

GEN-IAAL ERFGOED IN REGIO IDEGEM

Romeins DNA-project brengt genetische diversiteit in Vlaanderen tijdens de late middeleeuwen in kaart waaronder de regio Idegem

(deel 1)

Dr. Maarten H.D. LARMUSEAU¹
William DEHENU, Annemie SWILLENS²
& Freddy DE CHOU³

Op vrijdagavond 26 oktober 2012 waren vele genodigden en geïnteresseerden in heemkunde en genealogie samengekomen in het vormingscentrum voor natuur- en milieueducatie 'De Helix' te Grimminge. Op deze avond werden er steriele wattenstaafjes aan een twintigtal mannen met genealogische wortels in Idegem of onmiddellijke omgeving 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 voor het Romeins DNA-project. In dit project, georganiseerd door de KU Leuven, tracht men het genetisch erfgoed binnen zes Vlaamse gemeenten in kaart te brengen. Regio Idegem was dankzij zijn goed gekende (demografische) geschiedenis en genealogische gegevens geselecteerd voor het project. Na twee jaar hard zwoegen in het archief en in het genetisch laboratorium zijn de resultaten ervan eindelijk bekend. Deze resultaten hebben internationaal weerklank door hun verrassende inzichten in de historische genetische diversiteit binnen West-Europese steden en dorpen

Wat is genetisch erfgoed?

DNA is een wonderlijke molecule die de blauwdruk is van elk levend wezen. DNA is de afkorting van *deoxyribonucleic acid* (in het Nederlands 'desoxyribonucleïnezuur') en is de drager van alle erfelijke kenmerken van een individu. De vorm van de DNA-molecule is de beroemde dubbele helix: twee aan elkaar verbonden en in elkaar vervlochten strengen van DNA-bouwstenen of nucleotiden (Figuur 1). Er bestaan vier soorten van nucleotiden en alle erfelijke informatie zit vervat in de volgorde van deze bouwstenen. Het DNA zelf is stevig verpakt in de vorm van chromosomen die in de kern van elk van de honderd biljoen cellen van een mens zitten. In totaal zitten er bij de mens 46 chromosomen in elke cel. Eigenlijk gaat het om 23 paar chromosomen want we heb-

ben alle genetische informatie in tweevoud: we erven een volledige set chromosomen van onze vader en een andere volledige set van onze moeder. Alle chromosomen van een individu samen vormen het genoom. Sinds 2001 kunnen we de volledige volgorde van de in totaal 3,1 miljard DNA-bouwstenen van een menselijk genoom aflezen maar lezen is echter nog niet ten volle begrijpen. Er bestaan immers verschillen tussen de genomen van mensen onderling en het zal nog decennia tijd vergen vooraleer genetici de variatie tussen mensen zullen kunnen interpreteren. Als de code van het genoom tussen mensen onderling wordt vergeleken, blijkt dat de variatie in totaal ongeveer 0,1% bedraagt. Hoewel dit relatief laag lijkt te zijn, zorgen deze verschillen er wel voor dat elke mens genetisch uniek is. Genetici trachten steeds verder inzicht te

verwerven wat die variatie betekent maar ook hoe genetische varianten ontstaan zijn en verspreid zijn geraakt over de menselijke soort.

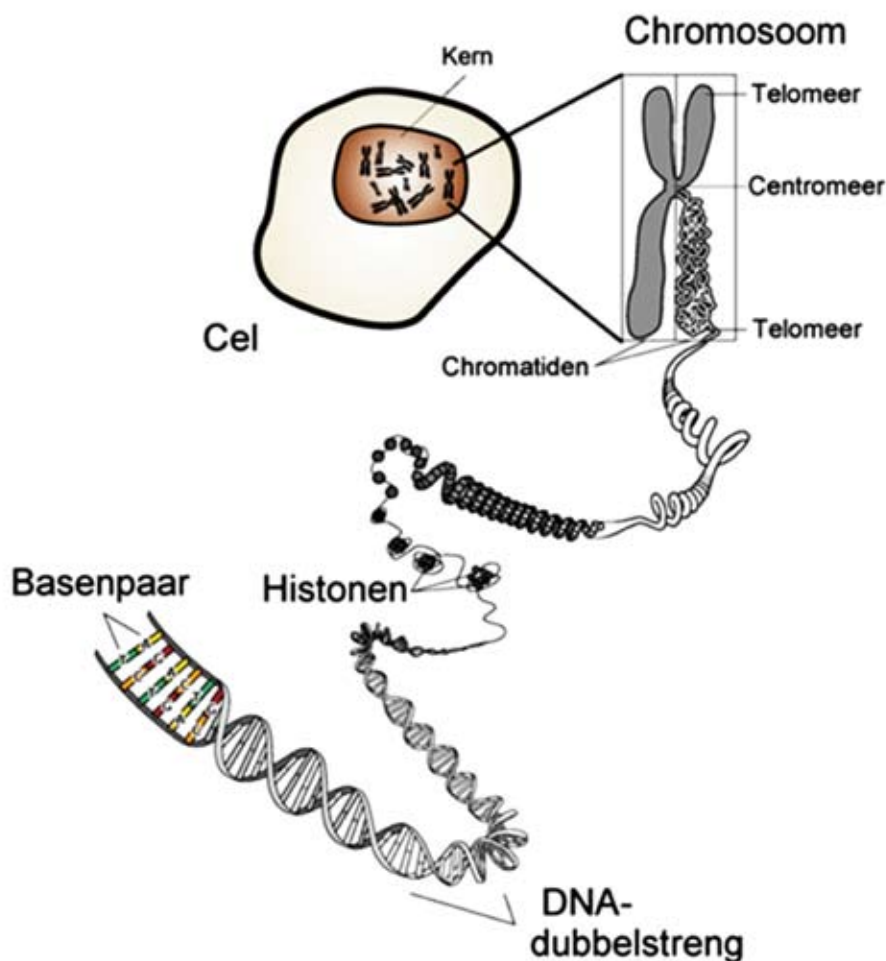
Wanneer we de genetische variatie tussen mensen vergelijken is het mogelijk om patronen vast te stellen die gelinkt kunnen worden aan de evolutie van de mens. Zo is de genetische variatie nergens zo groot als in Afrika waar de *Homo sapiens* ontstaan is en waar genetische variatie de meeste tijd heeft gehad om op te bouwen. Evolutionaire genetici trachten op basis van zoveel mogelijk beschikbare genetische data dergelijke patronen te ontrafelen die ons zicht kunnen geven in de evolutie en geschiedenis van de humane populatie. Evolutionaire en historische gebeurtenissen hebben immers via onze eigen voorouders vaak een signatuur achtergelaten in onze genomen. Ieder van ons

