

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 2 & slot)

Dr. Maarten H.D. LARMUSEAU
William DEHENU, Annemie SWILLENS
& Freddy DE CHOU

Met het Romeins DNA-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. De resultaten hebben internationaal weerklank door hun verrassende inzichten in de historische genetische diversiteit binnen West-Europese steden en dorpen.

De analyse van de genetische resultaten?

De Y-chromosomen van alle DNA-donoren in het Romeins DNA-project werden in het lab geanalyseerd door het ontrafelen van de evolutionaire haplogroepen (via de Y-SNPs) en de familiale haplotypes (via de Y-STRs). Om aan te tonen dat we inderdaad kunnen teruggaan in de tijd naar de late middeleeuwen via het Y-chromosoom van levende personen door zijn link met de familienaam en de paternale genealogie, wezen echter heel wat wetenschappers erop dat eerst moest aangetoond worden dat de link tussen Y-chromosoom en genealogie over de eeuwen heen wel stevig genoeg was om die analyse te kunnen maken. Daarom werd eerst in het project gefocust op het bepalen van de frequentie aan 'koekoekskinderen' in het verleden via genetische genealogie (Box 2). Door het Y-chromosoom van mannen met een gekende gemeenschappelijke voorvader in het Romeins DNA-project of in het grootschaliger project met Familiekunde Vlaanderen te vergelijken met elkaar, kon worden vastgesteld dat de historische frequentie aan 'koekoekskinderen' echter voldoende laag was (1-2% per gene-

ratie) zodat deze de doelstellingen van het Romeins DNA-project niet in gevaar kon brengen. Opvallend genoeg werd er binnen het Romeins DNA-project geen enkel genealogisch koppel gevonden met een verschil tussen de juridische en biologische voorvaders sinds hun gemeenschappelijke voorvader. De mannen binnen de twee onderzochte Idegemse genealogische koppels met een gekende gemeenschappelijke voorvader bleken dus ook hetzelfde Y-chromosomale variant te bezitten. In de toekomst zal verder worden onderzocht of de frequenties aan 'koekoekskinderen' in het verleden hoger waren in industriële regio's in vergelijking met rurale regio's. Dit zou kunnen verklaren waarom er geen genealogisch koppel in Idegem en in de andere geselecteerde (rurale) gemeenten van het Romeins DNA-project blijkt gaf van een koekoekskind te bezitten in hun stamreeksen.

Na het bewijs voor een hechte link tussen het Y-chromosoom en de paternale genealogie, zelfs na tal van generaties, werd het mogelijk om de gehele statistische analyse van het Romeins DNA-project te realiseren. De eigenlijke analyse moest immers nog maar starten.

