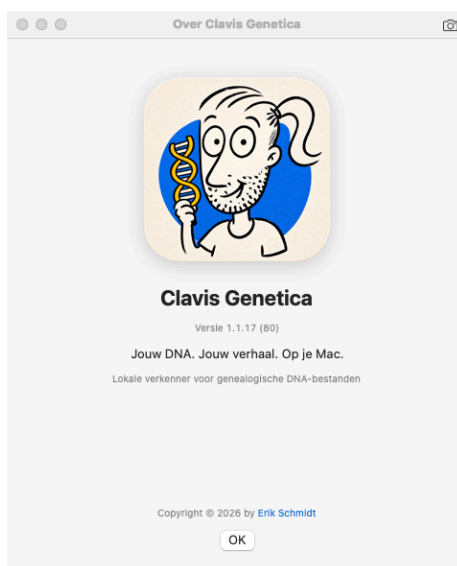


Clavis Genetica

Handleiding

Jouw DNA. Jouw verhaal. Op je Mac.



Programmaversie 1.1.17

Versie van: 10 oktober 2026

Copyright © 2026 Erik Schmidt

Inhoudsopgave

1	Inleiding	4
1.1	Waarvoor Clavis Genetica dient	4
1.2	Uitgangspunten	4
1.3	Systeemvereisten en installatie	4
1.4	Updates	5
2	Aan de slag	6
2.1	De gegevensmap	6
2.2	De voorbeeldfamilie	7
2.3	Het hoofdvenster	8
2.4	Taal wijzigen	9
2.5	De introductie	9
2.6	Schermafbeeldingen vanuit het programma	10
3	Bestanden bekijken	11
3.1	Herkomst en maker	11
3.2	Ruwe chipgegevens (autosomaal)	11
3.3	Bestand laden: samenvatting, chromosoomoverzicht en gegevens	14
3.4	Eenvoudig uitgelegd en Wat kan ik nu doen?	16
3.5	Lokaal bestand en controlegetal	17
3.6	VCF-bestanden	17
3.7	BED-bestanden	18
3.8	BAM-bestanden en reads	18
3.9	FASTA-bestanden	19
3.10	Y-STR-waarden	19
3.11	Match- en segmentlijsten	20
4	Herkomst en haplogroepen	21
4.1	Moederlijke haplogroep (mtDNA)	21
4.2	Vaderlijke haplogroep (Y-DNA)	22
4.3	Tweede mening van FamilyTreeDNA	23
4.4	Oud DNA op je lijn	24

5	Y-DNA en Big Y	25
5.1	Big Y-dataset controleren	25
5.2	Y-matchlijst	27
5.3	De STR-klok	28
6	Bestanden vergelijken	29
6.1	Twee bestanden vergelijken	29
6.2	Vergelijking van meerdere personen en triangulatie	36
6.3	Ouderzijden scheiden (phasing)	37
7	Matchlijsten en segmenten	39
7.1	De matchlijst	39
7.2	De segmentlijst en het afstemmen van namen	42
7.3	Overlappende segmenten	43
8	Familie en stamboom	49
8.1	Personen	49
8.2	Stamboom laden en koppelen	51
8.3	Stamboom ↔ DNA	51
8.4	Stamboom analyseren	52
8.5	De chromosoomkaart	53
8.6	Het familierapport	56
9	Onderzoekshulpmiddelen	57
9.1	Het onderzoekslogboek	57
9.2	Matches met de hand	58
9.3	Gedeelde cM opzoeken	59
9.4	Markers in alle bestanden zoeken	60
10	Gegevens, privacy en instellingen	62
10.1	Referentiegegevens	62
10.2	Privacy en beveiliging	63
10.3	Omzetten voor upload	65
10.4	Medische gegevens	66
10.5	Instellingen	66
11	Hulp in het programma	68

A	Menu's en sneltoetsen	70
B	Ondersteunde bestanden	71
C	Als er iets misgaat	72

Inleiding

1.1 Waarvoor Clavis Genetica dient

Wie een DNA-test voor stamboomonderzoek heeft gedaan, kan bij de aanbieder meestal de „ruwe gegevens” downloaden: bestanden met cryptische namen en honderdduizenden regels. Clavis Genetica opent deze bestanden, herkent van welke aanbieder en van welke persoon ze komen, en legt in begrijpelijke taal uit wat erin staat, waarvoor ze nuttig zijn en waar hun grenzen liggen.

Daarnaast analyseert het programma de gegevens: het bepaalt haplogroepen, vergelijkt bestanden van verwanten, controleert Big Y-datasets, werkt met matchlijsten en segmenten, vindt groepen matches die op dezelfde plaats liggen, tekent een chromosoomkaart en verbindt dat alles met je eigen stamboom.

1.2 Uitgangspunten

- **Alles blijft op de Mac.** Clavis uploadt geen DNA-gegevens. Het programma gaat alleen online om naar updates te zoeken en om openbare referentiegegevens te downloaden als jij daar uitdrukkelijk om vraagt (paragraaf 10.1).
- **Clavis wijzigt geen enkel DNA-bestand.** Je eigen gegevens (notities, personen, stamboom, kaarten) bewaart het programma apart in zijn eigen map. Enige uitzondering: op het bovenste niveau van de gegevensmap legt Clavis het kleine bestand `clavis-project.json`, waaraan het de map herkent (paragraaf 2.1).
- **Aanwijzingen in plaats van beweringen.** Waar het programma iets herkent of schat, noemt het de basis en de zekerheid. Schattingen van verwantschap, groepen en tijden zijn uitspraken over waarschijnlijkheid, geen bewijzen.

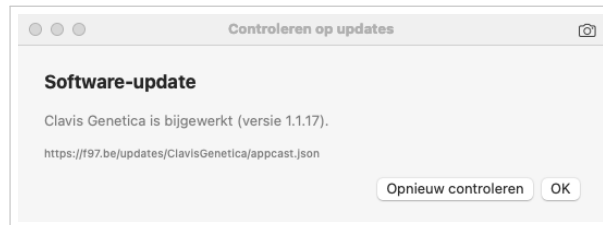
1.3 Systeemvereisten en installatie

Clavis Genetica werkt op macOS vanaf versie 14 (Sonoma). Het programma wordt geleverd als DMG-bestand: open de DMG, sleep Clavis Genetica naar de map Programma's en start het. Naast het programma bevat de DMG deze handleiding als pdf in de vier programmatalen: `Handbuch (Deutsch).pdf`, `Manual (English).pdf`, `Manuel (Français).pdf` en `Handleiding (Nederlands).pdf`.

Het programma is beschikbaar in het Duits, Engels, Frans en Nederlands. Bij de eerste start neemt het de systeemtaal over als dat een van deze vier is, anders Engels. Je kunt de taal altijd wijzigen met de vlaggen rechtsboven in de knoppenbalk (paragraaf 2.4).

1.4 Updates

Bij elke start zoekt Clavis één keer op de achtergrond naar een nieuwe versie. Is er een, dan opent het venster **Controleren op updates**. Zelf controleren doe je via Clavis Genetica › Controleren op updates (⌘⌘U) of in de instellingen.



Figuur 1.1: Het venster **Controleren op updates** als het programma bijgewerkt is.

Is er een update beschikbaar, dan toont het venster de versie-informatie en de knoppen **Later** en **Downloaden, installeren en herstarten**. De download wordt vóór de installatie gecontroleerd: hij moet van de updateserver komen, en controlegetal, handtekening, bundle-ID, versie en ontwikkelaars-ID moeten kloppen. Pas dan vervangt een hulpprogramma de app en start het die opnieuw. Gaat er iets mis, dan blijft de oude versie behouden.

Staat de updateserver in je lokale netwerk, dan vraagt macOS om toegang tot het lokale netwerk. Mislukt de controle: open Systeeminstellingen › Privacy en beveiliging › Lokaal netwerk en zet daar **Clavis Genetica** aan.

Aan de slag

2.1 De gegevensmap

Clavis werkt met een **gegevensmap** waarin je DNA-bestanden staan. Het **eerste niveau van submappen is de persoon**: alles wat in `data/erik/...` staat, hoort bij „erik”. Diepere mappen dienen alleen om te ordenen. Aanbevolen is:

```
data/
  erik/
    atDNA/      ruwe chipgegevens (MyHeritage, FTDNA, AncestryDNA, 23andMe ...)
    Y-DNA/      Big Y: CSV-exports, variants.vcf, regions.bed, .bam + .bai
    mtDNA/      FASTA
  horst/
    atDNA/
```

2.1.1 Een map openen

Een map kies je via

- de knop **Openen** in de knoppenbalk,
- Archief › Bestand of map openen... () ,
- **Gegevensmap kiezen** in het lege startscherm of in de instellingen,
- of door een map naar het venster te slepen (dan verschijnt „Sleep een map of DNA-bestanden hierheen”).

Een map wordt de nieuwe gegevensmap. Losse bestanden worden aan de lijst toegevoegd; als persoon geldt dan de naam van de map waarin ze staan. Clavis onthoudt de gegevensmap, ook als je hem later verplaatst of hernoemt. **Opnieuw inlezen** () leest hem opnieuw in.

Ligt de gekozen map een niveau te hoog (één enkele „persoon” die zelf meerdere persoonsmappen bevat), dan vraagt Clavis: „Deze map ligt waarschijnlijk één niveau te hoog”, met knoppen om de juiste map te openen en **Zo laten**.

2.1.2 Wat wordt ingelezen

Clavis leest bestanden met de extensies `.csv`, `.tsv`, `.txt`, `.vcf`, `.bed`, `.bam`, `.bai`, `.fasta`, `.fa`, `.fas` en `.fna`, een gVCF ook met de extensie `.gvcf`. Vergelijken kan een gVCF wel alleen met de extensie `.vcf` (bijvoorbeeld `monster.g.vcf`). Bij het inlezen kijkt het alleen naar de eerste 64 KB van elk bestand (bij BAM alleen naar de header). De eigenlijke inhoud leest het pas als je in de detailweergave op **Bestand laden** klikt. Zo blijft ook een map met grote BAM-bestanden snel.

ZIP- en GZ-archieven worden automatisch één keer uitgepakt in een privé-tussenopslag; hun bestanden verschijnen als „Archief.zip > Bestand.csv”. Archieven boven 1 GB worden niet automatisch uitgepakt; wordt de uitgepakte inhoud groter dan 20 GB, dan breekt Clavis het uitpakken af. Kon een archief niet worden uitgepakt, dan staat het als één item met uitleg in de lijst.

Stambomen (.ged, .gramps) verschijnen niet in de bestandenlijst; ze worden geladen in het venster **Personen** (hoofdstuk 8). Staat er precies één GEDCOM-bestand op het bovenste niveau van een gegevensmap waarvoor nog geen stamboom is geladen, dan neemt Clavis het automatisch over.

Je eigen werk hoort bij de gegevensmap

Persoonsprofielen, stamboom, notities en groepen bij matches, naamkoppelingen, chromosoomkaarten en het onderzoekslogboek horen bij de gegevensmap waarin je ze hebt aangemaakt. Wissel je van map, dan legt Clavis ze opzij en zet het die van de nieuwe map in de plaats. Keer je terug, dan is alles er weer. Kan de nieuwe map niet worden geopend (bijvoorbeeld omdat de opgeslagen werkstand ervan beschadigd is), dan meldt Clavis dat de map niet kon worden geopend en noemt het de reden; de vorige gegevensmap blijft dan met je werk geopend, en er wordt niets gewijzigd.

Om een map te herkennen, legt Clavis op het bovenste niveau ervan het bestand `clavis-project.json` (een ID, de mapnaam, het pad en de programmaversie; geen DNA-gegevens). Het verschijnt niet in de bestandenlijst. Verwijder het niet: daarmee vindt Clavis je werk ook terug als je de map hernoemt of verplaatst. Kopieer je de map in de Finder, dan krijgt de kopie bij het eerste openen een eigen ID en een kopie van de bestaande werkstand; daarna zijn beide onafhankelijk. Is de map tegen schrijven beveiligd, dan onthoudt Clavis de koppeling alleen intern.

Kan Clavis een wijziging aan personen, onderzoekslogboek, matches met de hand of notities bij matches niet bewaren (bijvoorbeeld omdat de schijf vol is), dan staat in het venster in oranje „Je wijzigingen konden niet worden opgeslagen: ...” met de reden en de knop **Opnieuw opslaan**.

Maak regelmatig een back-up van je eigen werk met **Eigen werk veiligstellen** (paragraaf 10.2), vooral vóór een programma-update.

De versies 1.1.13 tot 1.1.16 laadden het werk bij een gegevensmap die je vóór de eerste wissel had gebruikt, bij het terugkeren soms niet meer; verloren was het niet. Vanaf versie 1.1.17 haalt Clavis dit werk bij de start of bij het wisselen naar die map één keer zelf terug; het vult alleen aan wat in de huidige stand ontbreekt en overschrijft niets. De oude opslag blijft als veiligheidskopie in de programmamap staan.

2.2 De voorbeeldfamilie

Om te oefenen zonder eigen gegevens maakt Clavis een **volledig verzonnen familie** aan. De knop **Voorbeeldfamilie aanmaken** vind je in het lege startscherm en in de instellingen onder **Gegevensmap**. Clavis vraagt waar de map „Clavis-Voorbeeldfamilie” moet komen, maakt hem aan (een bestaande map wordt nooit overschreven) en biedt aan hem meteen te openen: **Voorbeeldfamilie openen**.

De voorbeeldfamilie bevat

- voor **Anna Peeters** (geboren 1988) een matchlijst met 42 matches en een segmentlijst met

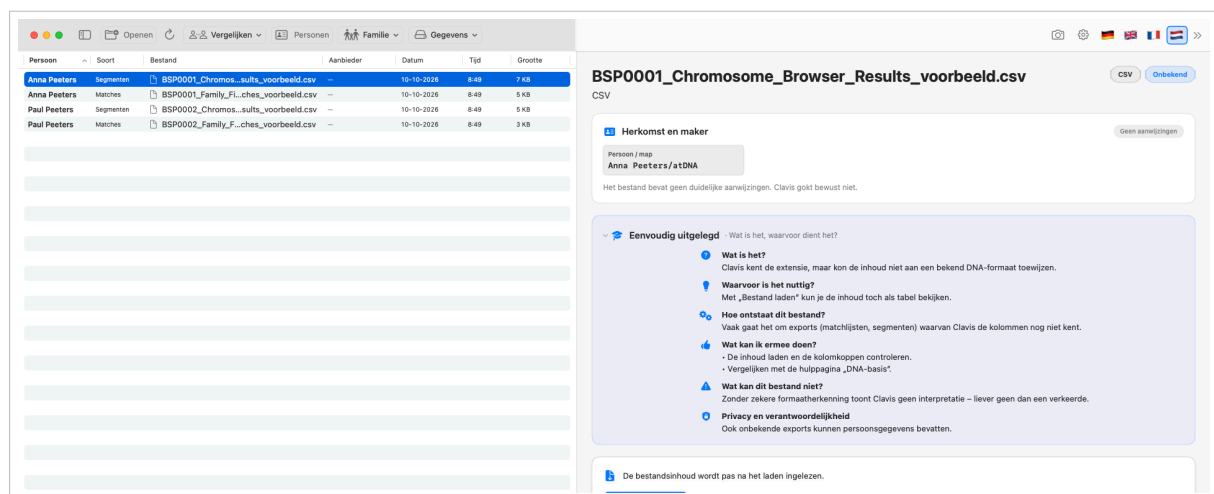
134 segmenten in het formaat van FamilyTreeDNA,

- voor haar vader **Paul Peeters** een matchlijst met 26 matches en 109 segmenten,
- een stamboom `Voorbeeldfamilie.ged` met 32 personen, die bij het openen meteen wordt geladen,
- een bestand `LEESMIJ.txt` met tips over wat er te ontdekken valt: verwanten van vaderkant staan ook in Pauls lijst, op de chromosomen 7 en 11 overlappen meerdere matches, op chromosoom 15 ligt een stapelgebied, en „Rika Goossens” staat niet in de stamboom – waar hoort zij thuis? Het bestand is geen DNA-bestand; Clavis toont het niet in de bestandenlijst.

De voorbeeldfamilie bevat geen ruwe gegevens; haplogroepen en vergelijkingen van ruwe gegevens kun je er niet mee tonen. Met Nederlands als programmataal heet de map „Clavis-Voorbeeldfamilie” en dragen de personen Vlaamse namen; in de andere programmatalen heet hij „Clavis-Beispielfamilie”. Terug naar je eigen gegevens ga je via **Gegevensmap kiezen**; je eigen werk blijft daarbij onaangeroerd.

Bijna alle afbeeldingen van matchlijsten, segmenten, groepen en stamboom in deze handleiding tonen de voorbeeldfamilie.

2.3 Het hoofdvenster



Figuur 2.1: Het hoofdvenster met de voorbeeldfamilie: links de bestandenlijst, rechts de detailweergave van het gekozen bestand.

Het hoofdvenster heeft twee kolommen: links de **bestandenlijst**, rechts de **detailweergave** van het gekozen bestand (hoofdstuk 3).

2.3.1 De bestandenlijst

Je sorteert de kolommen met een klik op de kop (een tweede klik keert de richting om); standaard wordt gesorteerd op persoon en dan op bestand.

Persoon	Naam van de persoonsmap (eerste niveau).
Soort	Korte code van het bestand: atDNA, mtDNA, Big Y, Y-STR, Y-SNP, Y-DNA, BED, Seq., Segmenten, Matches. De tooltip noemt het soort gegevens.
Bestand	Gekleurd symbool per soort gegevens (blauw autosomaal, roze mtDNA, oranje Y, paars BED, turkoois sequentie) en bestandsnaam. Een oranje dubbel document waarschuwt voor een vermoedelijk duplicaat (zelfde naam en zelfde grootte in een andere map).
Aanbieder	Herkende aanbieder (FamilyTreeDNA als „FTDNA”); de tooltip noemt product en kit.
Datum, Tijd, Grootte	Wijzigingsdatum en grootte van het bestand.