Met medewerking van ¹ KU Leuven, Laboratorium van forensische genetica en moleculaire archeologie, Kapucijnenvoer 33, 3000 Leuven; maarten.larmuseau@bio.kuleuven.be; ² Familiekunde Vlaanderen afdeling Aalst en ³ Gerardimontium.

heeft daarom in elk van zijn cellen een levend archiefdocument dat een uniek beeld kan geven over zowel de evolutie van de mens alsook 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. Het genetisch erfgoed is daarom *gen*-iaal en is als roerend erfgoed té waardevol om niet in detail te bestuderen en te ontsluiten binnen elk erfgoedkundig instelling of organisatie.

Het Y van de man

Genomische diversiteit linken aan evolutionaire en geschiedkundige feiten is een immens zware klus. Gelukkig hebben genetici enkele 'trucs' om dit te realiseren. Eén van deze trucs is de studie op het mannelijk Y-chromosoom. Het Y-chromosoom is het geslachtsdeterminerende chromosoom bij de mens en wordt doorgegeven van vader op zoon. Het is een uniek stukje DNA doordat het maar door één ouder wordt doorgegeven, in tegenstelling tot de rest van het genoom. Doordat er nu en dan foutjes sluipen in de genetische code tijdens het doorgeven van het Y-chromosoom, kunnen verschillende Y-chromosomale 'lijnen', de zogenaamde haplogroepen, worden gedefinieerd. Al deze Y-chromosomale lijnen kunnen in een genetische stamboom worden weergegeven en zijn onafhankelijk van elkaar geografisch verspreid waardoor ieder deel van het Europees continent dan ook zijn eigen specifieke set aan haplogroepen heeft. Dit gegeven is bijzonder interessant om de genetische erfenis van historische migraties in een bepaalde populatie te achterhalen. Zo werd in Vlaanderen reeds de genetische erfenis van migraties vanuit Noord-Frankrijk ten tijde van de godsdienstoorlogen op het einde van de zestiende eeuw via



Het erfelijk materiaal ligt in het DNA, dat in chromosoomstrengen gebundeld zit. (Bron: www.wikipedia.be)

het Y-chromosoom gedetecteerd (zie Box 1). Bovendien is het Y-chromosoom (tot voor kort ook in België) gekoppeld aan de familienaam en kan men via genealogische gegevens in directe paternale lijn het traject van de Y-chromosomale variant van de DNA-donor in ruimte en tijd volgen gedurende de laatste vierhonderd jaar. Naast de evolutionaire lijn of haplogroep, kan men ook het haplo-type van een Y-chromosoom bepalen. Door snel variërende mutaties op het Y-chromosoom te bepalen, kan men tussen mannen van een zelfde haplogroep inschatten wanneer hun meest recente gemeenschappelijke voorvader (MRCA) heeft geleefd. Dit maakt het mogelijk om de biologische ver-

wantschap tussen mannen uit een zelfde regio te bestuderen, alsook om de juridische verwantschap te verifiëren tussen mannen die een zelfde familienaam en/of juridische gemeenschappelijke voorvader hebben. Ondanks de relatief beperkte lengte in vergelijking met de andere humane chromosomen, biedt het Y-chromosoom van de man door de combinatie van een genetische merker en genealogisch gegevens een unieke mogelijkheid om in het verleden terug te kijken en om een reconstructie te maken van de historische genetische variatie in een bepaalde regio.