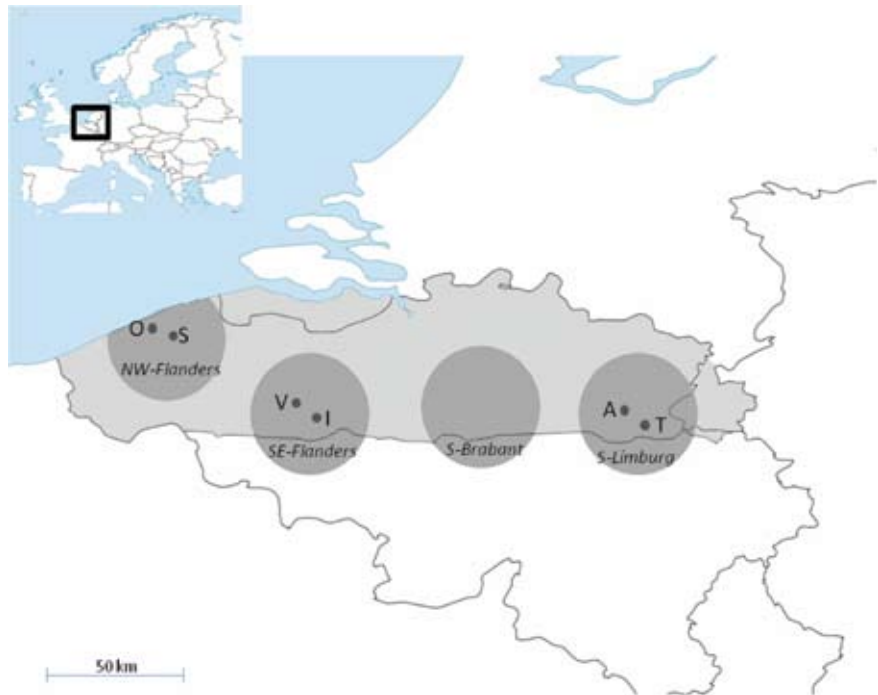
Verwantschapsresultaten

De eerste hypothese die op basis van de resultaten van het Romeins DNA-project werd getoetst, was of de biologische verwantschap tussen twee 'authentieke' paternale stamlijnen uit een gemeente gemiddeld hoger was dan tussen twee willekeurige authentieke stamreeksen uit een regio of uit heel Vlaanderen. Hiervoor werden de verwantschappen berekend tussen alle DNA-donoren binnen de zes geselecteerde gemeenten in het Romeins DNA-project. Daarnaast werden drie cirkelvormige regio's gedefinieerd rond deze gemeenten met een straal van 30 km (algemeen gedefinieerd als de afstand die een fysiek normale volwassen persoon op één dag kan stappen in een relatief vlak landschap); een extra regio in Vlaams Brabant werd alsook gedefinieerd zodat een goede representatie gecreëerd werd van de west-oost as in Vlaanderen. Voor deze regio's met een straal van 30 km als voor de hele regio Vlaanderen werden DNA-donoren uit het grotere genetisch genealogisch project met Familiekunde Vlaanderen geselecteerd op basis van even strenge criteria, namelijk een familienaam 'authentiek' voor

de desbetreffende regio of Vlaanderen, en een gekende paternale stamreeks.

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 kon worden vermoed op basis van een gekende gemeenschappelijke voorvader (MRCA) of op basis van een (bijna) identieke familienaam. Tussen families met geen gelijkaardige familienaam of gekende gemeenschappelijke voorvader (MRCA) 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, namelijk maar 0,35% ($\pm 0,16$). Dit was niet significant hoger dan de kans voor biologische verwantschap tussen twee willekeurige authentieke paternale lijnen in een regio, namelijk maar 0,22% ($\pm 0,05$). De kans dat twee willekeurige authentieke families uit de volledige regio Vlaanderen verwant zijn, was echter toch significant lager, namelijk 0,14% ($\pm 0,02$). Door de lage geobserveerde aantallen aan Y-chromosomale verwantschappen werden er dus ook geen dominante Y-chromosomale varianten gevonden in een bepaalde gemeente of regio, in tegenstelling tot wat men vindt in bepaalde regio's in Ierland en Centraal-Azië waar dominante haplotypes zijn geobserveerd en gelinkt worden aan regionaal historische omstandigheden.

De biologische verwantschap tussen de authentieke familielijnen binnen de zes geselecteerde gemeenten was verrassend laag. Dit kan men zeker concluderen wanneer men weet dat elk van deze familielijnen reeds sinds het begin van de eerste noteringen van familienamen in de gemeenten voorkomen. Bovendien werd er eerder vastgesteld op basis van historisch demografisch onderzoek dat er hoge patrilocaliteit



Kaart van het studiegebied in het Romeins DNA-project. De gekleurde regio in lichtgrijs representeert Vlaanderen (samen met geselecteerde aangrenzende delen van de Nederlandse provincies Zeeland en Limburg die een nauwe historische band hebben met het huidige 'Vlaanderen'); de gekleurde regio's in donkergrijs zijn de vier gedefinieerde regio's, namelijk noordelijk West-Vlaanderen (NW-Flanders), zuidelijk Oost-Vlaanderen (SE-Flanders), zuidelijk Brabant (S-Brabant) en zuidelijk Limburg (S-Limburg); de zwarte punten zijn de geselecteerde gemeenten, namelijk Oudenburg (O), Snellegem (S), Velzeke (V), Idegem (I), Alken (A) en Tongeren (T).