Onder de lijst staan „Lokaal verwerkt”, de melding „Je bestanden verlaten deze Mac niet.”, het pad van de gegevensmap en de knop **Clavis Genetica afsluiten**.

2.3.2 De knoppenbalk

Van links naar rechts:

Openen gegevensmap of losse bestanden openen.

Opnieuw inlezen
de gegevensmap opnieuw inlezen (cirkelpijl).

Vergelijken menu met **Gekozen bestand met een tweede vergelijken**, **Vergelijking van meerdere personen**, **Overlappende segmenten** en **Gedeelde cM opzoeken** (hoofdstuk 6).

Personen het venster **Personen** (hoofdstuk 8).

Familie menu met **Stamboom analyseren**, **Chromosoomkaart**, **Ouderzijden scheiden (phasing)**, **Onderzoekslogboek** en **Matches met de hand**.

Gegevens menu met **Omzetten voor upload**, **Familierapport (PDF)**, **Referentiegegevens**, **Privacy en beveiliging** en, indien ingeschakeld, **Medische varianten**.

Markers zoeken
zoeken in alle bestanden.

Helemaal rechts: de camera (**Schermafbeelding van het venster**), het tandwiel (**Instellingen**) en vier vlaggen voor de taal.

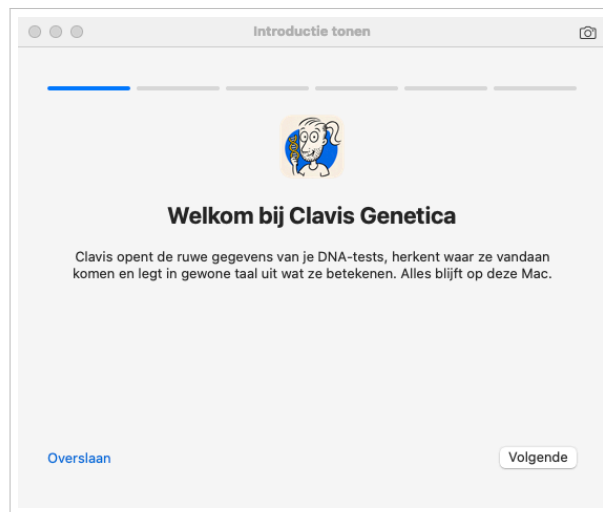
2.4 Taal wijzigen

Een klik op een van de vier vlaggen (Duits, Engels, Frans, Nederlands) rechtsboven zet de taal meteen om; de actieve vlag heeft een rand. De keuze wordt onthouden. Je kunt ook **Instellingen** › **Taal gebruiken**. De menu's en knoppen die macOS zelf levert (zoals **Voorzieningen**, **Verberg** en **Stop** in het programmamenu, de menu's **Wijzig** en **Venster** of **Verberg navigatiekolom**), volgen de gekozen taal pas na de volgende start van Clavis.

2.5 De introductie

Bij de eerste start opent de introductie (venster **Introductie tonen**) met zes stappen: **Welkom**, **Map kiezen**, **Bestand kiezen**, **Begrijpen**, **Vergelijken** en **ontdekken**, „Je gegevens blijven bij jou”.

Je bladert met **Volgende** en **Terug** of stopt met **Overslaan**. Later vind je ze onder Help › Introductie tonen of in de instellingen.



Figuur 2.2: De eerste stap van de introductie.

2.6 Schermafbeeldingen vanuit het programma

Elk venster van Clavis heeft rechts in de titelbalk een **camerasymbool**. Een klik bewaart een afbeelding van precies dat venster als PNG op het bureaublad, met titelbalk, zonder schaduw en zonder muisaanwijzer, op Retina-schermen in dubbele resolutie. De naam luidt „Clavis-
<venstertitel>-<datum>-<tijd>.png”; de Finder toont het bestand daarna. Met Gegevens › Schermafbeelding van het venster (⌘⇧S) wordt het voorste venster vastgelegd, met een geopend blad (bijvoorbeeld een kwaliteitsrapport). Uitgeklapte menu's en pop-ups zijn op de afbeelding niet te zien.

Bestanden bekijken

Kies je links een bestand, dan toont de detailweergave rechts alles wat Clavis erover weet. Bovenaan staan bestandsnaam, formaat en soort, bij vergelijkbare bestanden ook de knop **Vergelijken**.... Daaronder volgen kaarten; welke dat zijn, hangt af van het soort bestand.

3.1 Herkomst en maker

Deze kaart verschijnt bij elk bestand. Ze noemt, voor zover herkenbaar, **Persoon / map, Aanbieder / lab, Test / product, Kitnummer, Geteste persoon (volgens bestand), Monster-/sequencing-ID, Gemaakt / geëxporteerd, Referentiegenoom** en **Programma's / pipeline**.

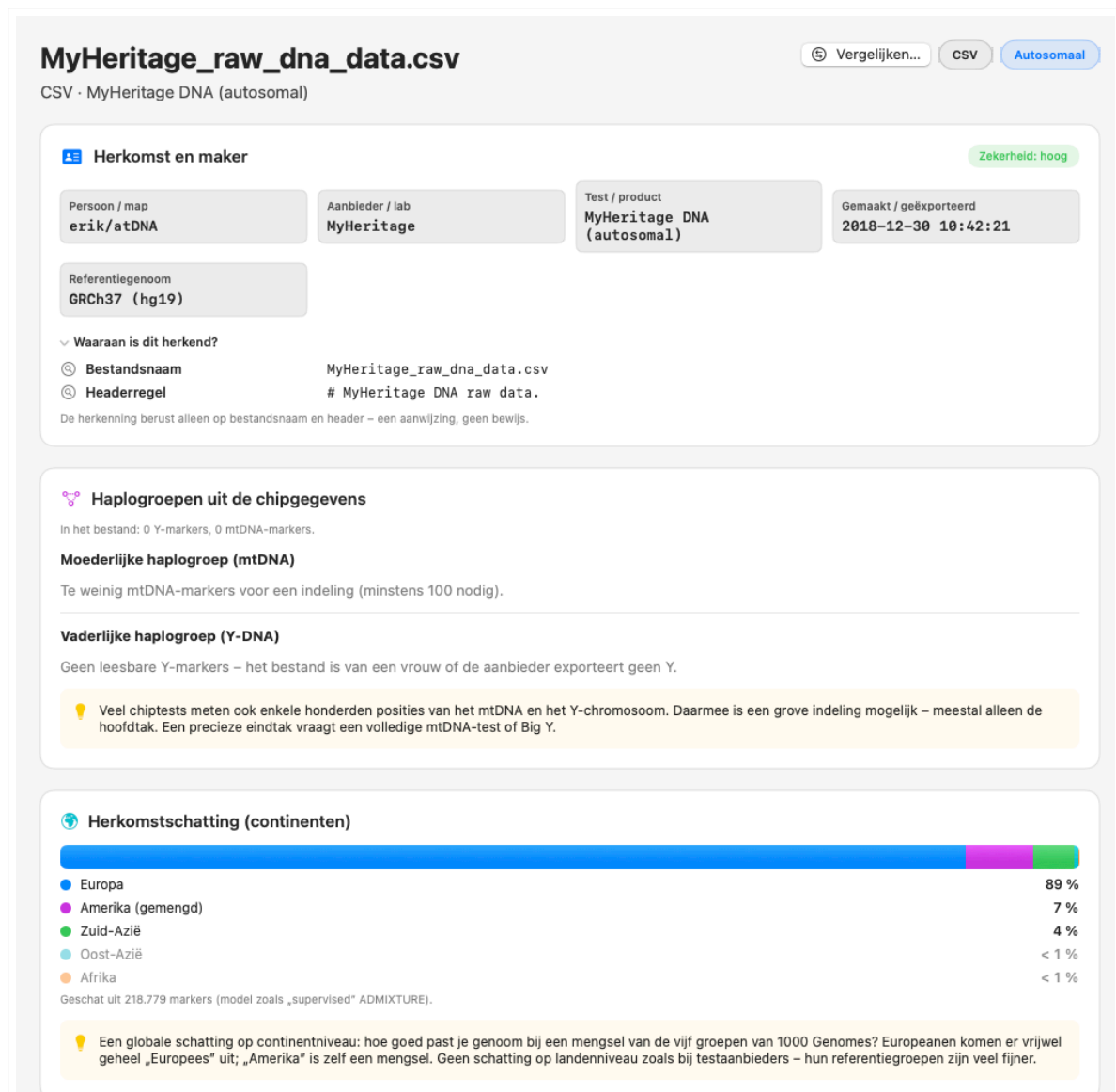
Rechtsboven staat hoe zeker de herkenning is: **Zekerheid: hoog** (eenduidige markering in de header of typisch patroon in de bestandsnaam), **middel** (typisch formaat) of **laag** (aanwijzing uit de omgeving). Uitgeklapt toont **Waarom is dit herkend?** elk spoor afzonderlijk, bijvoorbeeld de bestandsnaam, de kopregel, typische kolommen of markers. Vindt Clavis geen duidelijke aanwijzingen, dan gokt het bewust niet.

Herkend worden onder meer MyHeritage, FamilyTreeDNA (Family Finder, Big Y, Y-STR, SNP-resultaten, mtDNA), AncestryDNA, 23andMe en Living DNA, het referentiegenoom (GRCh37, GRCh38, T2T) en analyseprogramma's zoals DRAGEN, GATK, Sentieon en DeepVariant. Onder **Hoort bij** linkt de kaart naar bestanden van dezelfde kit of hetzelfde monster, bijvoorbeeld BAM en BAI.

De herkenning berust alleen op bestandsnaam en header. Bestanden kunnen hernoemd zijn – de gegevens zijn aanwijzingen, geen bewijzen.

3.2 Ruwe chipgegevens (autosomaal)

Ruwe chipgegevens van MyHeritage, FamilyTreeDNA (Family Finder), AncestryDNA, 23andMe en Living DNA bevatten enkele honderdduizenden meetpunten (markers) met het genotype van de persoon. Clavis toont er drie analyses voor, zonder dat het bestand eerst geladen hoeft te worden.



Figuur 3.1: Ruwe chipgegevens: herkomst en maker, haplogroepen uit de chipgegevens en de herkomstschatting.

3.2.1 Haplogroepen uit de chipgegevens

Veel chips meten daarnaast enkele honderden posities van het mtDNA en het Y-chromosoom. Clavis noemt hoeveel Y- en mtDNA-markers het bestand bevat en deelt ze, als er genoeg zijn, grof in de stamboom in – meestal alleen tot de hoofdtak.

- **mtDNA** heeft minstens 100 leesbare posities nodig.
- **Y-DNA** heeft de Y-SNP-posities van YBrowse nodig (te laden onder **Referentiegegevens**, 3,8 MB) en een bestand in GRCh37. Er is alleen een resultaat als minstens drie afgeleide SNP's op één lijn liggen. Veel chips (bijvoorbeeld AncestryDNA) meten nauwelijks benoemde Y-SNP's.

Voor een precieze eindtak heb je een volledige mtDNA-test of Big Y nodig (hoofdstukken 4 en 5).

3.2.2 Herkomstschatting (continenten)

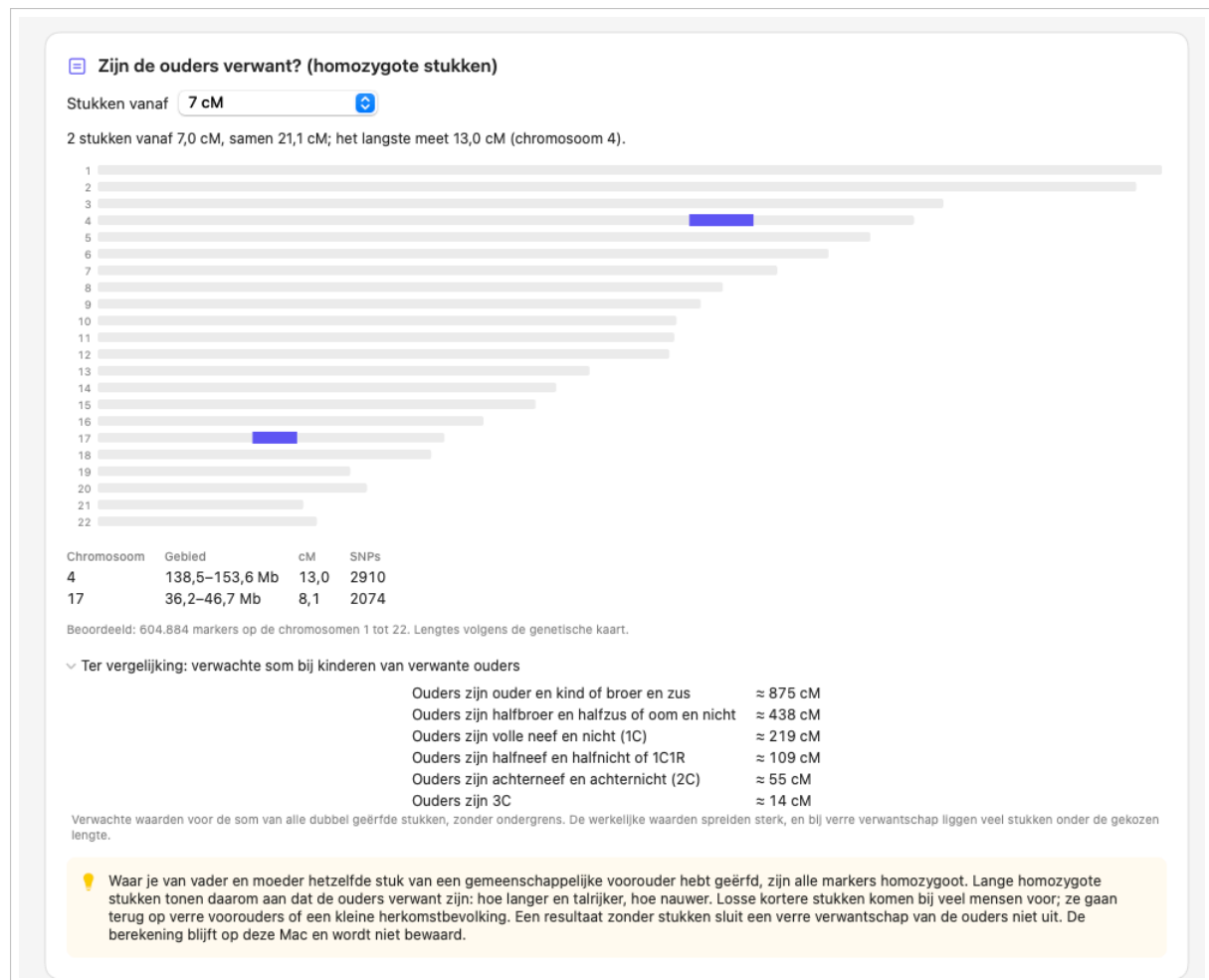
Een klik op **Schatten** berekent hoe goed de gegevens passen bij een mengsel van vijf groepen uit 1000 Genomes: Afrika, Amerika (gemengd), Oost-Azië, Europa en Zuid-Azië. Daarvoor zijn de **allelfrequenties uit 1000 Genomes** nodig (onder **Referentiegegevens**, 1,46 GB download) en een bestand in GRCh37. Er wordt gerekend met maximaal 200.000 markers volgens het model van ADMIXTURE „supervised”.

De schatting is grof en geldt alleen op continentniveau. Europeanen komen er vrijwel geheel „Europees” uit; „Amerika” is zelf een mengsel. Een nauwkeurigheid op landen-niveau zoals bij de testbedrijven is er niet – hun referentiegroepen zijn veel fijner.

3.2.3 Zijn de ouders verwant? (homozygote stukken)

Erf je op een plaats van vader en moeder hetzelfde stuk van een gemeenschappelijke voorouder, dan zijn daar alle markers homozygoot. Lange homozygote stukken wijzen er daarom op dat de ouders met elkaar verwant zijn: hoe langer en talrijker, hoe nauwer.

Een klik op **Stukken zoeken** doorzoekt de chromosomen 1 tot 22. Met **Stukken vanaf** kies je de minimale lengte (5, 7 of 10 cM). Clavis toont het aantal stukken, hun som en het langste, een grafiek van de 22 chromosomen en een tabel met ligging, cM en aantal markers. Uitgeklapt geeft **Ter vergelijking: verwachte som bij kinderen van verwante ouders** richtwaarden, van broer en zus tot achterachterneef en -nicht.



Figuur 3.2: Homozygote stukken: chromosoombeeld, tabel en vergelijkingswaarden.

- Een stuk heeft minstens 300 markers en 50 markers per megabase nodig; gaten van meer dan 2 Mb beëindigen het. Eén heterozygote marker midden in een stuk geldt als leesfout.
- Met een geladen **genetische kaart** (referentiegegevens) zijn de cM exact, anders geschat.
- De functie heeft ruwe chipgegevens met minstens 50.000 markers nodig; een VCF noemt alleen afwijkende posities en is niet geschikt.

Enkele kortere stukken komen bij veel mensen voor; ze gaan terug op verre voorouders of op een kleine herkomstbevolking. Een resultaat zonder stukken sluit een verre verwantschap van de ouders niet uit. De berekening blijft op deze Mac en wordt niet bewaard.