In de naam van de Franse vader - Genetisch aanwijzingen voor een 16^{de}-eeuwse migratie van Noord-Frankrijk naar Vlaanderen

Tussen 1570 en 1600 kende de regio die we vandaag als 'Vlaanderen' kennen een sterke bevolkingsafname als gevolg van oorlogsgeweld, ziektes en emigraties naar onder andere Holland, Engeland en Duitsland. Deze emigraties hadden voornamelijk godsdienstige en economische redenen. Vele Vlaamse families waren protestants en na de val van Antwerpen in 1585 werden deze door de landvoogd van de Nederlanden, Alexander Farnese, aangezet om het katholieke Vlaanderen te verlaten. Op basis van archiefdocumenten kan worden berekend dat de bevolkingscijfers met 30% tot 50% daalden tussen 1570 en 1600, regionale verschillen in acht genomen. In sommige streken zoals in de Denderstreek wordt de terugval zelfs op twee derde geschat. Door deze ontvolking in Vlaanderen kwamen heel wat steden, dorpen en hoeven leeg te staan. Als reactie hierop vertrokken heel wat Noord-Franse families om Vlaanderen deels te herbevolken. Er wordt geschat dat in het begin van de zeventiende eeuw ongeveer 10% van de Vlaamse gezinnen van Franse origine waren. Uit die tijd zijn heel wat archiefdocumenten terug te vinden waarin priesters klagen dat ze met grote aantallen van nieuwe parochianen niet meer konden communiceren aangezien deze families enkel een Frans dialect spraken maar na enkele generaties blijken deze gezinnen echter volledig geïntegreerd te zijn geweest in de samenleving. Aangezien de aanleg van parochieregisters pas beslist werd tijdens het Concilie van Trente (1545-1563) en pas definitief ingevoerd werd in de Lage Landen vanaf 1600, zijn er bijgevolg weinig genealogische gegevens te vinden over de periode waarin de migratie plaatsvond. Daartegenover is de overgeërfdde familienaam van vader op zoon in Vlaanderen en Noord-Frankrijk reeds in gebruik van de 13^{de}-14^{de} eeuw. De vele Franse familienamen in Oost- en West-Vlaanderen, al dan niet 'vervlaamst' zoals Ghesquires, Spincemaille, Delanote of Seynaeve, zouden dus het enige restant zijn van de Noord-Franse



Alexander Farnese (1586-1592), hertog van Parma, zette alle Vlaamse protestanten aan te vertrekken uit hun woonplaats waardoor de bevolkingscijfers in Vlaanderen, alsook in de Denderstreek, sterk daalde (Schilderij van Otto van Veen).

immigratie op het eind van de 16^{de} eeuw. Of kan genetica hiervoor een bijkomend bewijs geven?

Dankzij het genetisch-genealogisch project van Familiekunde Vlaanderen en de KU Leuven werden de genealogische gegevens en het DNA van meer dan negenhonderd mannelijke Vlamingen verzameld en geanalyseerd. Aan de hand van een uitgebreid stamboom- en archiefonderzoek werd met grote zorg een selectie gemaakt van geschikte kandidaten. Uiteindelijk bleven er 549 Vlamingen over met een authentiek Vlaamse familienaam en 50 Vlamingen met een Franse (Romaanse) familienaam. In al deze families met een Franse familienaam leefde de oudst gekende paternale voorouder in het huidige Vlaanderen maar kwam de familienaam voor 1575 niet in Vlaanderen voor. Voor alle 599 geselecteerde Vlamingen werd het Y-chromosoom onderzocht die – net als doorgaans bij familienamen het geval is – van vader op zoon wordt overgedragen. Na het typeren van Y-chromosomale DNA-kenmerken werden de individuen ingedeeld in verschillende evolutionaire lijnen (de zogenaamde

haplogroepen). De frequentie van deze haplogroepen in de twee groepen van familienamen werden vervolgens vergeleken. Ter vergelijking werden ook de haplogroep-frequenties van zo'n 160 Fransen met een Franstalige familienaam uit twee Noord-Franse regio's (Nord-Pas-de-Calais en Île-de-France) in de analyse betrokken. De genetische resultaten van de vier groepen zijn vervolgens met elkaar vergeleken. Er bleek een statistisch significant verschil te bestaan tussen de groep Vlamingen met authentiek Vlaamse familienamen en de groep Vlamingen met Franse familienamen. Er was óók een verschil tussen de Vlamingen met authentiek Vlaamse familienamen en de twee groepen Noord-Franse mannen. Tussen de groep Vlamingen met Franse familienamen en de twee groepen met Noord-Fransen was er echter geen statistisch significant verschil. Hieruit kunnen we concluderen dat een migratie die ruim meer dan vierhonderd jaar geleden plaatsvond van Noord-Frankrijk naar Vlaanderen, via het Y-chromosoom nog steeds detecteerbare genetische sporen heeft nagelaten in de huidige Vlaamse bevolking. Dit wetenschappelijk onderzoek biedt het genetisch bewijs aan dat onze familienaam wel degelijk informatie kan verschaffen over vroegere migraties die een bepaalde familie heeft ondergaan - zonder dat er genealogische gegevens kunnen gevonden worden - sinds de tijd waarin de naam ontstaan is. Of met andere woorden iemand met een Duitse familienaam zal hoogst waarschijnlijk afkomstig zijn van een (eertijds) Duitstalig gebied en de paternale voorvader van iemand met een familienaam als 'Van Engeland' zal hoogst waarschijnlijk een migratie ondergaan hebben uit Engeland.

