren, bleek er een grote diversiteit in Y-chromosomale lijnen in dorpen en steden. Bovendien werd zelden een historische verwantschap gevonden tussen mannen met verschillende familienamen die al in de geselecteerde gemeenten samen voorkwamen sinds de eerste notities van familienamen in archiefdocumenten.

Daarenboven werd er, zoals verwacht zou worden bij een grote graad aan migratie tijdens de periode van aanneming van familienamen, waargenomen dat de verschillen in Y-chromosomale diversiteit tussen gemeenten gerelateerd waren aan hun (onderlinge) geografische posities. De geografische gradiënten in frequenties van de Y-chromosomale haplogroepen die eerder waren geobserveerd op regionale en internationale schaal, bleken ook zichtbaar op de schaal van dorpen en gemeenten.

De oost-westelijke clinale distributie van de Y-chromosomale diversiteit in Vlaanderen is daarom aanwezig op elke geografische schaal ondanks archeologische en historische bewijzen voor een historische genetische discontinuïteit. Deze observatie suggereert daarom dat de populatiegenetische patronen in Vlaanderen en West-Europa zijn beïnvloed door de demografische ontwikkeling in de late middeleeuwen. Maar de meest verrassende vaststelling in het onderzoek was dat de West- en Oost-Vlaamse bevolking historisch veel minder genetische diversiteit herbergden dan deze in Brabant en Limburg ondanks dat er meer migraties (en dus hogere Y-chromosomale diversiteit) verwacht waren langs de 'open' zee dan via het binnenland. Hoe dan ook, interdisciplinaire discussies en verder genetisch-genealogisch onderzoek zullen in de toekomst zeker georganiseerd worden om het gen-iale erfgoed in Vlaanderen ten volle te begrijpen!

Auteur

Dr. Maarten Larmuseau is FWO-postdoctoraal onderzoeker aan de KU Leuven; Laboratorium van Forensische Genetica en Moleculaire Archeologie.

Dankwoord

Oprechte dank aan alle honderden DNA-donors van het Romeins DNA-project. Met speciale

dank aan volgende vrijwilligers: Marc van den Cloot (Familiekunde Vlaanderen – FV), dr. Valerie Vermassen (FV), Marcel Desmedt (FV), Carlos Aelvoet (FV), William Dehenau (FV), Annemie Swillens (FV), Hugo Buts (FV), Werner Peene (Gestella), Steven Vandewal (Stadsarchief Tongeren), Freddy De Chou (Gerardimontium), Jaak Heeren (Geschiedkundige Kring Alken – GKA), Jos Grosemans (GKA), Maurice Smeers (GKA), Marcel Cock, dr. Luc van Durme, Guido Creemers (Gallo-Romeins Museum Tongeren), Danny Lamarcq (Stad Zottegem), Jean-Luc Meulemeester (RAM Oudenburg), Marc De Ruyver, dr. Wouter Dhaeze (stad Oudenburg), Prof. dr. Brigitte Meijns (KU Leuven), drs. Nele A.M. Boon (KU Leuven), Nancy Vanderheyden (UZ Leuven), drs. Anneleen Van Geystelen (KU Leuven), dr. Hendrik F.M. Larmuseau (KU Leuven), Prof. dr. Koen Matthys (KU Leuven), Prof. dr. Wim De Clercq (Universiteit Gent), Prof. dr. Ronny Decorte (KU Leuven), dr. Janne Swaegers (KU Leuven), dr. Maarten Baumers (KU Leuven), drs. Gilles Defraene (KU Leuven), Prof. dr. Tom Wenseleers (KU Leuven), Michelle Panting, Marie Boz & Lucrece Lernout. Het Romeins DNA-project is mede tot stand gekomen dankzij de financiële ondersteuning van het Fonds Wetenschappelijk Onderzoek (FWO-Vlaanderen), Provincie Limburg, KU Leuven en de gemeente Jabbeke.

Geïnteresseerd in dit onderzoek? Meer informatie over de resultaten van het Romeins DNA-project vindt u in het wetenschappelijke artikel 'High Y-chromosomal diversity and low relatedness between paternal lineages on a communal scale in the Western European Low Countries during the surname establishment' (Larmuseau et al.). Het artikel is verschenen in het internationaal vaktijdschrift 'Heredity' en is ook online beschikbaar of persoonlijk te verkrijgen via de auteur (maarten.larmuseau@bio.kuleuven.be).

Article printed from Eos Gastblog: <http://www.scilogs.be/eos-gastblog>

URL to article: [/eos-gastblog/gen-iaal-vlaanderen/](http://www.scilogs.be/eos-gastblog/gen-iaal-vlaanderen/)

URLs in this post:

[1] fabeltjes van de melkboer en de postbode: <http://www.scilogs.be/eos-gastblog/het-fabeltje-van-de-melkboer-en-de-postbode/>

[2] citizen science: <http://eoswetenschap.eu/citizenscience>

[3] SNPs: http://nl.wikipedia.org/wiki/Enkel-nucleotide_polymorfie

[4] haplogroep: <http://nl.wikipedia.org/wiki/Haplogroep>

[5] Y-STRs: <http://en.wikipedia.org/wiki/Y-STR>

[6] Image: <http://www.scilogs.be/eos-gastblog/files/Illustratie-2.jpg>

[7] grotere genetisch genealogisch project: <http://eoswetenschap.eu/citizenscience#historisch>

[8] Image: <http://www.scilogs.be/eos-gastblog/files/Illustratie-3.jpg>

[9] rarefactiecurves: [http://en.wikipedia.org/wiki/Rarefaction_\(ecology\)](http://en.wikipedia.org/wiki/Rarefaction_(ecology))

[10] Image: <http://www.scilogs.be/eos-gastblog/files/Illustratie-4.jpg>

Copyright © 2015 Blogportaal voor wetenschap. All rights reserved.