– de tendens dat mannen in de buurt blijven van de plaats waar ze opgroeien – voorkwam binnen de gemeenten tijdens de laatste viertal eeuwen. Samen met collega's van de universiteiten van Leuven en Gent besluiten we uit de genetische gegevens dat de aanname van familienamen in de Vlaamse dorpen en steden vermoedelijk een langdurig proces is geweest dat verschillende decennia heeft geduurd en dat verschillende gebeurtenissen in die periode gezorgd hebben voor een grote frequentie aan migratie zodat de verwantschap tussen de authentieke paternale lijnen dermate laag is. Een belangrijke potentiële migratie in de periode wanneer de eerste erfelijke familienamen werden aangenomen, is deze gekoppeld aan de pest of de Zwarte Dood dat in het midden van de 14^{de} eeuw

vele West-Europese mensenlevens heeft gekost. Een dergelijke grote epidemie heeft zeker geresulteerd in hoge migratie en heeft daardoor geleid tot vermenging van reeds geadopteerde familienamen in dorpen en steden zodat wanneer de eerste notities komen van familienamen in archieven van een bepaalde gemeente, vermoedelijk veel familienamen geen band meer hadden met hun ontstaansplaats. Een identieke verklaring werd reeds gegeven om patronen in familienaamstudies in Engeland te kunnen begrijpen en wordt hier ook voor Vlaanderen populatiegenetisch aangetoond. Dat er een hoge mate aan migratie aanwezig was tijdens de periode wanneer de familienaam erfelijk aangenomen werd in Vlaanderen, wordt trouwens duidelijk verder geïllustreerd in

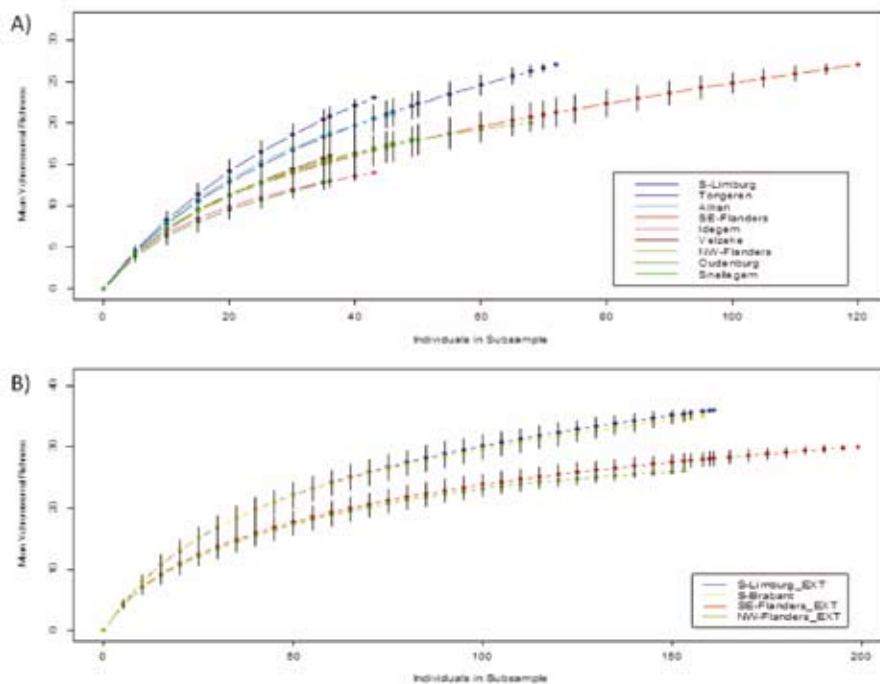
Weinig Vlaamse 'koekoekskinderen' in de laatste 400 jaar - juridische stambomen komen nagenoeg overeen met de biologische