3.3 Bestand laden: samenvatting, chromosoomoverzicht en gegevens

De eigenlijke inhoud van een bestand wordt pas gelezen als je op **Bestand laden** klikt. Tijdens het laden staat daar **Bestand wordt geladen...** met een voortgangsbalk en de knop **Annuleren**. Mislukt het laden, dan verschijnt een kader met de oorzaak, bijvoorbeeld „Bestand niet gevonden”, „Bestand is leeg” of „Ongeldig bestandsformaat: ...”, en de knop **Opnieuw proberen**. Na het laden verschijnen:

Samenvatting

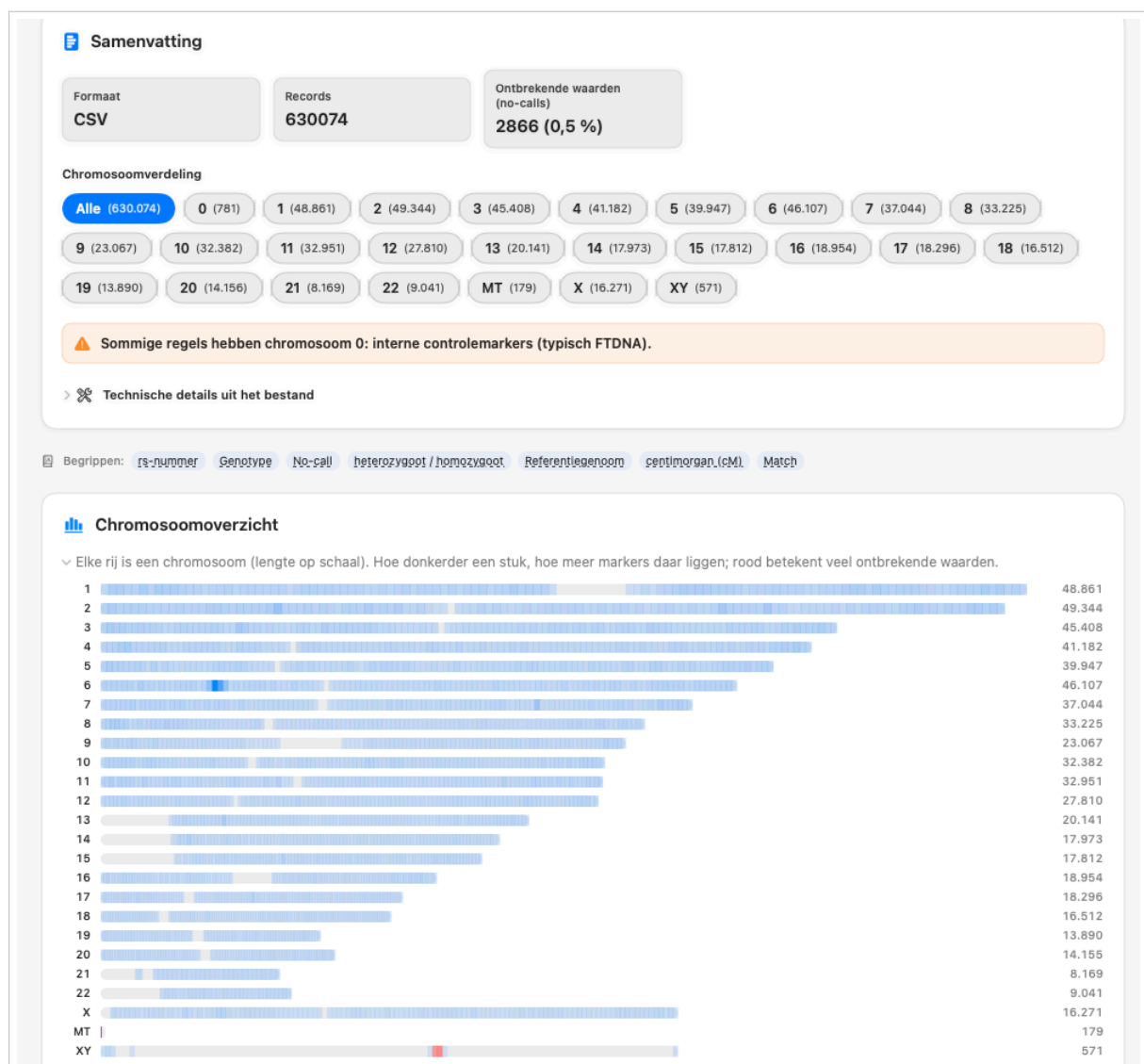
Formaat, aantal records, ontbrekende waarden (no-calls), referentiegenoom; daaronder de verdeling over de chromosomen als aanklikbare filters en eventueel waarschuwingen, bijvoorbeeld „Sommige regels hebben chromosoom 0” (interne controlemarkers van de chip, geen fouten). **Technische details uit het bestand** toont alle gegevens uit de header.

Chromosoomoverzicht

Elke regel is een chromosoom, op schaal. Hoe donkerder een stuk, hoe meer meetpunten er liggen; rode plekken hebben veel ontbrekende waarden. Bij BED-bestanden toont het overzicht het gedekte gebied.

Gegevensviewer

De records als tabel met zoekfunctie en pagina's van 100 regels. Een klik op een regel toont de details: referentie en variant, bij VCF de meetwaarden van het monster (FORMAT) en de technische waarden (INFO) met uitleg als je erover beweegt, de positie in het andere referentiegenoom (als de liftover-gegevens geladen zijn) en de **Originele bronregel** met **Regel kopiëren**.



Figuur 3.3: Samenvatting en chromosoomoverzicht van een geladen chipbestand.

Gegevensviewer 630.074 records

Q Zoeken... 1 / 6.301

Variant	Chromosoom	Positie	Genotype	Kwaliteit (QUAL)	Filter
2010-08-Y-1221	0	0	AA	—	—
2010-08-Y-1364	0	0	GG	—	—
2010-08-Y-1995	0	0	TT	—	—
2010-08-Y-2045	0	0	CC	—	—
2010-08-Y-3042	0	0	TT	—	—
2010-08-Y-3189	0	0	AA	—	—
2010-08-Y-3314	0	0	TT	—	—
2010-08-Y-3348	0	0	TT	—	—
2010-08-Y-3576	0	0	TT	—	—

2010-08-Y-3042 TT

Chr 0 : 0

Originele bronregel Regel kopiëren

2010-08-Y-3042, 0, 0, TT

Figuur 3.4: De gegevensviewer met een gekozen regel en de originele regel.

Onder de gegevens legt **Gedetailleerde uitleg** de kolommen van het soort bestand uit (bij chipgegevens: RSID, chromosoom en positie, genotype, no-calls). Clavis houdt hoogstens drie geladen bestanden in het geheugen; valt er een uit, dan verschijnt weer **Bestand laden**. Het net gekozen bestand en bestand 1 van een vergelijking vallen er nooit uit.

3.4 Eenvoudig uitgelegd en Wat kan ik nu doen?

Eenvoudig uitgelegd beantwoordt voor elk soort bestand zes vragen: Wat is het? Waarvoor is het nuttig? Hoe ontstaat dit bestand? Wat kan ik ermee doen? Wat kan dit bestand niet? Privacy en verantwoordelijkheid. Of de kaart bij het openen uitgekapt is, stel je in de instellingen in. Klap je ze bij een bestand in of uit, dan geldt dat alleen voor deze weergave; de instelling blijft zoals ze is.

✓ **Eenvoudig uitgelegd** · Wat is het, waarvoor dient het?

Wat is het?
Dit bestand is het resultaat van een DNA-chiptest (genotypering), zoals MyHeritage, FamilyTreeDNA (Family Finder), AncestryDNA of 23andMe die aanbieden. Uit je speeksel- of wanguitstrijkje zijn op zo'n 600.000–700.000 gekozen plekken in het genoom de „letters” A, C, G, T gemeten. Elke regel is zo'n meetpunt: kenmerk (rs-nummer), chromosoom, positie en jouw resultaat, bijv. „AG” – één letter van je moeder, één van je vader.

Waarvoor is het nuttig?
Autosomaal DNA (chromosomen 1–22) erf je voor de helft van je moeder en voor de helft van je vader – en dus een stukje van alle voorouderlijnen, niet alleen van de directe vaders- of moederslijn. Daarom is het het belangrijkste hulpmiddel om verwanten via alle lijnen te vinden (betrouwbaar tot ongeveer achterachterneven) en om herkomst-schattingen te maken. Hoe verder de verwantschap, hoe minder gedeeld DNA overblijft.

Hoe ontstaat dit bestand?
Het lab leest de chip uit en koppelt elk signaal aan een positie in het menselijk referentiegenoom (meestal GRCh37). Daarna download je de ruwe gegevens uit je account. De kopregels (beginnend met #) noemen vaak aanbieder, datum en referentie – precies die sporen gebruikt Clavis om de maker te herkennen.

Wat kan ik ermee doen?

- Het bestand bij andere aanbieders of diensten uploaden (MyHeritage, FamilyTreeDNA, GEDmatch) om meer verwanten te vinden – meestal gratis.
- Twee personen vergelijken (bijv. „erik” en „horst”) om een vermoede verwantschap te controleren – direct in Clavis met „Vergelijken”.
- Markers opzoeken of de kwaliteit controleren (aandeel ontbrekende waarden).
- Het bestand als back-up bewaren – aanbieders kunnen accounts sluiten.

Wat kan dit bestand niet?
Het is geen volledige DNA-sequentie: slechts ongeveer 0,02 % van alle posities is gemeten. Het bevat geen herkomst-schatting en geen matchlijst – die berekent de aanbieder. Medische conclusies zijn onbetrouwbaar: chipdata hebben een foutmarge en zijn niet medisch gevalideerd. Regels met „--” zijn gaten, geen resultaten.

Privacy en verantwoordelijkheid
DNA zegt altijd ook iets over je ouders, broers en zussen, kinderen en neven. Upload ruwe gegevens alleen waar je de voorwaarden vertrouwt en met toestemming van de geteste persoon. Clavis verwerkt alles uitsluitend op deze Mac – er wordt niets verstuurd.

Figuur 3.5: „Eenvoudig uitgelegd” uitgeklaapt.

Wat kan ik nu doen? geeft genummerde voorstellen per soort bestand en biedt passende knoppen: **Vergelijken...**, **Familierapport (PDF)** en bij autosomale ruwe chipgegevens **Omzetten voor upload**.

3.5 Lokaal bestand en controlegetal

Helemaal onderaan toont **Lokaal bestand** pad, grootte en datum met de knop **Toon in Finder**, en het **SHA-256-controlegetal** van het hele bestand om te kopiëren (tot 50 MB automatisch, daarboven met een knop). Het controlegetal is een „vingerafdruk”: komt het bij een kopie overeen, dan is de kopie ongewijzigd en volledig – ideaal om back-ups te controleren.

3.6 VCF-bestanden

Een VCF (Variant Call Format) somt de posities op waar het monster van de referentie verschilt, met genotype, kwaliteit en filter. Clavis leest de eerste monsterkolom. In de gegevensviewer toont de detailweergave van een regel daarnaast **Monsterwaarden (FORMAT)** en **Technische waarden (INFO)**. De gedetailleerde uitleg beschrijft REF en ALT, genotype (0/1, 1/1), QUAL (Phred 20 = 99 %, 30 = 99,9 %), FILTER, INFO en FORMAT (AD, DP, GQ). Een Y-VCF hoort bij de Big Y-dataset (hoofdstuk 5).

Bevat het bestand meerdere monsters, dan leest Clavis alleen het eerste; de samenvatting toont dan de melding „Het VCF-bestand bevat meerdere monsters. Clavis toont er maar één – welk, staat onder „Technische details uit het bestand”, en **Technische details uit het bestand** noemt onder „Geselecteerd monster” en „Beschikbare monsters” het gelezen monster en alle aanwezige monsters. Een monster kiezen kan niet.

Een gVCF bevat daarnaast **referentieblokken**: stukken waar het monster gemeten is en met de referentie overeenkomt (regels met END= en ALT <NON_REF> of <*>). De gegevensviewer toont ze als „chromosoom:start-einde” met het genotype „0/0 (referentieblok: *n* bp)”. Gefaseerde genotypes (met |) krijgen de toevoeging „[phased]”, bijvoorbeeld „0|1 (A|G [phased])”.

Een genoom-VCF autosomaal vergelijken heeft zin als gVCF of tegen ruwe chipgegevens. Vergeleken worden alleen posities die in beide bestanden gemeten zijn; een gewone varianten-VCF noemt echter alleen de afwijkingen van de referentie. Twee zulke bestanden delen daarom meestal te weinig posities (paragraaf 6.1.2).

3.7 BED-bestanden

Een BED-bestand beschrijft regio's, bijvoorbeeld de betrouwbaar gelezen gebieden van een Big Y-test. De coördinaten zijn 0-gebaseerd en half-open [start, einde). Het chromosoomoverzicht toont het gedekte aandeel; de gegevensviewer toont chromosoom, start, einde, lengte, naam en streng. Een BED bevat nog geen genetische resultaten.

3.8 BAM-bestanden en reads

Een BAM-bestand bevat de ruwe reads van een sequencing, het BAI-bestand de bijbehorende index. Clavis leest de SAM-header en, met index, het aantal reads per contig. Na **Bestand laden** toont het onderdeel **BAM-header en referentiecontigs** de contigs met lengte en gemapte reads, de programma's van de analyse en de volledige header.

BAM-header en referentiecontigs ✔ BAI-index gevonden

ⓘ Het BAM-bestand is lokaal geverifieerd en de SAM-header is geëxtraheerd. Volledige alignment-streaming is niet geactiveerd in deze versie; er wordt geen schijnanalyse gesimuleerd.

☰ Reads op positie bekijken ⓘ

Referentiecontigs

Contig / chromosoom	Lengte (bp)	Gemapte reads
chrY	57.227.415	7.734.492
chrM	16.569	0
chr1	248.956.422	0
chr2	242.193.529	0
chr3	198.295.559	0
chr4	190.214.555	0
chr5	181.538.259	0
chr6	170.805.979	0

Programma's en pipelines

samtools v1.5 · samtools reheader /tmp/GRC183810426/0426-ebba33d9-c458-4c3a-8c70-4f4debe8569c_header_stripped.sam /tmp/GRC1838...

Figuur 3.6: BAM-bestand: BAM-header en referentiecontigs met het veld „Reads op positie bekijken”.

Met index staat daar **Reads op positie bekijken**: vul chromosoom (standaard chrY) en positie in en klik op **Reads**. Er opent een venster met de leesdiepte, de verdeling van de basen (voorwaarts en achterwaarts gelezen) en een uitsnede van de reads van ± 30 basen, waarin de gezochte kolom geel is gemarkeerd. Reads met een lage mappingkwaliteit, basen met een lage basek-

waliteit, duplicaten en overlappende mates worden niet geteld. Een echte variant toont in vrijwel alle reads van beide richtingen dezelfde base.



Figuur 3.7: Het venster „Reads op ...” bij een private variant: alle reads tonen de verwachte base.

De BAM is het enige bestand waaruit later nieuwe analyses kunnen worden gemaakt. Bewaar het blijvend.

3.9 FASTA-bestanden

FASTA-bestanden bevatten basensequenties, meestal het volledige mtDNA. Voor mtDNA bepaalt Clavis de moederlijke haplogroep (hoofdstuk 4). Na **Bestand laden** toont de **Sequentieweergave** lengte, GC-gehalte en onbekende basen (N) en de sequentie per pagina (1.200 basen per pagina, 60 per regel). Het veld **Basensequentie / motief zoeken...** springt bij een getal naar die positie en vindt bij letters het eerste voorkomen van een motief. Getoond worden de eerste 100.000 basen per sequentie.

3.10 Y-STR-waarden

Bij een Y-STR-bestand (bijvoorbeeld Y-37, Y-111 of Big Y-700) toont de kaart **Y-STR-waarden** het panel, het aantal markers en een raster van alle markers met hun waarden voor de eerste persoon in het bestand. Met **Vergelijken** berekent Clavis de genetische afstand tot een andere man (paragraaf 6.1.4).

Y-STR-waarden

Big Y-700 (797 STR) 797 markers - 1 perso(n)en

DYS393 12	DYS390 22	DYS19 14	DYS391 10	DYS385 13-18	DYS426 11	DYS388 15
DYS439 12	DYS389I 13	DYS392 11	DYS389II 32	DYS458 16	DYS459 8-9	DYS455 11
DYS454 11	DYS447 25	DYS437 14	DYS448 20	DYS449 27	DYS464 12-14-16-17	DYS460 10
Y-GATA-H4 10	YCAII 22-22	DYS456 16	DYS607 14	DYS576 15	DYS570 17	CDY 32-35
DYS442 12	DYS438 11	DYS531 11	DYS578 9	DYF395S1 15-16	DYS590 8	DYS537 11
DYS641 10	DYS472 8	DYF406S1 11	DYS511 9	DYS425 12	DYS413 21-23	DYS557 18
DYS594 10	DYS436 12	DYS490 12	DYS534 14	DYS450 8	DYS444 14	DYS481 25
DYS520 22	DYS446 13	DYS617 12	DYS568 11	DYS487 14	DYS572 11	DYS640 12
DYS492 12	DYS565 11	DYS710 37	DYS485 15	DYS632 8	DYS495 15	DYS540 12
DYS714 25	DYS716 27	DYS717 20	DYS505 12	DYS556 12	DYS549 12	DYS589 11
DYS522 13	DYS494 9	DYS533 12	DYS636 11	DYS575 10	DYS638 10	DYS462 10

Figuur 3.8: De kaart „Y-STR-waarden” van een Big Y-700.