Bron: M.H.D., LARMUSEAU, J. VANOVERBEKE, G. GIELIS, N. VANDERHEYDEN, H.F.M. LARMUSEAU & R. DECORTE, 'In the name of the migrant father – Analysis of surname origins identifies historic admixture events undetectable from genealogical records', in: *Heredity*, 2012; 109: 90-95.

Waarom een Romeins DNA-project in Idegem?

Begin 2009 startte een grootschalig wetenschappelijk onderzoek naar de genetische variatie op het Y-chromosoom die aanwezig is binnen de mannelijke bevolking met een genealogische origine in België. Genetici van de KU Leuven waaronder prominente onderzoekers als prof. em. dr. Jean-Jacques Cassiman en prof. dr. Ronny Decorte stonden samen met genealogen van 'Familiekunde Vlaanderen vzw' aan de wieg van dit vakoverstijgend project. Het project is van belang om de genetische 'wortels' van onze Vlaamse bevolking te achterhalen, verschillen tussen regio's te observeren en om aldus de genetische erfenis van (on)gekende historische migraties aan te tonen. Daarnaast zijn de resultaten ook voor amateurgenealogen interessant om onverwachte verwantschappen te vinden tussen deelnemers en om familiestambomen te verifiëren en aan te vullen. Dit project is enig in zijn soort aangezien de resultaten geschikt zijn zowel voor academici alsook voor het grote publiek dat geïnteresseerd is in de eigen familiale afkomst en in de streekgeschiedenis.

Anno september 2012 was het Y-chromosoom van meer dan 900 Belgische en Noord-Brabantse families binnen dit project geanalyseerd en gekoppeld aan hun genealogische afkomst. Duidelijke verschillen in de frequenties van de Y-chromosomale evolutionaire lijnen tussen regio's in België en Noord-Brabant werden gevonden. De verschillen tussen regio's als West-Vlaanderen en Limburg zijn echter vooral duidelijk wanneer de deelnemers werden toegewezen aan de regio waar hun ORPA (oudste gekende paternale voorouder) woonde op basis van hun uitgewerkte genealogieën. Onbekend was echter wanneer het opgemerkte genetische pa-



Idegem (detail uit de Hoorenbaultkaart van het Land van Aalst. - 1595)
Centraal staat de kerk van Idegem afgebeeld met net daarboven op de Kleine Heerweg de Sint-Pieterskapel. Links boven de Dender vinden we de Rattenberg en rechtsboven op de Molenbeek de watermolens in Smeerebbe en Bullegem. Linksboven de Heerweg zien we de windmolen van Vloerzegem.

troon met regionale verschillen in Vlaanderen is ontstaan en of het patroon ook zichtbaar zou zijn op het niveau van een dorp of stad. Een dorp of stad was in het verleden een kleinere gemeenschap met een beperkt aantal paternale familienamen. Hierdoor zou het mogelijk zijn dat de specifieke geschiedenis van een dorp of stad een sterke invloed heeft gehad op de genetische varianten aanwezig in 'authentieke' families die al eeuwen resideren in datzelfde dorp of stad. De vraag of de onderlinge biologische verwantschap tussen deze authentieke families gemiddeld hoger is dan de verwantschap met andere families in de rest van de regio of Vlaanderen, was daarenboven onmogelijk te beantwoorden zonder wetenschappelijk onderzoek op microgeografische schaal. Alleen door naar de genetische diversiteit op het niveau van een dorp of stad te gaan kijken via het Y-chromosoom van huidig levende mannen die paternaal verwant zijn met de eerste met erfelijke familienaam gekende inwoners van eenzelfde

dorp of stad, zou het mogelijk zijn om op deze onderzoeksvragen antwoorden te bieden.

Na lang overleg met genetici, historici, biologen, demografen, ethici en archeologen van KU Leuven en Universiteit Gent, werd gekozen om het Romeins DNA-project op te starten. Hierbij zou het genetisch erfgoed via Y-chromosomaal en genealogisch onderzoek geanalyseerd worden in zes Vlaamse gemeenten op basis van de eerste notities van de erfelijke familienamen in deze gemeenten. We selecteerden Idegem (zie afbeelding bovenaan) en Velzeke in Oost-Vlaanderen, Oudenburg en Snellegem in West-Vlaanderen, en Tongeren en Alken in Limburg. Deze koppels van gemeenten zijn geografisch gescheiden waarbij in elk koppel een gemeente aanwezig is met reeds een gekende nederzetting ten tijde van het Romeinse Rijk – namelijk Oudenburg, Velzeke en Tongeren – alsook een gemeente die pas continue bewoning kende sinds de vroege Middeleeuwen – namelijk Idegem, Snellegem, en Alken.