Vaak wordt in de media of in populaire literatuur verklaard dat vandaag ongeveer 10% van de kinderen een vader heeft die eigenlijk niet hun biologische vader is zonder dat het kind of die zogenaamde vader daarvan op de hoogte zijn. Dit zou vervolgens betekenen dat als dit hoge percentage hetzelfde was in de voorbije eeuwen en als men dan 10 generaties zou teruggaan in vaderlijke lijn, het nagenoeg zeker is dat de uit de archieven oudst gekende voorvader niet de biologische voorvader van de genealoog zou zijn. Dit is uiteraard voor heel wat genealogen een verontrustende gedachte en zou daarenboven een genetisch project als het 'Romeins DNA-project' onmogelijk maken. Gelukkig is die zogenaamde 10% 'koekoekskinderen' in de huidige samenleving ondertussen een broodje-aapverhaal gebleken. Wetenschappelijke resultaten zijn hierin heel duidelijk: in West-Europa heeft een vader slechts 1 tot 2% kans dat zijn kind niet zijn biologische kind is, hoewel hij hiervan nochtans overtuigd is. Een veel lagere frequentie wordt dus waargenomen dan de steeds aangehaalde 10%. Deze steeds geciteerde frequentie heeft zijn ontstaan gevonden binnen de eerste studies naar koekoekskinderen waarbij het hoge percentage gevonden werd bij mannen die reeds op voorhand sterke twijfels hadden of zij wel de echte biologische vader van hun kind waren. Niettegenstaande dit vanuit statistisch oogpunt geen representatief beeld was voor de hele bevolking, werd het logische hoge percentage uit deze eerste studies toch volledig onterecht aangenomen voor alle vaders. Dit betekent maar een eerste geruststelling voor het Romeins DNA-project want is dit lage cijfer van 1%-2% voor de huidige samenleving ook wel representatief in Vlaanderen binnen de volledige periode sinds de aanname van de

paternale familienaam? Over de lage percentages aan ongekende buitenechtelijke kinderen in de huidige Westerse wereld zijn alle wetenschappers het nu zo goed als eens met elkaar. Dit is echter niet zo voor de percentages hiervan uit het verleden. Voor vele gedragsbiologen zijn de cijfers van vandaag niet representatief voor deze van vroegere periodes. Als men inschat wat het zou betekenen voor het aantal buitenechtelijke kinderen wanneer het huidige seksuele gedrag vroeger ook voorkwam maar dan zonder de moderne anticonceptiemiddelen, kan men verwachten dat er een vrij hoog percentage aan koekoekskinderen voorkwam. Sommige wetenschappelijke studies schatten zelfs daarom dat het percentage tussen 8% en 30% lag maar dit zijn slechts gissingen. Het was dus hoog tijd om het percentage via genetische genealogie te bepalen. Door onze grote brede projecten met Familiekunde Vlaanderen, waaronder het DNA-project Brabant/België en het Romeins DNA-project, hadden we voor het eerst een unieke staalname om het algemene percentage aan onrechtelijke kinderen in een Westerse populatie te berekenen en dit voor de volledige periode van de laatste 400 jaar. De belangrijkste benadering om een historische graad aan onechtelijke kinderen te berekenen was het vergelijken van Y-chromosoom varianten van twee mannen die volgens de stambomen een gezamenlijke juridische voorvader hadden die minstens zeven generaties eerder had geleefd. Bij één duo ging de verwantschap wel zelfs 31 generaties terug. Bijna altijd had zo'n tweetal een identiek Y-chromosoom, zoals je mag verwachten van mensen die van dezelfde man afstammen. Slechts heel af en toe troffen we twee verschillende Y-chromosoom varianten aan. Variatie in datzelfde