3.11 Match- en segmentlijsten

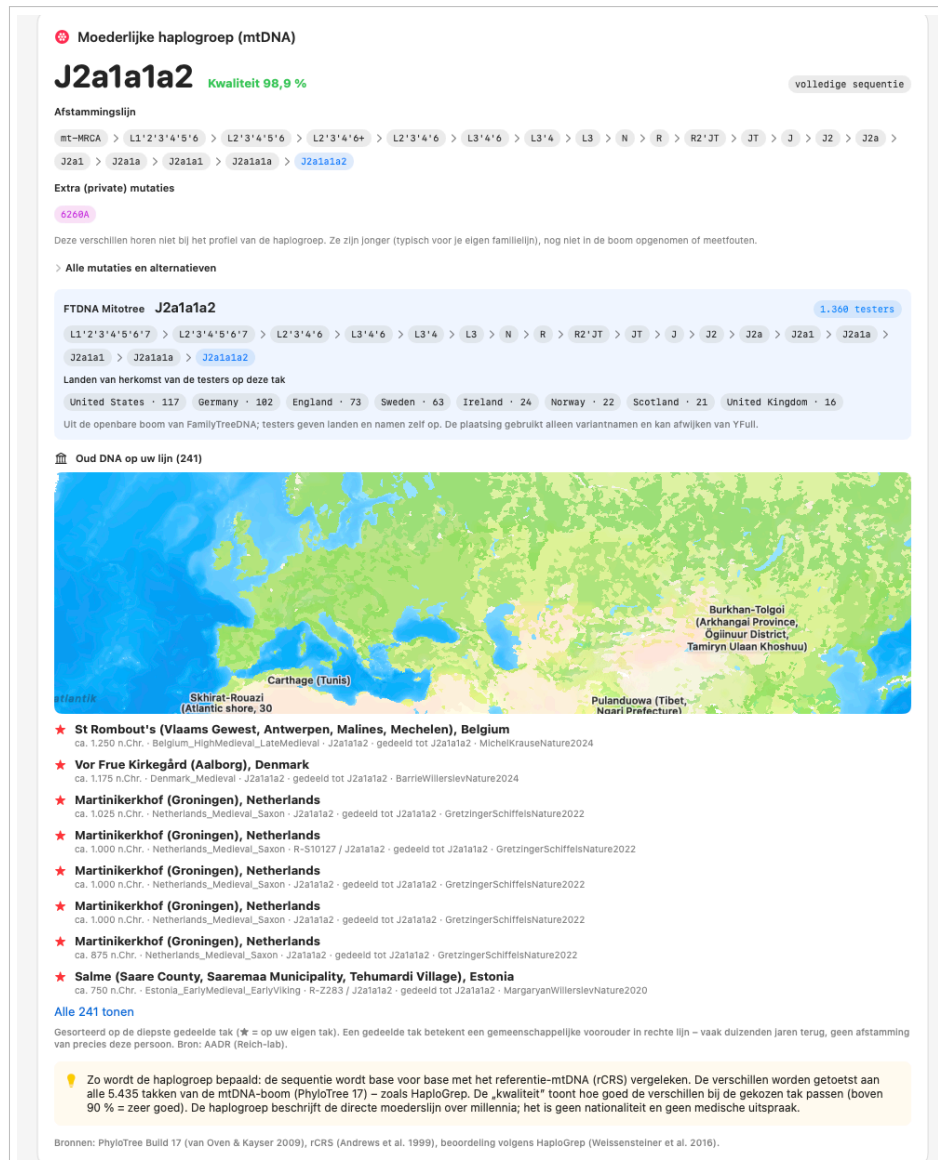
Matchlijsten en segmentlijsten van FamilyTreeDNA herkent Clavis aan hun kolommen en toont ze in eigen weergaven; ze worden beschreven in hoofdstuk 7. Y-DNA-matchlijsten staan in hoofdstuk 5.

Herkomst en haplogroepen

Een **haplogroep** is een tak in de stamboom van de mensheid. De moederlijke haplogroep volgt het mtDNA (van de moeder naar alle kinderen), de vaderlijke het Y-chromosoom (van vader op zoon). Een haplogroep is geen herkomstaanduiding in de zin van een nationaliteit en geen medische uitspraak.

4.1 Moederlijke haplogroep (mtDNA)

Bij een mtDNA-FASTA-bestand bepaalt Clavis de haplogroep meteen, zonder laden. De sequentie wordt uitgelijnd op de referentie rCRS en beoordeeld met PhyloTree Build 17 (5.435 takken) volgens de methode van HaploGrep; alles wat daarvoor nodig is, zit in het programma.



Figuur 4.1: Moederlijke haplogroep met afstammingslijn, tweede mening uit de FTDNA-Mitotree en oud DNA op de eigen lijn.

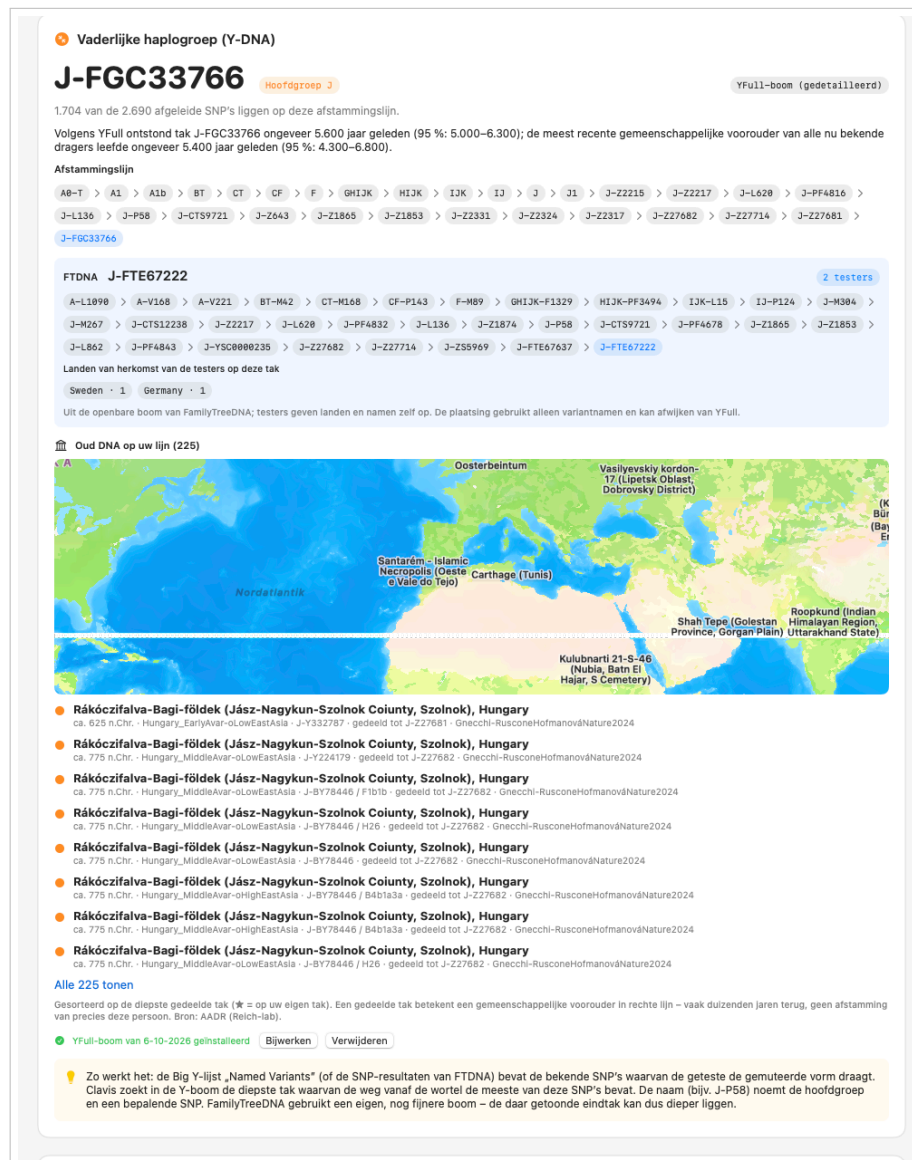
De kaart toont

- de haplogroep met de **kwaliteit** (boven 90 % zeer goed) en of de sequentie volledig is,
- de **Afstammingslijn** van de wortel tot de haplogroep,
- **Extra (private) mutaties** – jonger, nog niet in de boom of meetfouten – en **Verwacht maar niet gevonden**,
- uitgeklaapt **Alle mutaties en alternatieven**: alle verschillen met de rCRS en de volgende beste haplogroepen.

4.2 Vaderlijke haplogroep (Y-DNA)

Bij een Big Y-bestand „Named Variants” of de SNP-resultaten van FamilyTreeDNA zoekt Clavis de diepste tak op wiens lijn de meeste afgeleide SNP's liggen. Zonder download gebruikt het

een ingebouwde basisboom met ongeveer 95 grote takken. Voor de precieze eindtak laad je in dezelfde kaart de openbare YFull-boom (YFull-boom laden (≈ 15 MB) of Bestand importeren...); daarbij worden geen DNA-gegevens verstuurd. Met de YFull-boom noemt de kaart ook wanneer de tak ontstond en wanneer de laatste gemeenschappelijke voorouder van alle huidige dragers leefde.



Figuur 4.2: Vaderlijke haplogroep uit een Big Y-bestand, met YFull-boom, tweede mening van FTDNA en oud DNA.

4.3 Tweede mening van FamilyTreeDNA

Zijn onder **Referentiegegevens** de **FamilyTreeDNA-haplobomen** geladen (Y-boom en mtDNA-boom „Mitotree”), dan verschijnt in de haplogroepkaarten een blauw kader: de tak volgens FamilyTreeDNA met pad, aantal testers, de landen van herkomst van de testers op deze tak en bij Y de veelvoorkomende achternamen. Landen en namen geven de testers zelf op. FamilyTreeDNA gebruikt een eigen, fijnere boom; de eindtak kan daar dieper liggen dan bij YFull.

4.4 Oud DNA op je lijn

Is de dataset AADR (Allen Ancient DNA Resource, Reich-lab) onder **Referentiegegevens** geladen, dan tonen de haplogroepkaarten **Oud DNA op uw lijn**: gepubliceerde monsters uit opgravingen die een tak met jou delen, op een kaart (rood: je eigen tak, oranje: gemeenschappelijke hogere tak) en als lijst met vindplaats, tijd, groep en publicatie. Een gemeenschappelijke tak betekent een gemeenschappelijke voorouder in rechte lijn, vaak duizenden jaren geleden – geen afstamming van precies deze persoon.

Y-DNA en Big Y

5.1 Big Y-dataset controleren

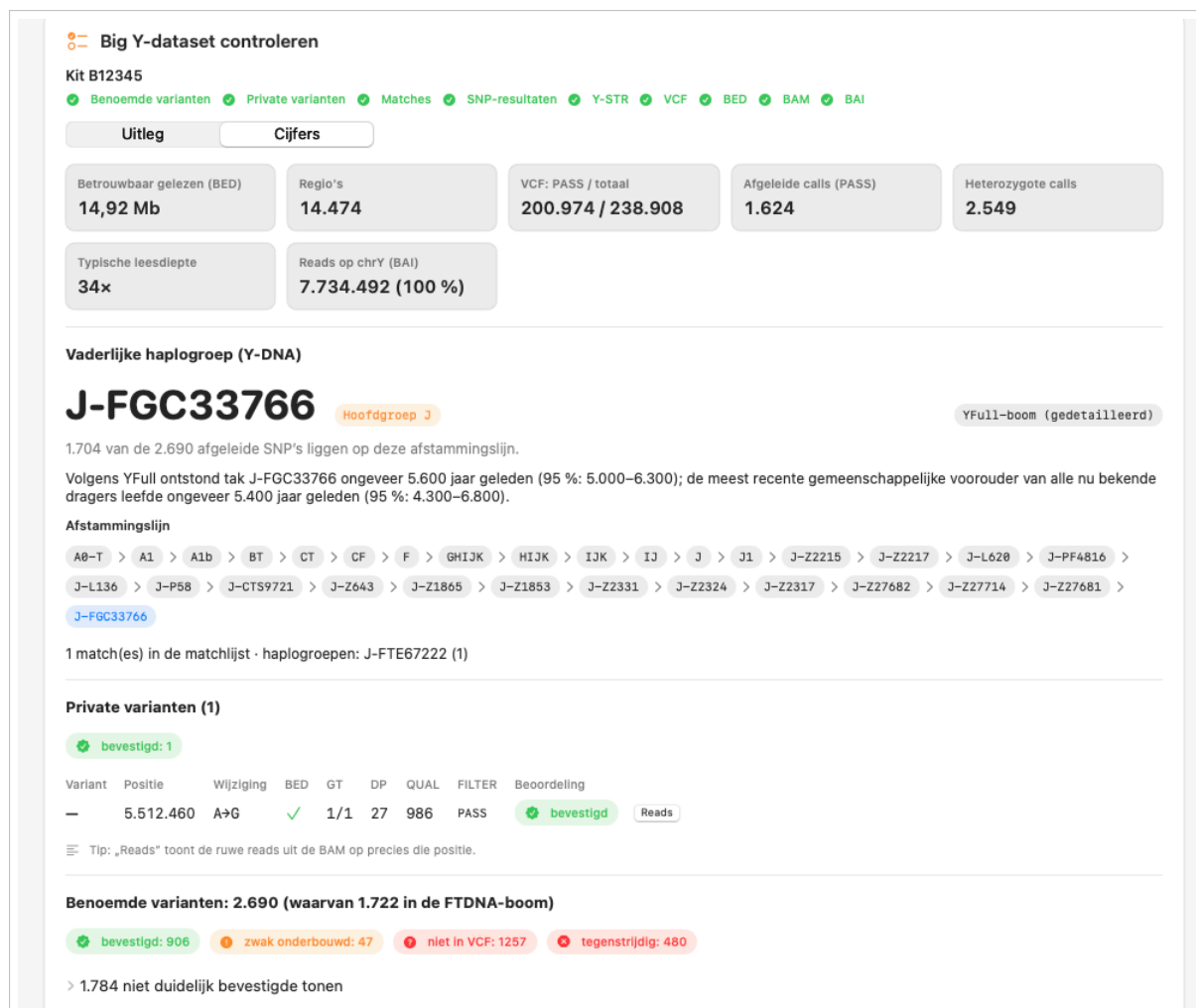
Een Big Y-test bestaat uit meerdere bestanden die afzonderlijk weinig zeggen: CSV-lijsten (Named Variants, Private Variants, Matches), de VCF met de varianten, de BED met de betrouwbaar gelezen gebieden en de BAM met de reads. De kaart **Big Y-dataset controleren** verschijnt bij elk Y-bestand van een persoon en brengt de bestanden van dezelfde kit samen. Bovenaan toont ze welke onderdelen gevonden zijn (groen vinkje) en welke ontbreken.

Nu controleren controleert elke private en elke benoemde variant: ligt ze in het BED-gebied? Staat ze in de VCF als afgeleid met PASS? Hoeveel reads ondersteunen haar? Het resultaat luidt:

bevestigd	in het BED-gebied, in de VCF afgeleid, PASS, leesdiepte minstens 10
zwak onderbouwd	in de VCF, maar lage leesdiepte, geen PASS of een andere base
buiten BED	niet in het betrouwbaar gelezen gebied – voorzichtig behandelen
niet in VCF	geen record op deze positie (andere analyseversie?)
tegenstrijdig	de VCF toont de oorspronkelijke base
niet te controleren	de VCF ontbreekt in de dataset

5.1.1 Weergave „Cijfers”

De weergave **Cijfers** toont kengetallen: **Betrouwbaar gelezen (BED)** (bij Big Y-700 typisch 14–16 Mb), **Regio's**, **VCF: PASS / totaal**, **Afgeleide calls (PASS)**, **Heterozygote calls** (bij een man horen die zeldzaam te zijn), **Typische leesdiepte** (vanaf ongeveer 10× goed) en **Reads op chrY (BAI)**. Daaronder volgen de haplogroep, de haplogroepen van de matches en tabellen van de private en de niet eenduidig bevestigde benoemde varianten met positie, wijziging, BED, genotype, leesdiepte, kwaliteit, filter en beoordeling. Is er een BAM, dan opent **Reads** per regel het readsvenster op precies die plaats (figuur 3.7).



Figuur 5.1: Big Y-dataset controleren, weergave „Cijfers”.

5.1.2 Weergave „Uitleg”

De weergave **Uitleg** antwoordt in gewone taal: *Waar sta je in de stamboom? Hoe goed kon je DNA worden uitgelezen? Welke varianten heb alleen jij? Wat betekent je match? Hoe oud kan de verbinding zijn?* Elk onderdeel heeft een uitklapbaar **Hoe weet het programma dit?**. Vul je in het veld **Geboortejaar** je geboortejaar in, dan rekent de leeftijdsschatting om naar kalenderjaren. Basis is de mutatiesnelheid volgens YFull, omgerekend naar de oppervlakte van je BED-bestand, met een 95%-bereik.

Big Y-dataset controleren

Kit B12345

☒ Benoemde varianten
 ☒ Private varianten
 ☒ Matches
 ☒ SNP-resultaten
 ☒ Y-STR
 ☒ VCF
 ☒ BED
 ☒ BAM
 ☒ BAI

Waar sta je in de stamboom?

Je vaderlijke lijn hoort bij de tak J-FGC33766. Een tak is een groep mannen die dezelfde veranderingen op het Y-chromosoom dragen en daarom een gemeenschappelijke voorouder in de rechte vaderlijke lijn hebben.

Je test heeft 2.690 bekende (benoemde) varianten gevonden. 1.722 daarvan hebben een vaste plaats in de stamboom; de overige 968 zijn bekend, maar markeren tot nu toe geen vertakking.

De tak zegt niets over familienamen, plaatsen of jaartallen. Hij zegt alleen met wie je de vaderlijke lijn deelt.

> Hoe weet het programma dit?

Hoe goed kon je DNA worden uitgelezen?

De test heeft 14,9 miljoen posities van het Y-chromosoom betrouwbaar gelezen. Het Y-chromosoom telt ongeveer 57 miljoen posities; een groot deel bestaat uit herhalingen die met korte reads niet eenduidig te lezen zijn. Dat is gebruikelijk voor een Big Y.

Een typische positie is 34 keer gelezen. Vanaf ongeveer tien reads geldt een resultaat als solide.

> Hoe weet het programma dit?

Welke varianten heb alleen jij?