Idegem werd samen met Velzeke als zuidelijk Oost-Vlaamse gemeente geselecteerd binnen het Romeins DNA-project omwille van de relatief goed gekende geschiedenis van deze locatie vanaf de eerste vermelding in het jaar 964. Voornamelijk de goed gekende historische demografie doorheen de tijd als wel de reeds goed bestudeerde genealogische bronnen uit de streek waren essentieel voor de selectie. Gegevens van familienamen en genealogieën voor deze regio uit de late middeleeuwen die essentieel waren voor dit project, zijn beschikbaar dankzij de penningkohieren (zie F. DE CHOU, *De penningkohieren als genealogische bron*, uitgave verhandeling in voorbereiding) en de oudste buitenpoorterslijsten van Geraardsbergen (uit het jaar 1396) en Aalst (uit het jaar 1393).

Door de vergelijking te maken tussen het genetisch erfgoed van Idegem (en onmiddellijke omgeving met een straal van 5 km) en van de andere geselecteerde Vlaamse steden en dorpen binnen het Romeins DNA-project, 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. Zo kunnen de resultaten van dit project hoe dan ook voor het eerst antwoord geven op de vraag of de waargenomen genetische variatie in een gemeente gekoppeld kan worden aan het ontstaan van de nederzetting ervan. Ook de biologische verwantschap tussen families die reeds voorkwamen in het begin van het ontstaan van familienamen binnen een dorp of stad, kan op die manier worden geanalyseerd. Een dergelijk uniek project biedt sowieso meer inzicht in genetische differentiatie in tijd en ruimte en in de demografische patronen binnen en tussen dorpen en steden sinds de aanname van de erfelijke familienamen in de 13^{de}-14^{de} eeuw.

Het uitpluizen van archieven en genetische merkers

Voor elke geselecteerde gemeente in het Romeins DNA-project werd gezocht naar ongeveer 50 families die representatief zouden zijn voor de populatie ten tijde van de eerste noteringen van familienamen in die gemeente. De 'authentieke' families moesten hiervoor uiteraard aan diverse strenge criteria voldoen. Voor elke potentiële familie moest immers op basis van archiefdocumenten bewezen kunnen worden dat zij in patrilineale (langs vaderlijke) lijn hoogstwaarschijnlijk afstammen van mannen die in de gemeente leefden sinds de eerste lijsten van familienamen die in de late Middeleeuwen opgesteld werden. De eerste stap in deze selectie van families was daarom om voor elke gemeente op zoek te gaan naar familienamen die reeds in de late Middeleeuwen waren genoteerd in archiefdocumenten. Voor Idegem waren de penningkohieren en de oudste buitenpoorterslijsten van Geraardsbergen en Aalst bijzonder belangrijke bronnen om deze lijst van 'authentieke' familienamen op punt te stellen. De namenlijst werd verder uitgebreid na grondig nazicht van archiefmateriaal zoals de oudste staten van goed, wezerijakten, renteboeken en overgebleven rekeningen.

Vervolgens was het zoeken naar mannen met een authentieke familienaam en waarbij diens ORPA (oudst gerapporteerde paternale voorouder) geleefd heeft in Idegem of onmiddellijke omgeving rond 1600 (bij het begin van de kerkregisters) of indien de nodige documenten ontbraken zeker vóór de start van de industriële revolutie (m.a.w. vóór 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 authentieke

familienaam en het Y-chromosoom. Om bijkomende mogelijke breuken tussen het Y-chromosoom en de paternale genealogie van de DNA-donor door buitenechtelijke kinderen, ongekende baby-verwisselingen of niet-rapporteerde adopties in de analyse uit te sluiten, werd er indien mogelijk per familie twee individuen bemonsterd die zo ver als mogelijk in de tijd genealogisch verwant zijn. Op vraag van de commissie medische ethiek van het UZ Leuven waren deze twee individuen maar familie in zevende of hogere graad zodat enige spanning in een familie door de mogelijke ontdekking van een recent buitenechtelijk kind in de stamboom vermeden kon worden. Voor het opstellen van de stambomen bij de selectie van elke mogelijke 'authentieke' Idegemenaar werd verwoed gezocht voornamelijk in het Rijksarchief van Kortrijk maar ook in de vele persoonlijke archieven van vrijwilligers aan het Romeins DNA-project (zie lijst onderaan het artikel).

Na het archiefonderzoek werden potentiële DNA-donoren via tal van websites, media, informatievoordrachten of brieven opgeroepen om deel te nemen aan het project. Dat het project grote nieuwsgierigheid opwekte, bleek uit de meer dan 100 personen uit Groot-Geraardsbergen die de oproep beantwoordden. Na zorgvuldige controle van de paternale stamreeksen (voorbeeld Figuur 4) werden in totaal 45 bereidwillige mannen uit 43 verschillende stamlijnen geselecteerd voor de staalname in Idegem (Tabel 1). Alle geselecteerde mannen werden vervolgens uitgenodigd op de drukbezochte info- en staalname-avond in het vormingscentrum voor natuur- en milieueducatie 'De Helix' te Grimminge op vrijdagavond 26 oktober 2012 of werden persoonlijk aan huis geïnformeerd en bemonsterd indien zij niet op deze avond aanwezig konden zijn.