chromosoom verraadt dan dat er ergens in de stamboom een onbekende vader is binnengeslopen. Op basis daarvan berekenden we dat tussen de 0,41 en 1,75 procent van de kinderen niet verwekt was door de vader die nochtans in de stamboom vermeld stond, en ongeveer zo'n 99 procent dus wel. Dit geeft aan dat in Vlaanderen de gemiddelde frequentie koekoekskinderen in de laatste 400 jaar hetzelfde is als die van vandaag en dat deze frequentie met 1 tot 2% een stuk lager ligt dan steeds gedacht werd. We gebruiken hierbij vaak bewust het woord 'koekoekskinderen' en niet direct de term buitenechtelijke kinderen want uiteraard kan met onze genetisch genealogische methodes een buitenechtelijk kind niet onderscheiden worden van een kind die voortkwam uit een (voor de genealoog of wetenschapper ongekende) adoptie. Het belang hierbij is dat Vlaamse genealogen zich niet direct zorgen hoeven te maken over de correctheid van een uitgewerkte stamboom aangezien er voor de grootste meerderheid van genealogische gegevens ook een biologisch verband zal zijn. Bovendien laten deze resultaten toe om via de genealogie en het Y-chromosoom van een bepaalde persoon terug te gaan in de tijd, wat dus positief nieuws is voor het Romeins DNA-project.

Bron: M.H.D. LARMUSEAU, J. VAN OVERBEKE, A. VAN GEYSTELEN, G. DEFRAENE, N. VANDERHEYDEN, K. MATTHYS, T. WENSELEERS, R. DECORTE (2013) 'Low historical rates of cuckoldry in a Western European human population traced by Y-chromosome and genealogical data. *Proceedings of the Royal Society B.*, 280: 20132400.



Rarefactie curves van de Y-chromosomale diversiteit van A) drie gedefinieerde regio's (NW-Flanders, SE-Flanders & S-Limburg) en alle zes geselecteerde gemeenten binnen deze regio's, en B) alle vier gedefinieerde regio's (NW-Flanders, SE-Flanders, S-Brabant & S-Limburg) met inclusief de zes gemeenten. Op de horizontale as: het aantal individuen in een sub-staal; op de verticale as: het gemiddelde aantal Y-chromosomale varianten in een sub-staal.

het Romeins DNA-project. Een DNA-donor met een authentieke familienaam uit Idegem – de naam mag om ethische redenen niet worden gepubliceerd – bleek op basis van zijn Y-chromosoom biologisch verwant te zijn met twee onafhankelijke families met een bijna identieke familienaam maar die 'authentiek' waren voor Velzeke én Oudenburg. Deze onwaarschijnlijke observatie die door geen enkele genealoog uit de drie regio's uiteraard kon vermoed worden toont duidelijk de connectiviteit aan ten tijde van de late middeleeuwen, althans binnen het toenmalige gebied die het huidige Oost- en West-Vlaanderen omvat.

Genetische differentiatie tussen staalnames

De tweede hypothese die getoetst werd op basis van de gegevens binnen het Romeins DNA-project was of de genetische diversiteit toegewezen aan een dorp of stad in de late middeleeuwen significant minder groot was dan toegewezen aan een in een binnen het project gedefinieerde regio of aan het huidige Vlaanderen op hetzelfde ogenblik. Om deze