Je test noemt één private variant. Private varianten zijn veranderingen die tot nu toe bij geen enkele andere geteste persoon zijn gevonden. Het zijn de veranderingen van je eigen lijn sinds de laatste gemeenschappelijke voorouder met je naaste match.

Positie	Wijziging	Reads	Beoordeling
5512460	A→G	26 van 26	goed onderbouwd

Goed onderbouwd: 1. Met voorzichtigheid te lezen: 0.

> Hoe weet het programma dit?

Figuur 5.2: Big Y-dataset controleren, weergave „Uitleg” (uitsnede).

Het onderdeel „Wat betekent je match?” noemt de naaste match bij naam. Of de match op jouw posities echt de oorspronkelijke base draagt, valt alleen met zijn bestanden te beslissen.

5.1.3 PDF-rapport

PDF-rapport... bewaart „Clavis-BigY-<Kit>.pdf” met haplogroep, uitleg, kengetallen en variant-tabellen. Namen van matches staan er alleen in als **Namen van matches in de PDF vermelden** is aangevinkt.

5.2 Y-matchlijst

Een Y-DNA-matchlijst van FamilyTreeDNA (bestandsnaam met „match”) toont Clavis na **Bestand laden** als **Matchlijst** met de kolommen naam, haplogroep, Y-37, Y-67, Y-111, afwijkende SNP's en oudste voorouder, met filter, sortering en een overzicht van de haplogroepen. Kies je een match, dan toont de detailweergave

- een **SNP-tijdschatting**: uit het aantal afwijkende bekende SNP's de leeftijd van de gemeenschappelijke voorouder met 95%-bereik (nauwkeuriger als het BED-bestand in dezelfde map staat; anders met 83 jaar per SNP),
- een **STR-tijdschatting** uit de genetische afstand,
- met de YFull-boom de gemeenschappelijke tak en de leeftijd ervan,
- een veld **Mijn notities** dat meteen lokaal wordt bewaard.

Naamloze private varianten ontbreken in de telling van de aanbieder; de leeftijd valt daarom eerder te laag uit.

5.3 De STR-klok

Voor Y-STR-vergelijkingen schat Clavis uit de genetische afstand hoeveel generaties geleden de gemeenschappelijke voorouder in de vaderslijn het waarschijnlijkst leefde (gemiddelde snelheid 0,003 per marker en generatie, 31 jaar per generatie, vanaf 12 markers). De schatting is zeer grof; terugmutaties zijn mogelijk, en een afstand van 0 sluit oude voorouders niet uit. Met Big Y wordt het nauwkeuriger.

Hoofdstuk 6

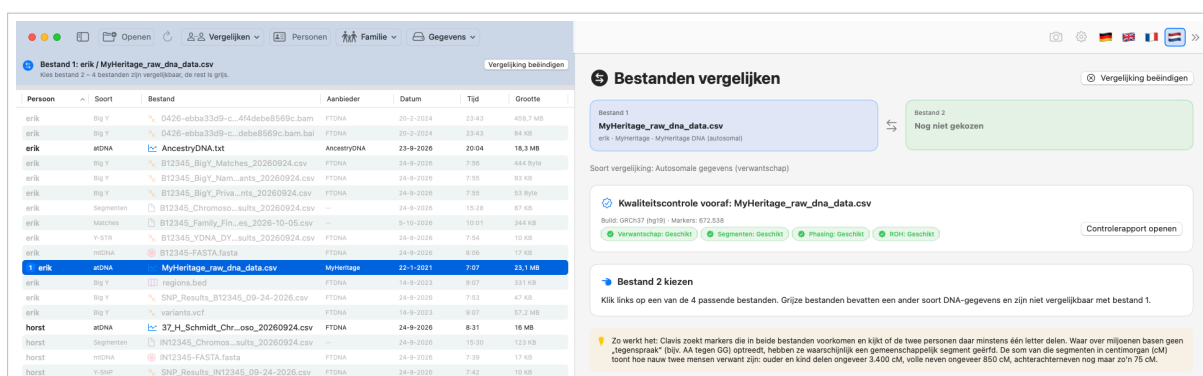
Bestanden vergelijken

6.1 Twee bestanden vergelijken

Zo vergelijk je twee bestanden:

1. Kies het eerste bestand in de lijst.
2. Klik in de detailweergave op **Vergelijken...**, of kies Vergelijken › Gekozen bestand met een tweede vergelijken ().
3. Het bestand wordt „bestand 1”. In de lijst kun je nu alleen nog bestanden kiezen die er zinvol mee te vergelijken zijn; alle andere zijn grijs.
4. Klik op het tweede bestand. De vergelijking start meteen.

Vergelijking beëindigen keert terug naar de gewone weergave.



Figuur 6.1: Vergelijkingsmodus: bestand 1 is gekozen, alleen passende bestanden zijn aanklikbaar; rechts de kaart „Kwaliteitscontrole vooraf”.

Vergelijkbaar zijn:

Autosomale gegevens	chipbestanden onderling, daarnaast genoom-VCF's, bij voorkeur als gVCF (verwantschap)
Y-DNA-varianten	Big Y-CSV, SNP-resultaten en Y-VCF
Y-STR-waarden	twee Y-STR-bestanden, ook een projectlabel als bestand 2
Y-matchlijsten	twee Y-matchlijsten (nieuw, weg, gedeeld)
mtDNA	twee mtDNA-FASTA-bestanden
BED-regio's	twee BED-bestanden (dekking en overlap)

6.1.1 Kwaliteitsvoorcontrole

Zodra bestand 1 gekozen is, staat onder de kaders **Bestand 1** en **Bestand 2** de kaart **Kwaliteitscontrole vooraf**: met de naam van het bestand – bij elk soort vergelijking, ook tijdens en na de vergelijking. Ze noemt het referentiegenoom (**Build**) en het aantal markers en toont met gekleurde kentekens waarvoor het bestand geschikt is: bij ruwe chipgegevens, VCF en BAM voor **Verwantschap**, **Segmenten**, **Phasing** en **ROH** (homozygote stukken), bij Y-, mtDNA-, BED- en lijstbestanden voor **Verwantschap**, **Segmenten**, **ClinVar** en **Haplogroep**. De voorcontrole is alleen een weergave; ze houdt geen vergelijking tegen.



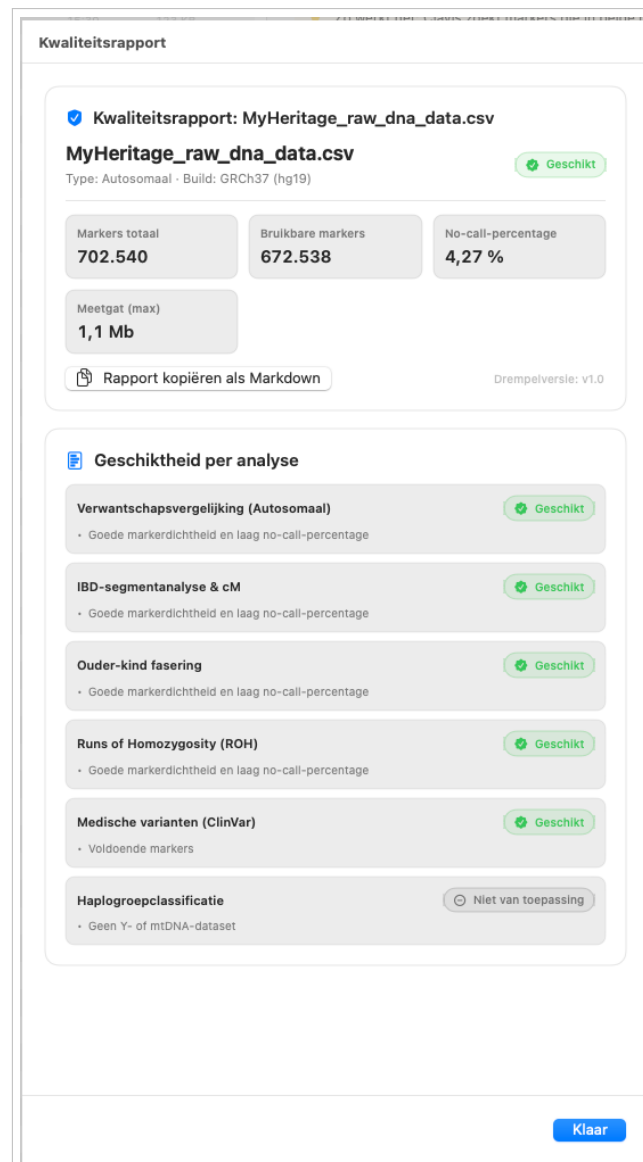
Figuur 6.2: De kaart „Kwaliteitscontrole vooraf” voor een geladen chipbestand: alle vier de gebieden geschikt.

Geschikt (groen)	De gegevens volstaan voor dit analysegebied.
Beperkt (oranje)	Bruikbaar, maar met beperkingen; de redenen staan in het rapport.
Niet bruikbaar (rood)	Te weinig of te onzekere gegevens voor dit gebied.
Niet van toepassing (grijs)	Het gebied past niet bij het soort bestand.

Voor ruwe chipgegevens, VCF en BAM geldt: onder 5.000 markers of met meer dan 20 % ontbrekende waarden (no-calls) is een bestand **Niet bruikbaar**, onder 200.000 markers, met meer dan 5 % no-calls of met een onbevestigd referentiegenoom **Beperkt**. **ClinVar** is vanaf 5.000 markers geschikt, **Haplogroep** alleen bij Y- en mtDNA-bestanden. **ROH** is bovendien **Beperkt** als er tussen twee markers van een chromosoom meer dan 15 Mb zonder meting ligt (**Meetgat**). Gebieden waar geen chip kan meten, tellen daarbij niet mee: de centromeren, grote heterochromatineblokken en de korte armen van de chromosomen 13, 14, 15, 21 en 22. Voor Y-, mtDNA- en BED-bestanden gelden de regels over het aantal markers, no-calls en gaten niet; ze bevatten van nature weinig records.

De voorcontrole rekent met de waarden van het geladen bestand: aantal markers, no-callpercentage en (bij ruwe chipgegevens en VCF) meetgat. Zijn ruwe chipgegevens, een VCF of een BAM als bestand 1 nog niet geladen, dan staat in de kaart „Laad het bestand, zodat Clavis de kwaliteit kan controleren.” met de knop **Bestand laden**; daarna verschijnt de beoordeling.

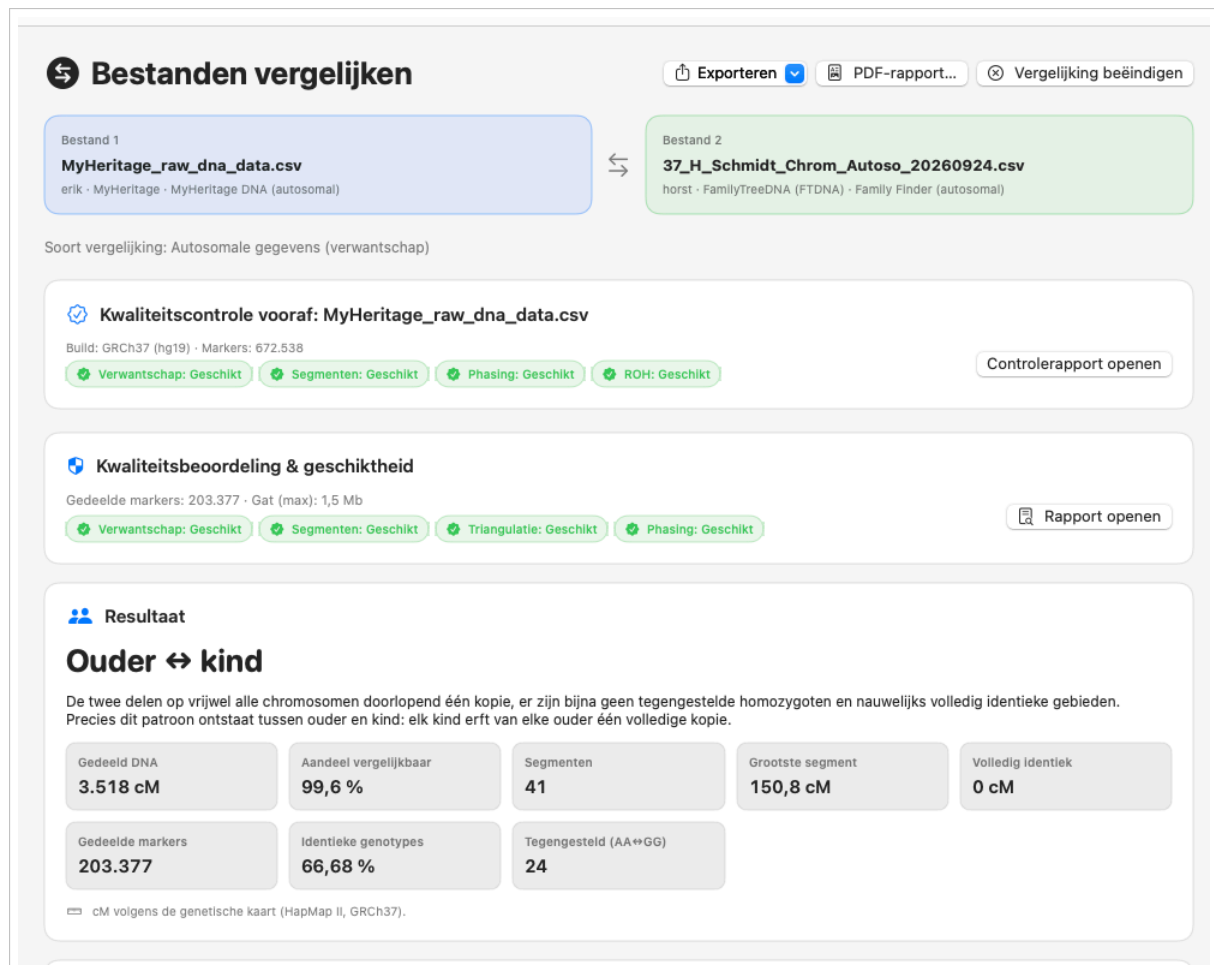
Controlerapport openen toont het blad **Kwaliteitsrapport**: bestandsnaam, soort en referentiegenoom, een totaaloordeel, de kengetallen **Markers totaal**, **Bruikbare markers**, **No-call-percentage** en **Meetgat (max)**, daaronder **Geschiktheid per analyse** met redenen en aanbevelingen voor elk gebied en, als die er zijn, **Kwaliteitsbevindingen & risico's**. **Rapport kopiëren als Markdown** zet het rapport als tekst op het klemmbord (in de programmataal, met de **Drempelversie**); **Klaar** sluit het blad. Met  (Schermafbeelding van het venster) kun je het venster met het blad als afbeelding bewaren.



Figuur 6.3: Het kwaliteitsrapport van een chipbestand, geopend met „Controlerapport openen”.

6.1.2 Autosomale vergelijking

Clavis zoekt half-identieke segmenten (minstens 7 cM en 200 SNP's), volledig identieke gebieden en tegengestelde homozygoten en schat daaruit de verwantschap.



Figuur 6.4: Autosomale vergelijking van twee personen: „Kwaliteitscontrole vooraf”, „Kwaliteitsbeoordeling & geschiktheid” en het resultaat „Ouder ↔ kind”.

Kwaliteitsbeoordeling & geschiktheid

staat boven het resultaat en beoordeelt het bestandspaar: **Gedeelde markers**, het grootste gat tussen twee gedeelde markers (**Gat (max)**) en de geschiktheid voor **Verwantschap**, **Segmenten**, **Triangulatie** en **Phasing**, daaronder hoogstens twee bevindingen (zie hieronder).

Resultaat

de schatting van de verwantschap met uitleg en de kengetallen **Gedeeld DNA**, **Aandeel vergelijkbaar**, **Segmenten**, **Grootste segment**, **Volledig identiek** (bij volle broers en zussen rond 25 %, bij ouder en kind bijna nul), **Gedeelde markers**, **Identieke genotypes** en **Tegengesteld (AA↔GG)** (bij ouder en kind op meetfouten na nul).

X-chromosoom

gedeelde X-cM, segmenten, het geslacht volgens de gegevens en welke overervingswegen mogelijk zijn. Sommige aanbieders exporteren het X-chromosoom niet.

Chromosoomoverzicht

blauw: gedeeld (één kopie), groen: volledig identiek (beide kopieën).

Gedeelde segmenten

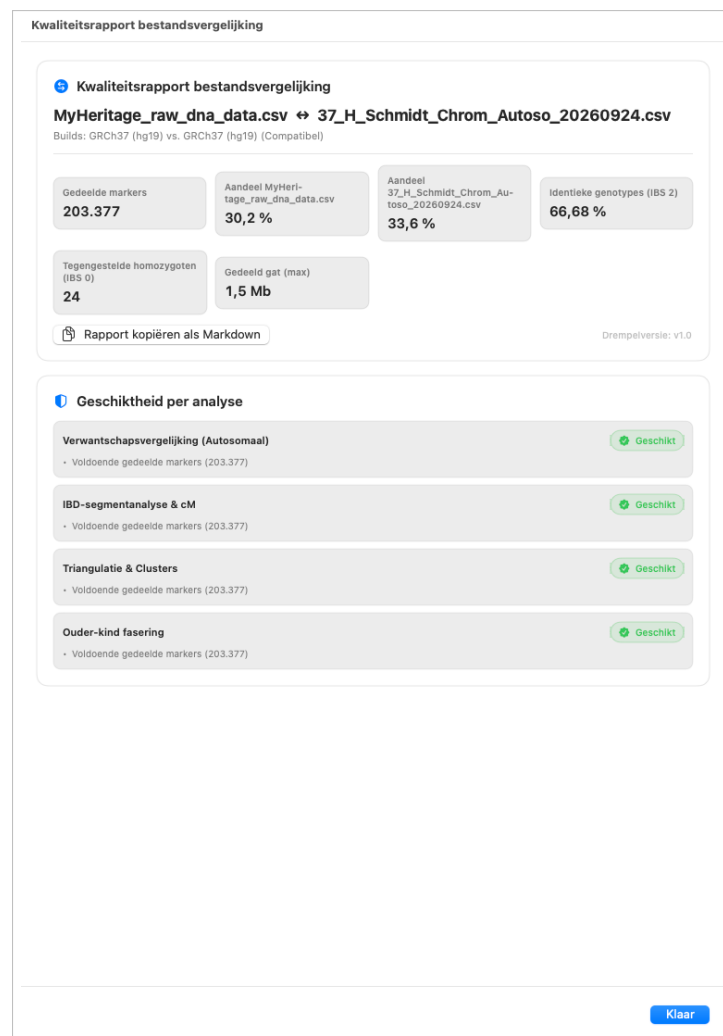
tabel met chromosoom, start, einde, SNP's en cM; met geladen allelfrequenties de kolom **Zeldzame allelen**, met chromosoombanden de kolom **Banden** (een waarschuwingstriedriehoek markeert segmenten bij het centromeer).