Stamreeks familie COCK - Schendelbeke

Freddy DE CHOU

- I. **Arent COUCKE**
- II. **Joannes (Jan d'oude) COKENS (COUCKE-KOKEN)**, gestorven in Schendelbeke op 19 december 1654 (66 jaar). Hij trouwt met **Francisca Huygevelde**. Ze worden in Schendelbeke op 16 oktober 1626 buitenpoorters van Geraardsbergen.
- III. **Franciscus (Francois) COKENS**, is geboren in Schendelbeke op 27 oktober 1626 en er gestorven op 17 december 1690. Hij trouwt in Schendelbeke op 29 april 1653 met **Catharina De Beenhauwere**.
- IV. **Petrus KOCK (COCK)**, geboren in Schendelbeke op 24 februari 1657 en er gestorven op 12 april 1696. Hij trouwt in Schendelbeke op 29 juli 1685 met **Antonia Her(re)godts**.
- V. **Franciscus (Frans, Francies) COCK**, geboren in Schendelbeke op 8 juli 1686 en er gestorven op 13 september 1723. Hij trouwt in Schendelbeke op 3 mei 1707 met **Adriana Spitaels**.
- VI. **Joannes (Jan) COCK**, geboren in Schendelbeke op 18 september 1708. Hij trouwt in Schendelbeke op 8 juni 1734 met **Catharina Van Muylem**.
- VII. **Petrus COCK**, geboren in Schendelbeke op 21 februari 1735 en er gestorven op 16 februari 1817. Hij trouwt in Schendelbeke op 7 juli 1765 met **Carolina Laurent**.
- VIII. **Joannes Baptist COCK**, geboren in Schendelbeke op 6 mei 1766 en er gestorven op 8 november 1809. Hij trouwt in Schendelbeke op 26 oktober 1790 met **Anna Catharina Moreels**.
- IX. **Petrus COCK**, geboren in Schendelbeke op 30 december 1792 en er gestorven op 2 augustus 1862. Hij trouwt in Schendelbeke op 14 mei 1832 met **Maria Van Mello**.
- X. **Bernardus COCK**, geboren in Schendelbeke op 23 maart 1838 en er gestorven op 5 augustus 1871. Hij trouwt in Schendelbeke op 1 augustus 1866 met **Carolina Andries**.
- XI. **Petrus Ghislenus COCK**, geboren in Schendelbeke op 6 augustus 1869 en er gestorven op 6 december 1931. Hij trouwt met **Maria Catharina Schollaert**.
- XII. **Arthur Ghisleen (Arthur) COCK**, geboren in Schendelbeke op 16 januari 1909 en er gestorven op 3 augustus 1976. Hij trouwt in Ophasselt op 2 maart 1935 met **Gabriëlle Barbara Du Ville**.
- XIII. **Marcel Frans Ghisleen (Marcel) COCK**, geboren in Geraardsbergen op 31 augustus 1945. Hij trouwt in Meerbeke op 7 juli 1973 met **Julienne Van Damme**.

Van elke deelnemer werd via een steriel wattenstaafje op (hopelijk) volledig pijnloze manier een staaltje van hun wangslimvlies afgenomen. Vervolgens werd hieruit hun DNA geïsoleerd in het laboratorium van forensische genetica en moleculaire archeologie te Leuven. Op basis van het geëxtraheerde DNA werd voor iedere donor hun Y-chromosoom geanalyseerd aan de hand van 110 puntmutaties die eenmalig in de evolutie zijn voorgekomen, de zogenaamde Y-SNPs, en via 42 snel-muterende merkers met herhalingsmotieven, de zogenaamde Y-STRs. Op basis van de Y-SNPs werd de specifieke evolutionaire lijn of haplogroep in detail bepaald. Op basis van de Y-STRs kon de familiale lijn of haplotype binnen de haplogroep worden bepaald die de genealogische relaties tussen de deelnemers (inclusief individuen binnen één familie) binnen elke evolutionaire lijn verder kon analyseren. Hieruit was het mogelijk om via de mutatiesnelheden van de Y-STR het tijdstip van de biologische MRCA (meest recente gemeenschappelijke voorouder) tussen elke twee mannen binnen een zelfde haplogroep te bepalen.

Tijdens de maanden maart en april 2013 werd iedere deelnemer via brief op de hoogte gesteld van zijn persoonlijk resultaat in de vorm van de evolutionaire lijn of haplogroep waartoe hij behoort. Enige wetenschappelijke uitleg en kaartje met het traject van hun Y-chromosomale lijn vanuit het Noordoosten van Afrika naar West-Europa werden hierbij meegegeven (zie voorbeeld "Wat betekent uw resultaat?"). Uiteindelijk werd ook meegedeeld of er via de familiale lijn of haplotype een verwantschap werd gevonden met een andere (geanonimiseerde) persoon (al dan niet met gekende MRCA of zelfde familienaam) in het project. Wel werd ook steeds opgemerkt dat men vaak op het internet of in

Lijst van 'authentieke' families uit de regio Idegem die geselecteerd waren en bereid waren deel te nemen aan het project