hypothese statistisch te toetsen werden zogenaamde 'rarefactie curves' opgesteld. Dit is een specifieke statistische maatstaf die het mogelijk maakt om de graad aan genetische diversiteit te vergelijken tussen staalnames niettegenstaande een verschil in staalnamegrootte. Op basis van deze maatstaf was het mogelijk om de genetische diversiteit in Y-chromosomale evolutionaire lijnen tussen de geselecteerde gemeenten en de regio's te vergelijken (zie grafiek B). Hieruit bleek dat de bevolking in het westen van het huidige Vlaanderen een significant lagere Y-chromosomale diversiteit bezat dan de populaties in het oosten (zie grafiek A). Dit was vrij verrassend aangezien men het omgekeerde zou vermoeden door grotere migratiemogelijkheden (en dus meer 'open' grenzen) via de zee dan via het binnenland. Ondanks de rijke geschiedenis met invallen van onder andere Franken en Vikingen en grote migratie door handel in het gebied van het huidige West-Vlaanderen, 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. Het is zelfs Idegem, samen met Oudenburg (West-Vlaanderen), dat significant het laagste aantal genetisch paternale lijnen in zijn authentieke bevolking bezit (zie grafiek A).

Een volgende opmerkelijke vaststelling is de hoge genetische diversiteit in de zes bestudeerde dorpen en steden die (nagenoeg) even groot is als in de gedefinieerde regio's. Dit is opvallend doordat dit niet in die mate werd verwacht op basis van de hoge patrilocaliteit die onze dorpen en steden de laatste eeuwen hebben gekend tot de start van de industriële revolutie in de 19^{de} eeuw. Uit de resultaten blijkt dat de genetische diversiteit in de late middeleeuwen reeds duidelijk verspreid was over een hele regio en niet sterk verschillend was tussen verschillende nederzettingen binnen een regio. Bovendien blijkt niet alleen de grootte van de diversiteit overeen te komen tussen dorp/stad en zijn regio

maar ook de diversiteit zelf komt overeen. De diversiteit die men in een dorp of stad observeert, is wat men kon verwachten op basis van zijn 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 in het Romeins DNA-project de west-oost gradiënten in haplogroep frequenties terug die men eerder ook had waargenomen op regionaal en 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 invloed had in de genetische diversiteit van de paternale lijnen. Er werd vervolgens 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 van concrete evolutionaire lijnen? Uiteraard niet. Het betekent wel dat indien er relevante genmigratie is geweest in deze periode, deze ten tijde van de late middeleeuwen bij de aanname van de familienamen niet meer te observeren was tussen nederzettingen door voortdurende migratie en/of door historische gebeurtenissen, samen met een hoge graad aan migratie.

De algemene conclusies van het Romeins DNA-project...

Het Romeins DNA-project was internationaal het allereerste project waarbij getracht werd om via genetische merkers en genealogische gegevens de historische genetische diversiteit in West-Europese

steden en dorpen 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. Het toonde aan dat ondanks de lokale patrilocaliteit die in de voorbije eeuwen algemeen was in West-Europa, er een hoge diversiteit in Y-chromosomale lijnen aanwezig was in dorpen en steden wanneer families erfelijke namen via de vader meekregen. Bovendien werd zelden biologische verwantschap op historische tijdschaal gevonden tussen patrilineale lijnen met verschillende familienamen die reeds in de geselecteerde gemeenten samen voorkwamen sinds de eerste notities van familienamen in archiefdocumenten over die gemeenten. Daarenboven werd er zoals verwacht zou worden bij een grote graad aan migratie tijdens de periode van aanname van familienamen, waargenomen dat de verschillen in Y-chromosomale diversiteit tussen gemeenten gerelateerd waren aan hun (onderlinge) geografische posities. Daarbij waren dezelfde geografische gradiënten in frequenties van de Y-chromosomale haplogroepen die eerder waren geobserveerd op regionale en internationale schaal, 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 elk 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 geschiedenis in de late middeleeuwen.