De verwantschapsklassen gaan van „Dezelfde persoon (of eeneiige tweeling)” via „Ouder ↔ kind”, „Volle broers/zussen” en verwantschap in de 2e en 3e graad tot „Achterachterneef/-nicht (of vergelijkbaar)” en „Verre verwantschap mogelijk”. Gebruiken de bestanden verschillende referentiegenomen, dan rekent Clavis om met de liftover-gegevens of stemt het af via de markernamen. Met een geladen genetische kaart zijn de cM nauwkeuriger; onder het resultaat staat welke methode is gebruikt.

De waarden kunnen enkele procenten afwijken van MyHeritage, FamilyTreeDNA of GEDmatch. De verwantschap is een uitspraak over waarschijnlijkheid volgens het Shared cM Project, geen bewijs.

Kwaliteit van het bestandspaar. Voor **Segmenten**, **Triangulatie** en **Phasing** geldt: onder 5.000 gedeelde markers is het paar **Niet bruikbaar**; onder 100.000 gedeelde markers, bij een onbevestigd referentiegenoom of bij een gat van meer dan 15 Mb **Beperkt**. Voor **Verwantschap** gelden dezelfde grenzen zonder de regel voor het gat. Net als bij een enkel bestand tellen centromeren, heterochromatine en de korte armen van de acrocentrische chromosomen niet mee voor het gat. Bij een onbevestigd referentiegenoom raadt het rapport aan het referentiegenoom (GRCh37 of GRCh38) bij de aanbieder na te gaan; in de vergelijking van meerdere personen kun je het per bestand kiezen.

Rapport openen toont het blad **Kwaliteitsrapport bestandsvergelijking**: de twee bestandsnamen en hun referentiegenomen met het oordeel **Compatibel** of **Incompatibel**, de kengetallen **Gedeelde markers**, het aandeel van elk bestand, **Identieke genotypes (IBS 2)**, **Tegengestelde homozygoten (IBS 0)** (tegengestelde homozygote genotypes) en **Gedeeld gat (max)**, daaronder de geschiktheid per gebied en, als die er zijn, de **Bevingingen & kanttekeningen**. Een bevinding draagt haar ernst als **Opmerking**, **Waarschuwing** of **Kritiek**.

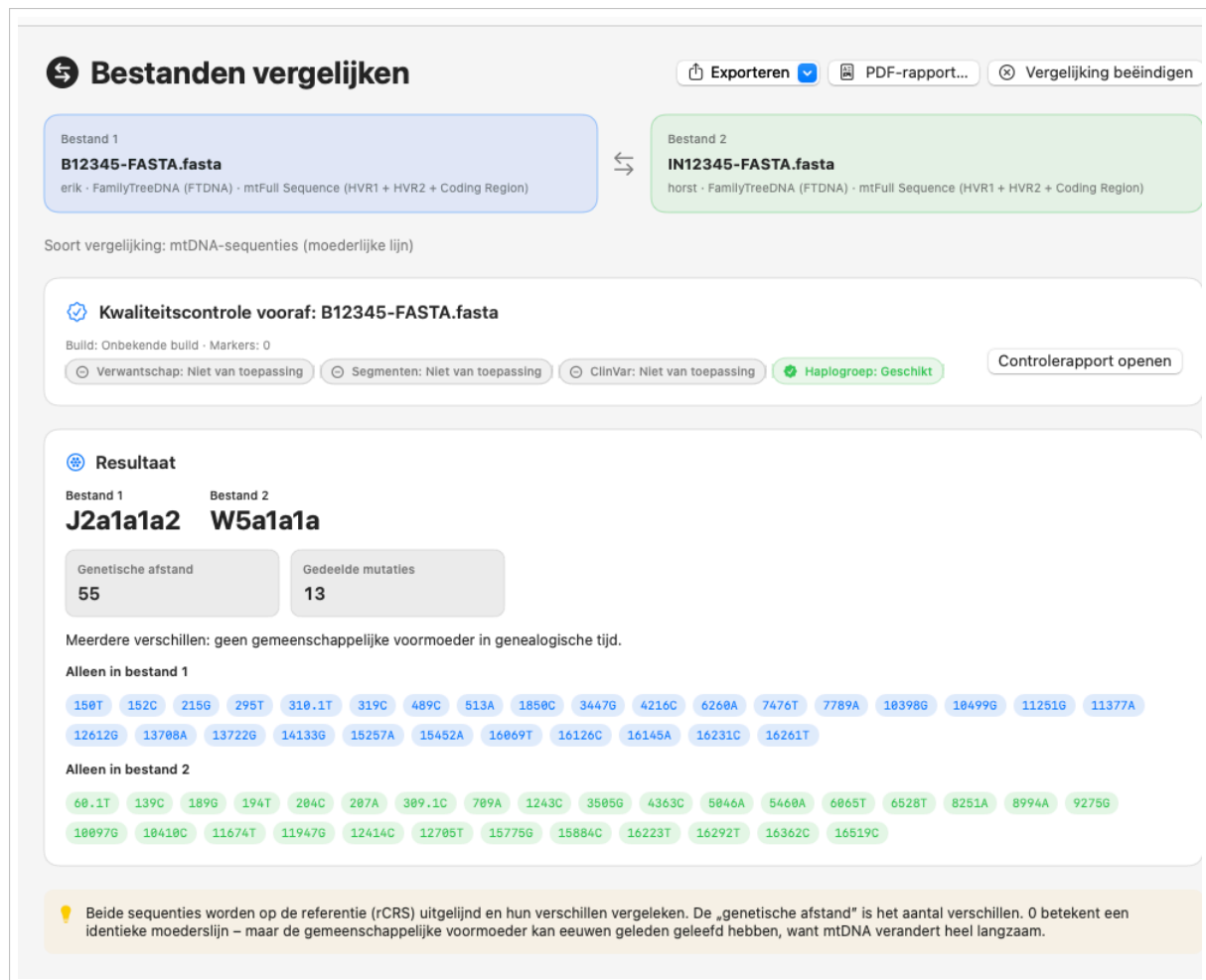


Figuur 6.5: Het blad „Kwaliteitsrapport bestandsvergelijking”, geopend met „Rapport openen”.

VCF-bestanden. Uit een VCF tellen alleen posities met FILTER „PASS” of „.” en, voor zover het bestand die waarden bevat, QUAL vanaf 20, leesdiepte (DP) vanaf 5 en genotypekwaliteit (GQ) vanaf 15. Regels met allelen van meerdere basen of symbolische allelen worden overgeslagen. Vergeleken worden alleen posities die in beide bestanden gemeten zijn; een gVCF draagt daar haar referentieblokken aan bij. Twee gewone varianten-VCF’s delen daarom meestal te weinig posities, en het resultaat luidt „Te weinig gedeelde markers”. Onder het resultaat zegt een opmerking waarop de vergelijking berust: bij twee varianten-VCF’s alleen op de posities die in beide bestanden staan (een ruwe aanwijzing), bij een gVCF op haar referentieblokken, en als maar weinig posities op dezelfde plaats lagen, op de koppeling via de markernamen (rs-nummers).

6.1.3 mtDNA-vergelijking

Beide haplogroepen, de **Genetische afstand** (zonder hotspots en inserties, alleen in gebieden die beide sequenties dekken), de gedeelde mutaties en de mutaties die maar in één bestand voorkomen. Afstand 0 betekent een identieke moederlijke lijn, 1–2 „zeer gelijkend”.



Figuur 6.6: mtDNA-vergelijking van twee sequenties.

6.1.4 Y-DNA-vergelijkingen

- **Y-varianten:** gedeelde varianten, varianten in maar één bestand en de haplogroepen van beide kanten. Twee lijsten met SNP-namen worden via de SNP-namen vergeleken; „alleen in ...” telt dan alleen uitdrukkelijk negatief geteste SNP's.
- **Y-STR:** de eerste man uit bestand 1 wordt vergeleken met alle mannen in bestand 2 (hoogstens 50, gesorteerd op afstand). Per man: **Genetische afstand**, **Vergeleken markers**, de afwijkingen als „marker: A → B” en de STR-klok. Er wordt geteld volgens de regels van FamilyTreeDNA (DYS389II zonder 389I; multi-copy markers volgens het infinite-alleles-model).
- **Y-matchlijsten:** matches nieuw in bestand 2, niet meer in bestand 2 en in beide lijsten.

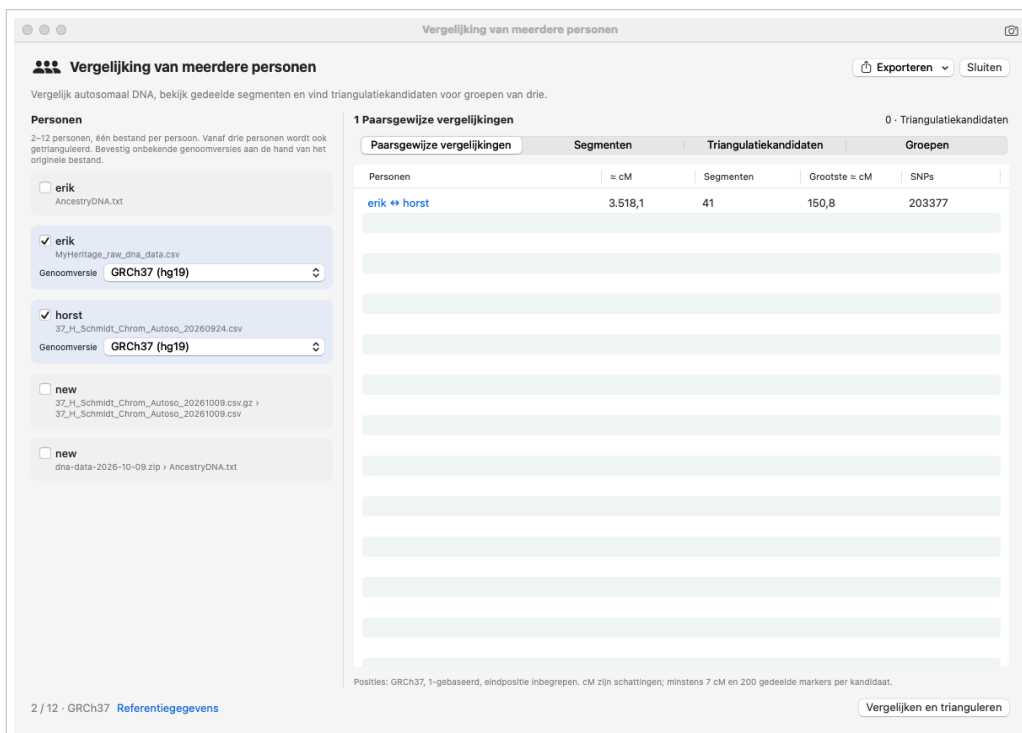
6.1.5 Exporteren en PDF

Is er een resultaat, dan bewaart **Exporteren** de vergelijkingsresultaten en de segmenten (of de gedetailleerde resultaten) als CSV of TSV: UTF-8, Engelse kolomnamen, decimale punt, coördinaten 1-gebaseerd; cellen die met = + - @ beginnen, worden tegen formules beschermd. **PDF-rapport...** maakt „Clavis-Vergleich.pdf” met bestanden, resultaat, kengetallen en segmenttabel.

Bij de autosomale vergelijking bevatten beide daarnaast de kwaliteitsbeoordeling: het CSV-bestand heeft de regels `quality_thresholds_version`, `max_shared_gap_bp` en `suitability_...` voor de vier gebieden (waarden `suitable`, `limited`, `unsuitable`, `notApplicable`). De PDF heeft een onderdeel „Kwaliteitsbeoordeling & geschiktheid” met gebied, status en motivering en een onderdeel over methoden en reproduceerbaarheid: een analyse-ID (bij elk rapport nieuw), een reproduceerbaarheidshash (bij ongewijzigde bestanden gelijk), de methode, het tijdstip en voor elk invoerbestand grootte, referentiegenoom en SHA-256-controlegetal, met genetische kaart ook de gebruikte referentiegegevens. Voor de controlegetallen leest Clavis beide bestanden volledig; bij grote genoom-VCF's duurt het PDF-rapport daarom even. Ook deze onderdelen staan in de programmataal.

6.2 Vergelijking van meerdere personen en triangulatie

Vergelijken › Vergelijking van meerdere personen () vergelijkt 2 tot 12 personen tegelijk, met één autosomaal bestand per persoon. Links kies je de bestanden en per bestand de genoomversie (GRCh37 of GRCh38; onbekende moet je vastleggen). **Vergelijken en trianguleren** laadt elk bestand één keer, vergelijkt alle paren en controleert vanaf drie personen alle groepen van drie.



Vergelijking van meerdere personen

Vergelijk autosomaal DNA, bekijk gedeelde segmenten en vind triangulatiekandidaten voor groepen van drie.

Personen
2-12 personen, één bestand per persoon. Vanaf drie personen wordt ook getrianguleerd. Bevestig onbekende genoomversies aan de hand van het originele bestand.

- ☐ erik
AncestryDNA.txt
- ☒ erik
MyHeritage_raw_dna_data.csv
Genoomversie: GRCh37 (hg19)
- ☒ horst
37_H_Schmidt_Chrom_Autoso_20260924.csv
Genoomversie: GRCh37 (hg19)
- ☐ new
37_H_Schmidt_Chrom_Autoso_20261009.csv.gz
37_H_Schmidt_Chrom_Autoso_20261009.csv
- ☐ new
dna-data-2026-10-09.zip › AncestryDNA.txt

1 Paarsgewijze vergelijkingen

Personen	cM	Segmenten	Grootste = cM	SNPs
erik ↔ horst	3.518,1	41	150,8	203377

0 - Triangulatiekandidaten

Posities: GRCh37, 1-gebaseerd, eindpositie inbegrepen. cM zijn schattingen; minstens 7 cM en 200 gedeelde markers per kandidaat.

2 / 12 · GRCh37 [Referentiegegevens](#)

Vergelijken en trianguleren

Figuur 6.7: Vergelijking van meerdere personen met het tabblad „Paarsgewijze vergelijkingen”.

Paarsgewijze vergelijkingen

tabel van alle paren met cM, segmenten, grootste segment en SNP's.

Segmenten

de volledige vergelijkingssweergave voor een gekozen paar, met de kaart **Kwaliteitsbeoordeling & geschiktheid** (paragraaf 6.1.2).

Triangulatiekandidaten

stukken die alle drie de paren van een groep van drie delen en waar op elke gezamenlijk

geteste marker een allel bij alle drie voorkomt (minstens 7 cM, 200 markers, 20 markers per Mb). Niet-gefaseerde gegevens leveren kandidaten op, geen bewijs.

Groepen

groepen uit je eigen bestanden: gezien vanuit een gekozen persoon, met instelbare bovengrens („Verwanten tot”) en verbindingsdrempel („Verbonden vanaf”), als gekleurde matrix.

Exporteren bewaart paarresultaten, segmenten en triangulatiekandidaten als CSV of TSV. GRCh38-bestanden worden omgerekend naar GRCh37; daarvoor is het liftover-bestand nodig. Geanalyseerd worden de chromosomen 1–22.

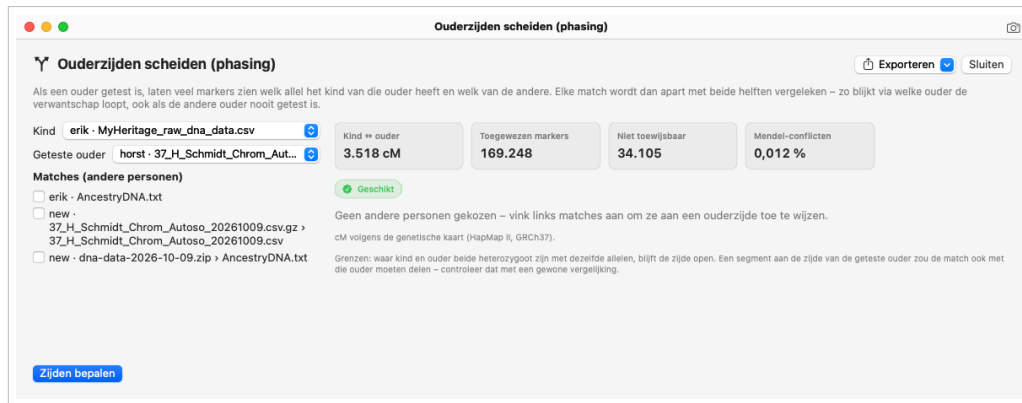
6.3 Ouderzijden scheiden (phasing)

Is een ouder getest, dan valt bij veel markers te bepalen welk allel het kind van welke ouder heeft. Familie > Ouderzijden scheiden (phasing) opent het venster daarvoor: kies **Kind** en **Geteste ouder**, vink de andere personen aan onder **Matches (andere personen)** en klik op **Zijden bepalen**.