Andries	De Mol	de Leebeke	Van der Biest
Batselier	De Mulder	Mangelinckx	Van Israel
Bovaert	De Pelsemaeker	Merckaert	Van Mello
Boydens	De Smet	Neirinckx	Van Oudenhove
Cock	De Vuyst	Neuckermans	Van Waeyenberg
Coppens	Dedecker	Schollaert	van Zandbergen
De Backer	Depester	Steenhoudt	Vanden Berghe
De Bodt	Despiegeleer	Sunaert	Vanderhaegen
De Clercq	Goossens	Van Daele	Vidts
De Cremer	Kindekens	Van den Herrewegen	
De Grove	Lauwereys	Van den Hove	

populaire media duiding en interpretaties vindt over de eigen specifieke Y-chromosomale varianten, gebaseerd op gissingen en veronderstellingen die wetenschappelijk niet kunnen gevalideerd worden. Dit is een problematiek die begrijpelijk is wanneer er een emotionele betrokkenheid bestaat met het onderwerp en wanneer men tracht de eigen afkomst te begrijpen op basis van genetische informatie. Vaak wordt de waarde van genetische informatie in dit kader overschat. De analyses en interpretaties die aan de deelnemers van het Romeins DNA-project werden meegegeeld zijn echter objectief en enkel op basis van de huidige wetenschappelijk kennis samengesteld.

Hiernaast een voorbeeld van de toegestuurde informatie aan een anonieme deelnemer aan het Romeins DNA-project voor de regio Idegem.

Wat betekent uw persoonlijk resultaat?

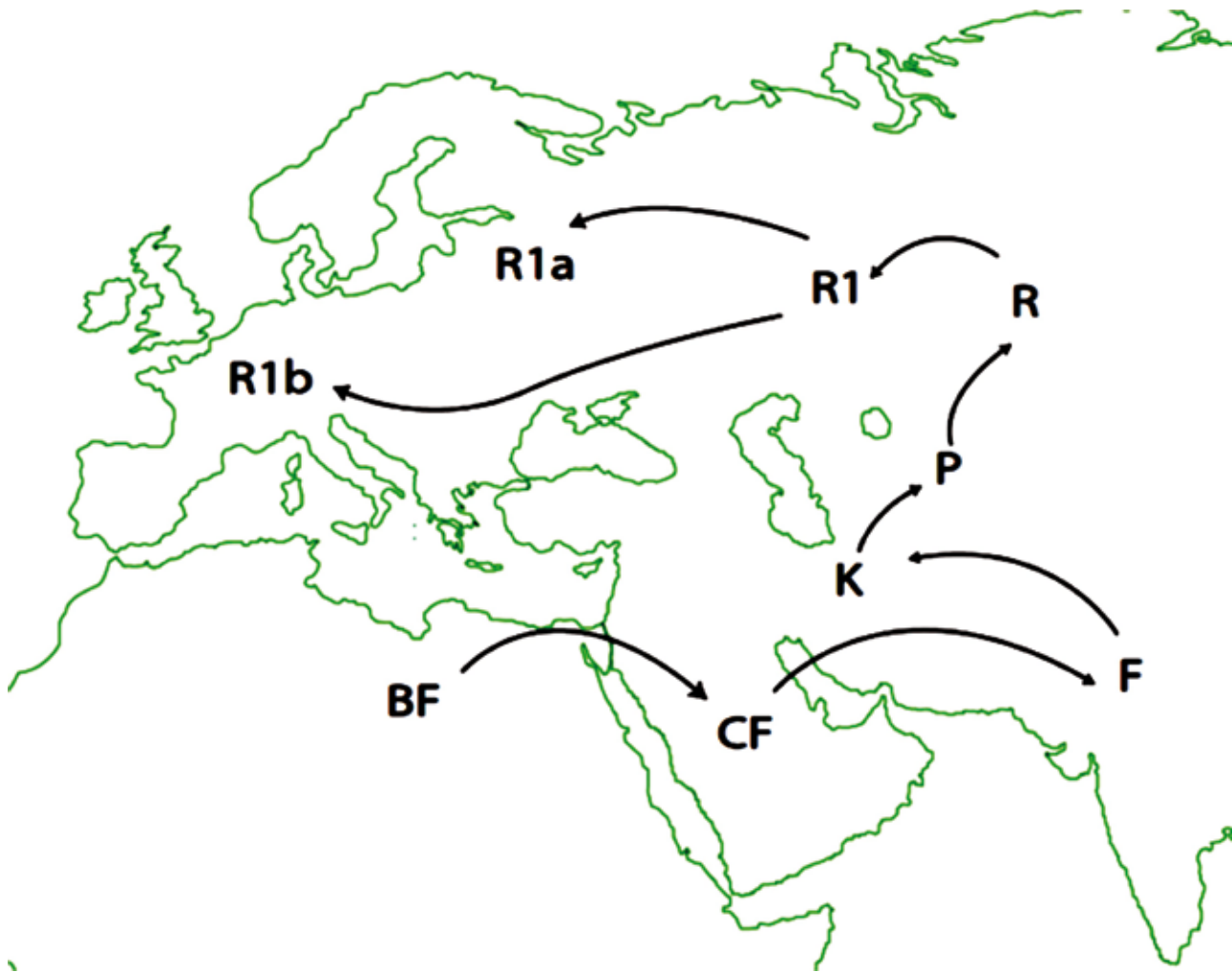
'Hoofd-haplogroep R1b' & 'Sub-haplogroep R-P312'*