...en specifiek voor de regio Idegem

De globale inzichten die de resultaten van het Romeins DNA-project ons bieden, zijn uiteraard

mee te danken aan het ontrafelen van het genetisch erfgoed aanwezig op het Y-chromosoom binnen de 'authentieke' bevolking van Idegem en onmiddellijke omgeving. Op basis van de gegevens bleek dat er in Idegem net als in de andere geselecteerde dorpen en steden weinig tot geen biologische verwantschappen bestonden tussen de verschillende paternale lijnen die aanwezig zijn in de stad sinds de eerste notities van familienamen in het archief. Opvallend is echter wel dat een dergelijke paternale lijn een biologische verwantschap op historische tijdschaal heeft met families met een bijna identieke familienaam in het Oost-Vlaamse Velzeke als in de West-Vlaamse stad Oudenburg. Dit alles toont aan dat de Idegemse stamlijnen die voor het eerst met hun erfelijke familienaam in de archieven werden aangegeven, hoogst waarschijnlijk door verschillende regionale migraties in de late middeleeuwen waren samengekomen, eerder dan ontstaan te zijn uit een kleine nauwverwante populatie. Uiteindelijk werd ook duidelijk dat ondanks de eeuwenlange positie van Idegem, de graad van genetische diversiteit aan evolutionaire lijnen zowat de laagste is die geobserveerd werd binnen het Romeins DNA-project. Dit toont aan dat de bevolking en de genetische diversiteit ten tijde van de aanname van familienamen in de late middeleeuwen grotendeels is ontstaan uit de wijde regionale omgeving en veel minder door andere historische emigraties tijdens de Romeinse overheersing en de vroege middeleeuwen via Noordmannen en handelaars. Hoe dan ook, interdisciplinaire discussies en verder onderzoek zullen in de toekomst zeker georganiseerd worden om de resultaten verder uit te klaren en ten volle te begrijpen. *Gen-iaal!* Of niet soms?

Met grote dank aan:

- Alle co-auteurs van de

wetenschappelijke publicatie:

drs. Nele A.M. Boon (KU Leuven, departement Biologie), Nancy Vanderheyden (UZ Leuven, forensische genetica), drs.

Anneleen Van Geystelen (KU Leuven, departement Biologie), dr. Hendrik F.M. Larmuseau (KU Leuven, Centrum voor sociologisch onderzoek), Prof. dr. Koen Matthys (KU Leuven, Centrum voor sociologisch onderzoek), Prof. dr. Wim De Clercq (Universiteit Gent, departement Archeologie) & Prof. dr. Ronny Decorte (KU Leuven, Biomedische forensische wetenschappen)

- Alle vrijwilligers van het Romeins DNA-project: Marcel Cock, Marcel Desmedt (Familiëkunde Vlaanderen - FV), Carlos Aelvoet (FV), Steven Vandewal (Stadsarchief Tongeren), Jaak Heeren (Geschiedkundige Kring Alken - GKA), Jos Grosemans (GKA) en Maurice Smeers (GKA)
- Allen waarbij we veelvuldig terecht konden voor informatie in verband met de inhoud van het project of bij genealogische opzoekingen: dr. Valerie Vermassen (Familiëkunde Vlaanderen), dr. Luc van Durme, Jan Coppens (Stad Geraardsbergen), Guido Creemers (conservator Gallo-Romeins Museum Tongeren), Prof. Emeritus Dr. Jean-Jacques Cassiman, Danny Lamarcq (Stad Zottegem), Marc De Ruyver, Prof. dr. Brigitte Meijns (KU Leuven, Onderzoekseenheid Middeleeuwen), drs. Janne Swaegers (KU Leuven, Departement Biologie), drs. Gilles Defraene (KU Leuven, Departement Oncologie), Prof. dr. Tom Wenseleers (KU Leuven, Departement Biologie), Prof. dr. Luc De Meester (KU Leuven, Departement Biologie), dr. Wouter Dhaeze (stadsarcheoloog Oudenburg), Jean-Luc Meulemeester (conservator Romeins Archeologisch Museum Oudenburg) Michelle Panting, Marie Boz & Lucrece Lernout;
- Alle DNA-donoren die zo vriendelijk waren dit project mee mogelijk te maken. Ook dank aan alle mannen die zich kandidaat hadden gesteld als deelnemer aan het Romeins DNA-project maar uiteindelijk niet konden geselecteerd worden.