Figuur 6.8: Het venster „Ouderzijden scheiden (phasing)” vóór de keuze.

Clavis controleert eerst of kind en ouder echt een ouder-kindpaar zijn. Het resultaat toont de cM tussen beiden, de toegewezen en niet toegewezen markers en het percentage Mendel-conflicten (bij echte paren meestal ruim onder 0,5 %). Daaronder staat een kenteken voor de geschiktheid van het paar voor phasing (**Geschild**, **Beperkt** of **Niet bruikbaar**, volgens de regels in paragraaf 6.1.2); ligt het percentage conflicten boven 1 %, dan volgt in oranje **Verhoogd foutpercentage** met de waarde; controleer dan de bestanden en welk bestand het kind en welk de ouder is. Het kenteken berust op de referentiegenomen van de twee bestanden. Voor elke gekozen match noemt een tabel de cM aan de zijde van de geteste ouder, aan de andere zijde en ongescheiden, met een grafiek met twee sporen.



Figuur 6.9: Ouderzijden scheiden: resultaat voor kind en geteste vader, nog zonder gekozen matches.

Vóór **Aan chromosoomkaart toevoegen** geef je aan of de geteste ouder de vaderlijke of de moederlijke is (... is de ...: **Vaderlijk** of **Moederlijk**); dan komen de segmenten met hun zijde in de chromosoomkaart van het kind (paragraaf 8.5). **Exporteren** > **Segmenten** bewaart de gescheiden segmenten als CSV of TSV. Waar kind en ouder op dezelfde manier heterozygoot zijn, blijft de zijde open.

Matchlijsten en segmenten

Dit hoofdstuk geldt voor de exports van **FamilyTreeDNA Family Finder**: de matchlijst en de segmentlijst uit de Chromosome Browser. Voor aanbieders die geen matchlijst meer exporteren (MyHeritage, AncestryDNA), is er **Matches met de hand** (paragraaf 9.2).

Bestandsnamen niet wijzigen

Clavis verbindt matchlijst, segmentlijst en de lijsten van verwanten via de persoonsmap en de bestandsnaam: matchlijsten bevatten „Family_Finder_Matches”, segmentlijsten „Chromosome_Browser”. Wie de exports hernoemt, verliest die verbindingen. Zijn er meerdere passende bestanden, dan neemt Clavis het nieuwste (volgens wijzigingsdatum).

7.1 De matchlijst

Kies je de matchlijst van een persoon en laad je die, dan verschijnt de kaart **Autosomale matchlijst**.

Autosomale matchlijst (42)

Meer dan 200 cM: 5 · 40 tot 200 cM: 4 · 20 tot 40 cM: 12 · minder dan 20 cM: 21
 Volgens de aanbieder vaderlijk: 18 · moederlijk: 3 · beide: 0 · niet toegewezen: 21
 Vergeleken met Paul Peeters: 17 matches staan ook in die lijst, en bij 17 daarvan ligt een segment op dezelfde plaats.
 Aan de stamboom gekoppeld: 1 matches, waarvan 0 buiten de verwachte spreiding.
 X-matches: geen – FamilyTreeDNA meldt in deze lijst bij geen enkele match een gedeeld X-segment.
 Segmenten uit BSP0001_Chromosome_Browser_Results_voorbeeld.csv

Filteren (naam, plaats, notitie...) Sorteren **Gedeelde cM** Kant **Alle kanten**

Groep **Alle groepen** Overlappende segmenten

Vergelijken met **Paul Peeters** **alle matches** Stamboom **alle** Opslaan als CSV

Naam	Gedeelde...	Langste s...	Kant	Segmenten	Vergeleken persoon	Groep	Stamboom
Paul Peeters	3.373,0	265,6	vaderlijk	22	niet in lijst		—
Mira Janssens	870,0	68,1	moederlijk	24	niet in lijst		—
Clara Maes	450,0	47,4	vaderlijk	15	15 van 15 segmenten	Segmentgroep 1 (vaderlijk...	Neven/nichten
Jonas Peeters	230,0	40,2	vaderlijk	9	9 van 9 segmenten	Segmentgroep 1 (vaderlijk...	—
Theo Claes	210,0	37,8	moederlijk	8	niet in lijst		—
Ida Claes	180,0	34,6	moederlijk	7	niet in lijst		—
Rika Goossens	120,0	30,5	—	5	niet in lijst		—
Hendrik Maes	75,0	27,9	vaderlijk	3	3 van 3 segmenten	Segmentgroep 1 (vaderlijk...	—
Maarten Peet...	60,0	23,1	vaderlijk	3	3 van 3 segmenten	Segmentgroep 1 (vaderlijk...	—
Emiel Verme...	38,1	21,0	—	2	niet in lijst		—
Thea Vermeu...	37,3	20,1	—	2	niet in lijst		—

Figuur 7.1: Anna's matchlijst uit de voorbeeldfamilie, vergeleken met de lijst van haar vader.

7.1.1 De samenvatting

Boven de tabel staan

- de verdeling naar gedeeld DNA: boven 200 cM, 40 tot 200 cM, 20 tot 40 cM, onder 20 cM,
- de kanten volgens de aanbieder (vaderlijk, moederlijk, beide, niet toegewezen),
- bij een gekozen vergelijkingspersoon: hoeveel matches ook daar staan en bij hoeveel een segment op dezelfde plaats ligt,
- met stamboom: hoeveel matches gekoppeld zijn en hoeveel buiten de verwachte spreiding liggen,
- de X-matches (ook „geen”) en, met stamboom, hoeveel daarvan bij de X-overerving passen,
- bij een oudere lijst van dezelfde persoon: hoeveel matches nieuw zijn en hoeveel verdwenen,
- uit welke segmentlijst de segmenten komen – en in oranje als namen uit de segmentlijst aan geen enkele match zijn toegewezen.

7.1.2 Filteren en sorteren

Zoekveld

filtert op naam, familienamen van de match, schatting van de aanbieder en eigen notitie.

Sorteren

op gedeelde cM, langste segment, matchdatum of naam (aansprekingen zoals „Mrs.” worden daarbij overgeslagen).

Kant alle kanten, vaderlijk, moederlijk, beide, niet toegewezen of **alleen X-matches**.

Groep alleen matches van een zelf gekozen groep.

Vergelijken met

een andere persoon in de gegevensmap met een segmentlijst, met een filter: alle matches, „staan ook daar in de lijst”, „segment op dezelfde plaats”, „staan daar niet”.

Stamboom

alle, gekoppeld, niet gekoppeld, buiten de spreiding.

alleen nieuwe

alleen matches die sinds de oudere lijst zijn bijgekomen.

Een klik op een kolomkop sorteert de tabel; kolombreedtes kun je verslepen. De kolommen zijn Naam, Gedeelde cM, Langste segment, Kant, Segmenten, Vergeleken persoon, Groep, Stamboom, Schatting van de aanbieder en Matchdatum. **Opslaan als CSV** bewaart de lijst zoals die nu wordt getoond, met Engelse kolomkoppen.

7.1.3 Een match in detail

Een klik op een match toont daaronder de details:

- kengetallen (gedeelde cM, langste segment, kant, schatting van de aanbieder, X-match, haplogroepen),
- Mogelijke verwantschappen volgens het Shared cM Project,
- In de stamboom (zie hieronder),

- de familienamen uit de stamboom van de match,
- **Gedeelde segmenten** met chromosoom, start, einde, cM en SNP's; bij een gekozen vergelijkingspersoon per segment „teruggevonden” of „niet gevonden”,
- de velden **Contact** en **Groep** (met **Toepassen**) en **Mijn notities** (met **Notitie bewaren**).

The screenshot displays the Clavis Genetica interface. At the top, there's a navigation bar with tabs for 'Vergelijken met', 'Persoon', 'Stamboom', and 'Uitspraken'. Below this is a table listing matches. The match for Clara Maes is highlighted in blue.

Naam	Gedeelde...	Langste s...	Kant	Segmenten	Vergeleken persoon	Groep	Stamboom
Paul Peeters	3.373,0	265,6	vaderlijk	22	niet in lijst		—
Mira Janssens	870,0	68,1	moederlijk	24	niet in lijst		—
Clara Maes	450,0	47,4	vaderlijk	15	15 van 15 segmenten	Segmentgroep 1 (vaderlijk...	Neven/nicht...
Jonas Peeters	230,0	40,2	vaderlijk	9	9 van 9 segmenten	Segmentgroep 1 (vaderlijk...	—
Theo Claes	210,0	37,8	moederlijk	8	niet in lijst		—
Ida Claes	180,0	34,6	moederlijk	7	niet in lijst		—
Rika Goossens	120,0	30,5	—	5	niet in lijst		—
Hendrik Maes	75,0	27,9	vaderlijk	3	3 van 3 segmenten	Segmentgroep 1 (vaderlijk...	—
Maarten Peet...	60,0	23,1	vaderlijk	3	3 van 3 segmenten	Segmentgroep 1 (vaderlijk...	—
Emiel Verme...	38,1	21,0	—	2	niet in lijst		—
Thea Vermeu...	37,3	20,1	—	2	niet in lijst		—

Below the table, the detailed view for Clara Maes is shown. It includes summary statistics: Gedeelde cM (450,0 cM), Langste segment (47,4 cM), Kant (vaderlijk), Schatting van de aanbieder (1st Cousin - 2nd Cousin), and mtDNA (T2b).

Mogelijke verwantschappen volgens het Shared cM Project
 Half- Neven/nichten 1e graad · Neven/nichten 1e graad, eenmaal verwijderd · Neven/nichten 2e graad · Neven/nichten 1e graad, tweemaal verwijderd · 1x oudoom/-tante · Neven/nichten 1e graad

In de stamboom
 Clara Maes (1962-) [Ontkoppelen](#)

Volgens de stamboom: Neven/nichten 1e graad, eenmaal verwijderd. Gemiddeld worden 433 cM verwacht, waargenomen zijn 102 tot 980 cM. Gemeten: 450 cM. Dat past bij deze verwantschap, maar bewijst haar nog niet, want ook andere verwantschappen hebben deze spreiding. Gemeenschappelijke voorouders: Herman Maes (1901-1968), Bertha Willems (1905-1990). Kant volgens de stamboom: vaderlijk.

Familienamen uit de stamboom van de match
 Maes / Willems

Gedeelde segmenten (15)

Chromosoom	Start	Einde	cM	SNPs	Paul Peeters
2	150.169.001	185.495.545	36,5	8422	teruggevonden
4	61.379.276	78.341.068	18,1	4171	teruggevonden
6	91.481.901	106.937.127	17,0	3925	teruggevonden
8	59.502.613	87.274.642	30,8	7110	teruggevonden
9	53.387.352	94.114.760	45,9	10599	teruggevonden
10	64.376.977	78.109.164	17,2	3970	teruggevonden
10	93.802.542	130.222.245	45,5	10520	teruggevonden
11	60.202.495	101.561.598	47,4	10953	teruggevonden
13	12.252.817	30.310.574	19,7	4558	teruggevonden
13	92.200.491	105.835.272	14,9	3452	teruggevonden
16	6.335.235	25.961.286	28,4	6563	teruggevonden
17	15.558.201	36.525.096	33,1	7647	teruggevonden
18	59.162.124	73.686.277	21,9	5062	teruggevonden
20	31.484.284	56.794.944	43,4	10034	teruggevonden
21	14.597.561	37.932.158	30,1	6958	teruggevonden

Drie uitspraken moeten uit elkaar worden gehouden. Dat een match ook in de lijst van de vergeleken persoon staat, betekent dat hij via haar of hem verwant kan zijn. Dat die persoon met hem een segment op dezelfde plaats deelt, pleit ervoor dat jouw segment van die kant komt. Wordt een segment niet gevonden, dan kan het van de andere kant komen, vals zijn of bij de vergeleken persoon alleen onder de weergavedrempel liggen. De vergelijking verloopt via de naam van de match.

Figuur 7.2: De match „Clara Maes” in detail, gekoppeld aan de stamboom.

Notities, contacten en groepen worden alleen lokaal bewaard, niet in het DNA-bestand. Een notitie wordt bewaard bij een klik op **Notitie bewaren** of als je naar een andere match gaat – niet als je het venster eerder sluit.

7.1.4 Matches aan de stamboom koppelen

Is er een stamboom geladen en is de geteste persoon in het venster **Personen** aan haar record gekoppeld (hoofdstuk 8), dan kun je elke match aan een persoon in de stamboom toewijzen:

via een naamsuggestie (**Zelfde naam in de stamboom**) of via het zoekveld **Persoon in stamboom zoeken**.... Clavis berekent dan de verwantschap volgens de stamboom, de verwachte cM met spreiding, de gemeenschappelijke voorouders en de kant, en beoordeelt of de gemeten cM passen. Noemt de aanbieder een andere ouderkant dan de stamboom, dan waarschuwt Clavis.

Bij **X-matches** controleert Clavis bovendien of er via de gemeenschappelijke voorouders überhaupt X-DNA naar jullie beiden kan komen – een man erft zijn X alleen van zijn moeder. Het oordeel luidt „kan”, „kan niet” of „onduidelijk” (als het geslacht in de stamboom ontbreekt). Is een X-match niet gekoppeld, dan toont **X-voorouders tonen** welke voorouders op jouw X-lijnen liggen.

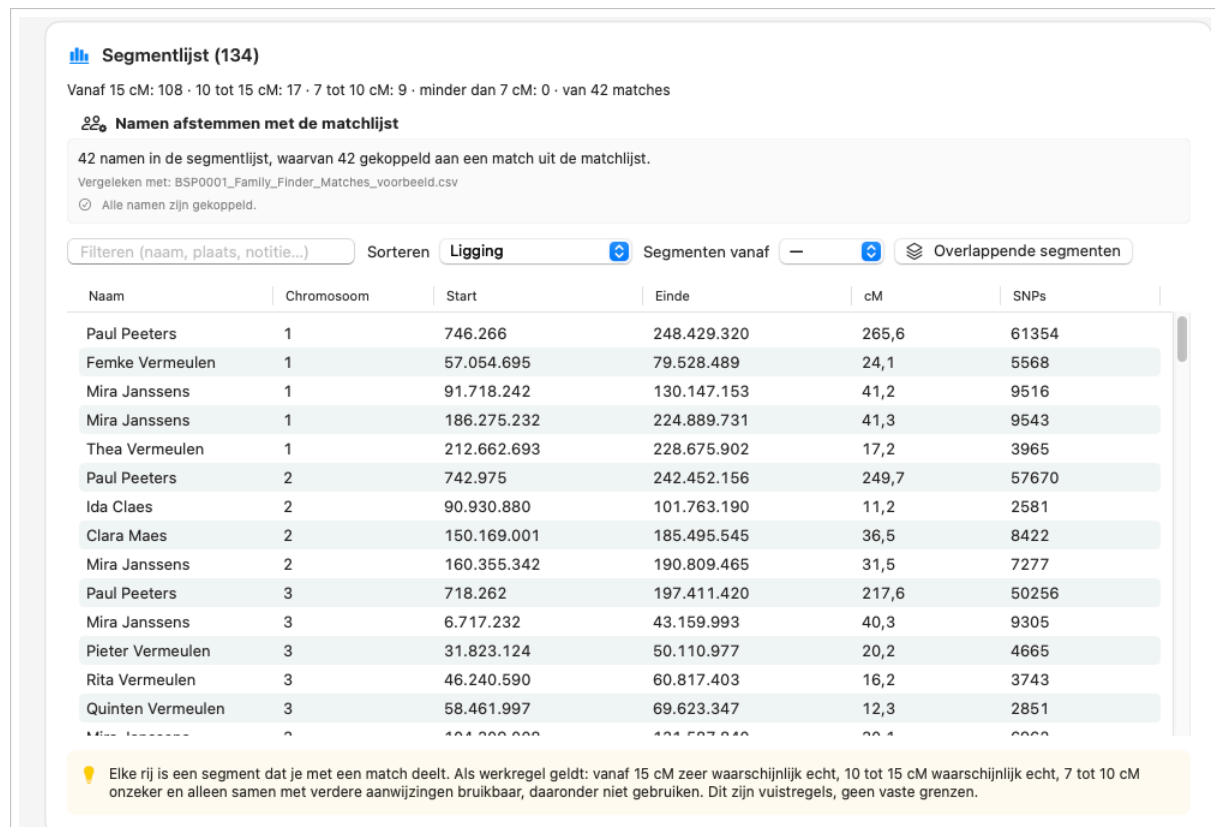
7.1.5 Vergelijking met de lijst van een verwante

Is een tweede persoon getest – bij voorkeur een ouder –, dan toont **Vergelijken met** of je matches ook in diens lijst staan en of er een segment op dezelfde plaats (minstens 1 Mb overlap) wordt teruggevonden.

Houd drie uitspraken uit elkaar: de match staat ook in de lijst van de vergelijkingspersoon. De vergelijkingspersoon deelt met hem een segment op dezelfde plaats. Pas daaruit volgt dat jouw segment van die kant komt. De vergelijking verloopt via de naam van de match.

7.2 De segmentlijst en het afstemmen van namen

De segmentlijst (export van de Chromosome Browser) toont na het laden de verdeling van de segmenten naar grootte (vanaf 15, 10 tot 15, 7 tot 10, onder 7 cM), het kader **Namen afstemmen met de matchlijst**, zoeken, sorteren, de filter **Segmenten vanaf** en de tabel met naam, chromosoom, start, einde, cM en SNP's.



Figuur 7.3: Anna's segmentlijst met het kader „Namen afstemmen met de matchlijst”.

Vuistregel voor de grootte: vanaf 15 cM zeer waarschijnlijk echt, 10–15 cM waarschijnlijk echt, 7–10 cM onzeker, daaronder niet gebruiken.