De resultaten van het genetisch onderzoek op basis van uw speekselstaal wezen uit dat uw Y-chromosoom tot de hoofd-haplogroep R1b behoort. Dit betekent dat we een reconstructie hebben kunnen uitvoeren van de migratie die uw voorouders in vaderlijke lijn hebben afgelegd en die begon zo'n 60 000 jaar geleden vanuit Noord-oost Afrika via Zuid-Azië en het Midden-Oosten naar uiteindelijk West-Europa (zie traject op kaart). Op basis van een verdere onderverdeling binnen R1b, kunnen we uw Y-chromosoom onderbrengen in sub-haplogroep R-P312*. Deze groep komt voor bij ongeveer 10% van autochtone Vlaamse families maar de frequentie stijgt wel naar het zuiden van België en Noord-Frankrijk toe. Dankzij uw deelname zal de invloed van historische migraties op de verspreiding van uw Y-chromosoom verder bepaald worden.

Alle Y-chromosomen van de mens die we vandaag observeren in de hele wereldbevolking, kunnen teruggebracht worden tot enkele chromosomen van een groep van mannen die vermoedelijk meer dan 100 000 jaar geleden leefde in Noordoost-Afrika. Zij

maakten deel uit van de eerste groep van 'moderne' mensen die geschat wordt op minder dan 10 000 individuen. De Y-chromosomen van deze mannen vertoonden onderling geen of zeer beperkte variatie. Aangezien alle huidige Y-chromosomen afstammen van deze Y-chromosomen kan men stellen dat alle aanwezige variaties die we nu wereldwijd observeren sindsdien toegevoegd zijn. Door naar alle aanwezige variaties te kijken, kunnen onderzoekers vervolgens Y-chromosomen plaatsen in zogenaamde haplogroepen die onderling een meer recente gemeenschappelijke voorvader hebben gehad. Op basis van deze aanpak wordt de afkomst en de migratieroute van deze groep Y-chromosomen verder achterhaald.

De groep waartoe uw Y-chromosoom behoort, noemen we 'R1b'. Voor deze groep werd reeds de oorsprong en migratieroute achterhaald. De groep waartoe R1b behoorde, migreerde na de exodus uit Afrika 60 000 jaar geleden eerst naar Zuid-Azië. Minder dan 25 000 jaar geleden [20 000-35 000 jaar geleden] verdeelde deze groep zich onder in twee haplogroepen namelijk R1a en R1b. Vandaag komt R1a voornamelijk voor in Oost-Europa en in Centraal-Oost-Azië; R1b komt daarentegen in een hoge frequentie voor in West-Europa. Traditioneel wordt aan de R1b groep de 'Cro Magnon' mensen toegewezen, namelijk de groep mensen die na de laatste ijstijd vanuit het Iberisch schiereiland, en meer specifiek vanuit het Baskenland zich richting West-Europa verspreide nadat de temperatuur in stijgende lijn veranderde. Recente studies tonen echter aan dat R1b hoogstwaarschijnlijk zo'n 7.000 jaar geleden vanuit het Midden-



*Kaart met een toegankelijk gemaakt overzicht van het traject van uw Y-chromosomaal hoofd-haplogroep R1b. Deze kaart is opge-
maakt op basis van de huidige inzichten van de wetenschap*

Oosten naar West-Europa is gemigreerd samen met de landbouw. Tot vandaag de dag is er steeds twijfel geweest of de landbouw naar West-Europa is verspreid via een volksmigratie of enkel via culturele overdracht. Indien inderdaad de genetische gegevens correct zijn, en met name ook de Y-chromosoom gegevens omtrent R1b, dan blijkt dat de landbouw via een volksmigratie is gereali-
seerd.

In Vlaanderen behoort ongeveer 65% van de mannen tot haplo-
groep R1b. Gelukkig kunnen we hierbinnen nog onderverdelingen maken die elk een verschillende verspreiding hebben in West-Europa. De sub-haplogroep van

uw Y-chromosoom blijkt na grondige analyse R-P312* te zijn. Sub-haplogroep R-P312* heeft op basis van onze vorige studies een gemiddelde frequentie van onge-
veer 10% bij autochtone Vlaamse families. De frequentie stijgt wel naar het zuiden van België en Noord-Frankrijk toe. Op basis van de gegevens uit het Romeins DNA-project proberen we nu een beter beeld te vormen in verband met de verspreiding van deze groep en hoe deze in de loop van de tijd geëvolueerd is. Enkel op basis van uw familie kunnen we uiteraard nog geen zicht hebben hoe migraties ten tijde van de Romeinse periode invloed hebben gehad op het voorkomen en

de verspreiding van haplogroep R1b en R-P312*. Hiervoor zal uw resultaat geanalyseerd worden met alle andere bemonsterde Y-chromosomen binnen het Romeins DNA-project.

Wordt vervolgd.