Dit project is tot stand gekomen dankzij de financiële ondersteuning van het Fonds Wetenschappelijk Onderzoek (FWO-Vlaanderen), Provincie

Limburg, KU Leuven en de gemeente Jabbeke.

Bron met alle resultaten van het Romeins DNA-project

M.H.D. LARMUSEAU, N.A.M. BOON, N. VANDERHEYDEN, A. VAN GEYSTELEN, H.F.M. LARMUSEAU, K. MATTHYS, W. DE CLERCQ & R. DECORTE (In druk), *High Y-chromosomal diversity and low relatedness between paternal lineages on a communal scale in Western Europe during the surname establishment*. *Heredity*.

Bibliografie

- F. DE CHOU, *De penningkohieren als genealogische bron, uitgave verhandeling in voorbereiding*.
- W(ED). DE CLERCQ, *Ver vles en bloed - Menapische boeren en soldaten aan de rand van het Romeinse Rijk*, Velzeke, pamVelzeke, 2011, p. 82-85.
- T.E. KING, M.A. JOBLING, *What's in a name? Y chromosomes, surnames and the genetic genealogy revolution*. *Trends in Genetics* 2009; 25: 351-360.
- M.A. JOBLING, *The impact of recent events on human genetic diversity*. *Philosophical Transactions of the Royal Society B-Biological Sciences*, 2012; 367: 793-799.
- M.H.D. LARMUSEAU, J.J. CASSIMAN, *Basisbegrippen genetic*, in *Handboek Psychiatrie en genetica* (Ed. S. Claes & J. van Os), de Tijdstroom, 2013. ISBN 978 90 5898 230 8.
- M.H.D. LARMUSEAU, J. VANOVERBEKE, G. GIELIS *et al*: *In the name of the migrant father - Analysis of surname origins identifies historic admixture events undetectable from genealogical records*. *Heredity*, 2012; 109: 90-95.
- M.H.D. LARMUSEAU, J. VANOVERBEKE, A. VAN GEYSTELEN *et al*: *Low historical rates of cuckoldry in a Western European human population traced by Y-chromosome and genealogical data*. *Proceedings of the Royal Society B*. 2013; 280: 20132400.
- M.H.D. LARMUSEAU, A. VAN GEYSTELEN, M. VAN OVEN, R. DECORTE, *Genetic genealogy comes of age - Perspectives on the use of deep-rooted pedigrees in human population genetics*. *American Journal of Physical Anthropology*, 2013; 150: 505-511.
- M.H.D. LARMUSEAU, C. OTTONI, J.A.M. RAEYMAEKERS *et al*, *Temporal differentiation across a West-European Y-chromosomal cline - genealogy as*

a tool in human population genetics. *European Journal of Human Genetics*, 2012; 20: 434-440.

- M.H.D. LARMUSEAU, N. VANDERHEYDEN, A. VAN GEYSTELEN *et al*, *Increasing phylogenetic resolution still informative for Y chromosomal studies on West-European populations*. *Forensic Science International-Genetics*, 2014; 9: 179-185.
- O. LAO, E. ALTENA, C. BECKER *et al*, *Clinical distribution of human genomic diversity across the Netherlands despite archaeological evidence for genetic discontinuities in Dutch population history*. *Investigative Genetics*, 2013; 4: 9.
- P. RALPH, G. COOP, *The geography of recent genetic ancestry across Europe*. *PLoS Biology*, 2013; 11: e1001555.
- G. REDMONDS, T. KING, D. HEY, *Surnames, DNA, & Family History*, Oxford, Oxford University Press, 2011.
- P.A. ZALLOUA, D.E. PLATT, M. EL SIBAI *et al*, *Identifying genetic traces of historical expansions: Phoenician footprints in the Mediterranean*. *American Journal of Human Genetics*, 2008; 83: 633-642.