7.2.1 Namen afstemmen

De segmentlijst van FamilyTreeDNA noemt alleen de naam van de match. Clavis wijst elke naam toe aan een match uit de matchlijst van dezelfde persoon. Daarbij worden voor-, tussen- en achternaam gebruikt; aansprekingen („Mr.”, „Mrs.”), titels en toevoegingen storen niet, en een komma in de naam geldt als koppelteken, zoals FamilyTreeDNA het in de segmentlijst schrijft.

Het kader noemt hoeveel namen zijn toegewezen. Blijven er namen over, dan somt ... **namen zonder vermelding in de matchlijst – toewijzen** ze op; met **Toewijzen** kies je uit gelijkende matches de juiste. Met de hand toegewezen namen staan onder ... **namen met de hand toegewezen** en kun je met **Ongedaan maken** terugdraaien. Namen die bij meerdere matches horen (zelfde naam), noemt het kader apart; hun segmenten zijn niet te scheiden. Toewijzingen werken meteen door in de matchlijst, in de vergelijking en bij de overlappende segmenten.

7.3 Overlappende segmenten

De knop **Overlappende segmenten** in de matchlijst of de segmentlijst opent een venster met twee delen: **Plaatsen** en **Kaart en groepen**.

7.3.1 Plaatsen

Clavis zoekt plaatsen waar de segmenten van meerdere matches overlappen (gemeenschappelijk gebied minstens 1 Mb). Instelbaar zijn **Segmenten vanaf** (standaard 12 cM), **Matches per plaats minstens** (standaard 3), **Stapelgebieden verbergen** en **Ouders, kinderen en broers/zussen meetellen** (anders blijven matches vanaf 2300 cM buiten beschouwing). Een **stapelgebied** (vanaf 10 matches) wijst eerder op een oud, wijdverbreid stuk.

Overlappende segmenten - Anna Peeters

Plaatsen Kaart en groepen

Segmenten vanaf 12 cM Matches per plaats minstens 3 ☐ Stapelgebieden verbergen ☐ Ouders, kinderen en broers/zussen meetellen

12 plaatsen waar de segmenten van meerdere matches overlappen, waarvan 0 stapelgebieden. Beoordeeld: 93 segmenten.

Niet meegeteld: 1 match(es) vanaf 2300 cM (ouders, kinderen, broers/zussen), omdat zij bijna overal DNA delen.

Chromosoom	Gemeenschappelijk stuk	Matches	Langste segment	Kant
4	30,5 - 52,3 Mb	3	51,2 cM	vaderlijk: 2 - moederlijk: 1
7	117,8 - 121,7 Mb	6	68,1 cM	moederlijk: 3 - niet toegewe...
8	77,1 - 87,3 Mb	3	30,8 cM	vaderlijk: 2 - niet toegewe...
11	54,3 - 58,7 Mb	3	30,0 cM	vaderlijk: 2 - moederlijk: 1
11	60,2 - 69,0 Mb	3	47,4 cM	vaderlijk: 2 - moederlijk: 1
11	68,3 - 71,0 Mb	3	47,4 cM	vaderlijk: 2 - moederlijk: 1
11	72,4 - 88,1 Mb	3	47,4 cM	vaderlijk: 3
17	15,6 - 22,5 Mb	4	33,1 cM	vaderlijk: 1 - moederlijk: 2 - ...
18	31,0 - 39,3 Mb	3	38,7 cM	vaderlijk: 1 - moederlijk: 2
20	41,5 - 43,4 Mb	4	43,4 cM	vaderlijk: 2 - moederlijk: 2
22	22,2 - 25,7 Mb	3	29,2 cM	vaderlijk: 1 - moederlijk: 1 - ...

Chromosoom 7, 117,8 tot 121,7 Mb: 6 matches

Naam	cM	Start	Einde	Kant
Mira Janssens	68,1	80.457.862	140.242.779	moederlijk
Theo Claes	37,8	95.200.347	128.446.296	moederlijk
Ida Claes	34,6	100.647.626	131.044.845	moederlijk
Rika Goossens	24,1	104.110.138	125.358.823	—
Quinten Vermeulen	23,1	117.837.229	138.030.042	—
Bieke Vermeulen	22,2	102.153.563	121.664.281	—

Volgende stap: bij de aanbieder nagaan of deze matches ook onderling op deze plaats overeenkomen. Pas dan is het een triangulatie, en ook die noemt geen voorouder.

Deze lijst toont kandidaten, geen bewijzen. De segmentlijst zegt alleen dat je met elk van deze matches op dezelfde plaats een segment deelt. Ze zegt niet of de matches onderling overeenkomen, en twee ervan kunnen op verschillende kopieën van het chromosoom liggen, één vaderlijk en één moederlijk. De kant komt van de aanbieder. Korte segmenten zijn vaak vals; daarom telt de lijst pas vanaf de gekozen lengte.

Figuur 7.4: Overlappende segmenten: de plaats op chromosoom 7 met zes matches.

Een klik op een plaats toont de matches daar met cM, ligging en kant. Wijst de aanbieder ze aan verschillende kanten toe, dan zijn het minstens twee aparte groepen. **Nieuw controleblad** maakt in het onderzoekslogboek een vooraf ingevuld controleblad voor een segment aan.

De lijst toont kandidaten, geen bewijzen. Twee matches op dezelfde plaats kunnen op verschillende kopieën van je chromosoom liggen, de ene vaderlijk en de andere moederlijk. Pas als ze ook onderling op die plaats overeenkomen, is het een triangulatie.

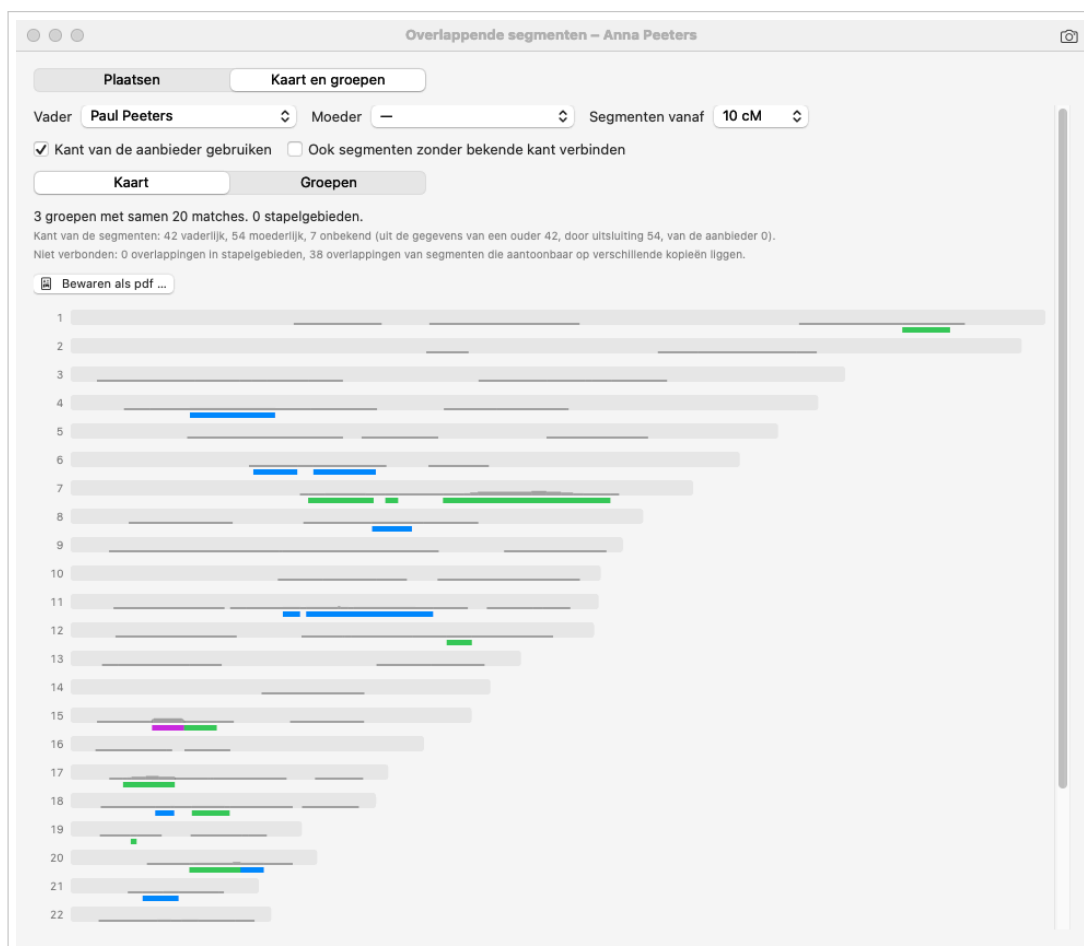
7.3.2 Kaart en groepen (segmentgroepen)

Dit deel vormt uit de segmentlijsten **groepen matches die op dezelfde plaats op dezelfde kopie liggen** – een aanvulling op de clusters van de aanbieders, op basis van je eigen gegevens. Beslis-send is de **kant** van elk segment. Clavis bepaalt die, de sterkste bron eerst:

1. **Gegevens van een ouder:** heb je onder **Vader** of **Moeder** een geteste persoon met segmentlijst gekozen en deelt die met de match een segment op dezelfde plaats, dan ligt jouw segment aan haar of zijn kant.
2. **Uitsluiting:** is maar één ouder getest en ontbreekt een match vanaf 20 cM bij die ouder helemaal, dan geldt hij als match van de andere kant.
3. **Aanbieder:** de kant die FamilyTreeDNA op basis van gekoppelde verwanten opgeeft (**Kant van de aanbieder gebruiken**).

Twee matches worden verbonden als hun segmenten minstens 1 Mb overlappen, de overlap niet in een stapelgebied ligt en beide op dezelfde kopie liggen. **Ook segmenten zonder bekende kant verbinden** vormt ook zonder gegevens van een ouder groepen, die dan wel twee lijnen kunnen vermengen. **Segmenten vanaf** (standaard 10 cM) legt de minimale grootte vast.

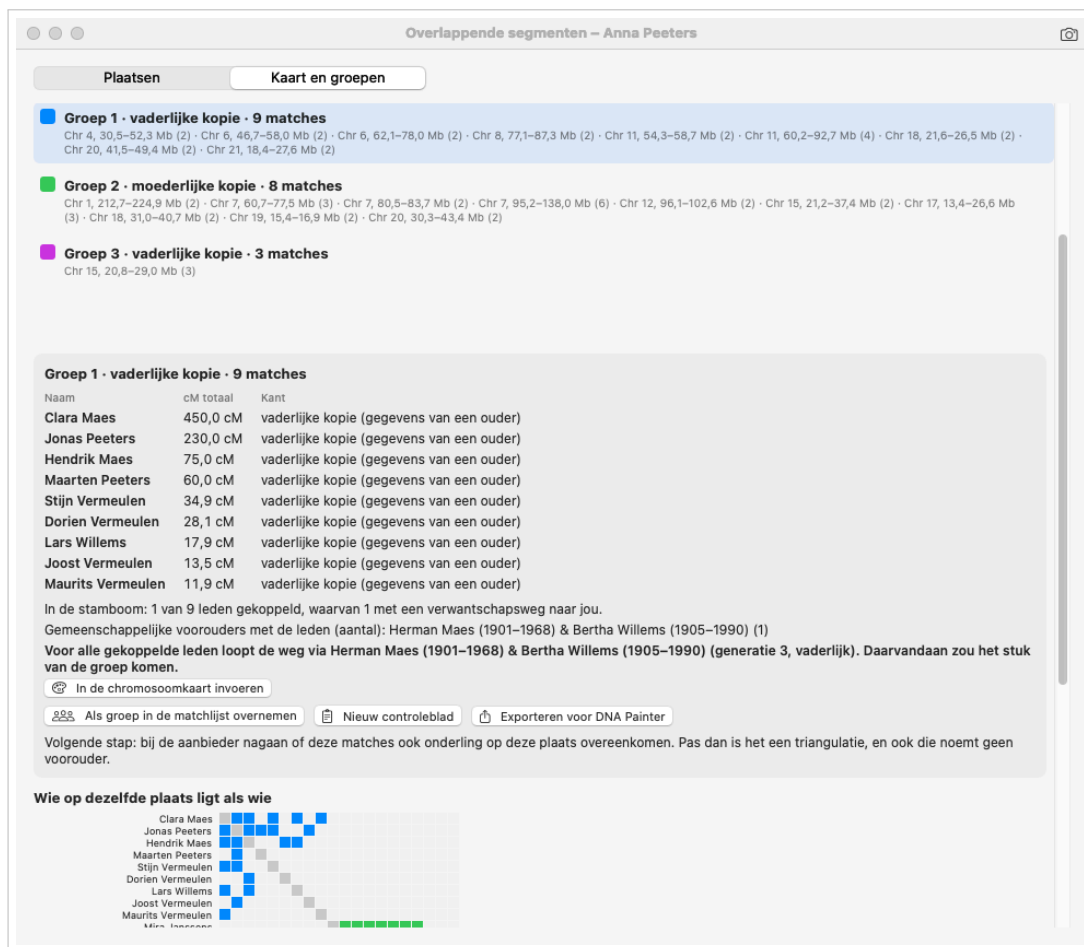
De weergave **Kaart** toont alle chromosomen: in grijs hoeveel matches op een plaats een segment met je delen; in oranje de stapelgebieden; gekleurde streepjes voor de plaatsen van de groepen. Een klik noemt het aantal matches op die plaats en licht de groep uit.



Figuur 7.5: Kaart en groepen, weergave „Kaart”, met Paul als geteste vader.

De weergave **Groepen** toont elke groep met kleur, kopie (vaderlijk, moederlijk, onbekend), aantal matches en hun plaatsen. Een klik opent de groep: de leden met cM en kant en de herkomst van die kant, en – met stamboom – hoeveel leden gekoppeld zijn, welke gemeenschappelijke voorouders ze met jou hebben en via welke **gemeenschappelijke lijn** het stuk van de groep gekomen zou zijn. Spreken stamboom en segmentgegevens elkaar tegen, dan

waarschuwt Clavis.



Figuur 7.6: Groep 1 in detail: leden en de gemeenschappelijke lijn volgens de stamboom.

Bij elke groep horen deze knoppen:

In de chromosoomkaart invoeren

voert de segmenten van de groep in je chromosoomkaart in – met een gemeenschappelijke lijn onder dat voorouderpaar, anders zonder voorouder met de kant van de groep.

Als groep in de matchlijst overnemen

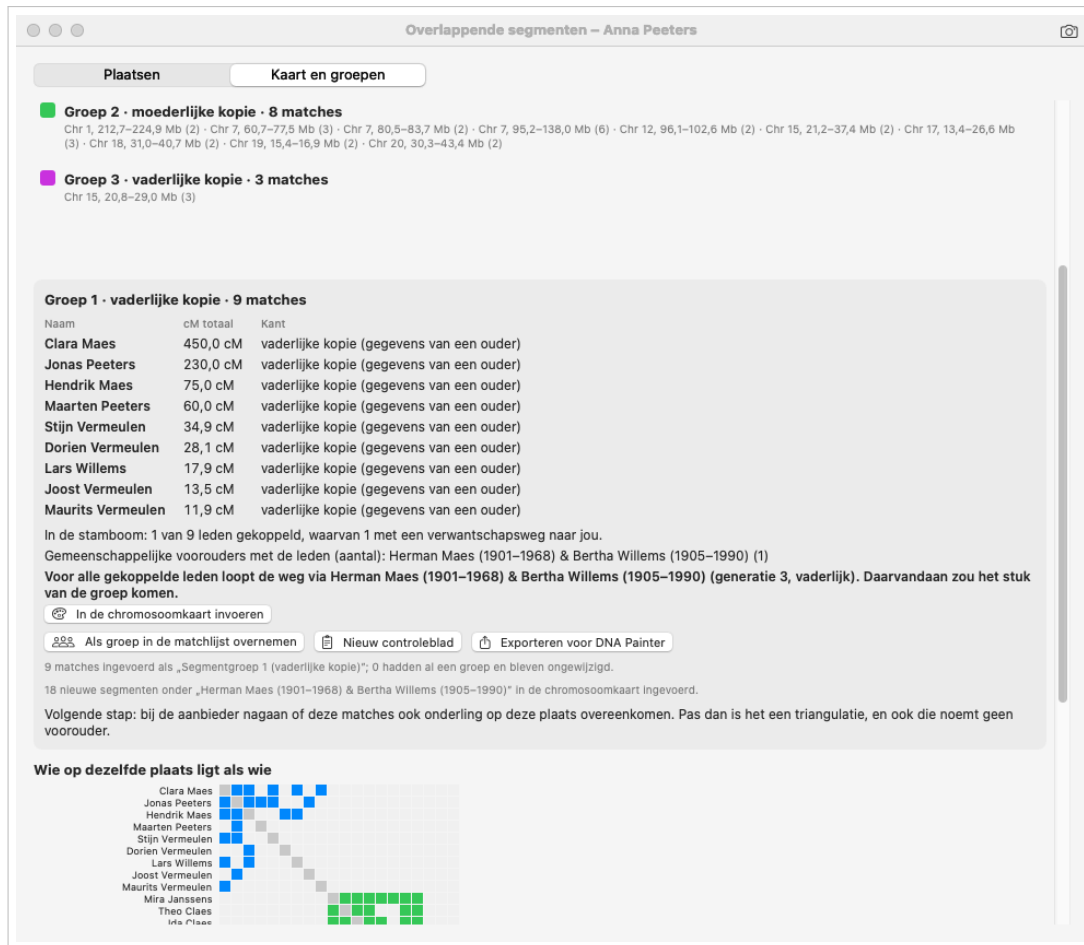
schrijft „Segmentgroep n” als groep in de matchlijst, maar alleen bij matches die nog geen groep hebben.

Nieuw controleblad

maakt een vooraf ingevuld controleblad aan in het onderzoekslogboek.

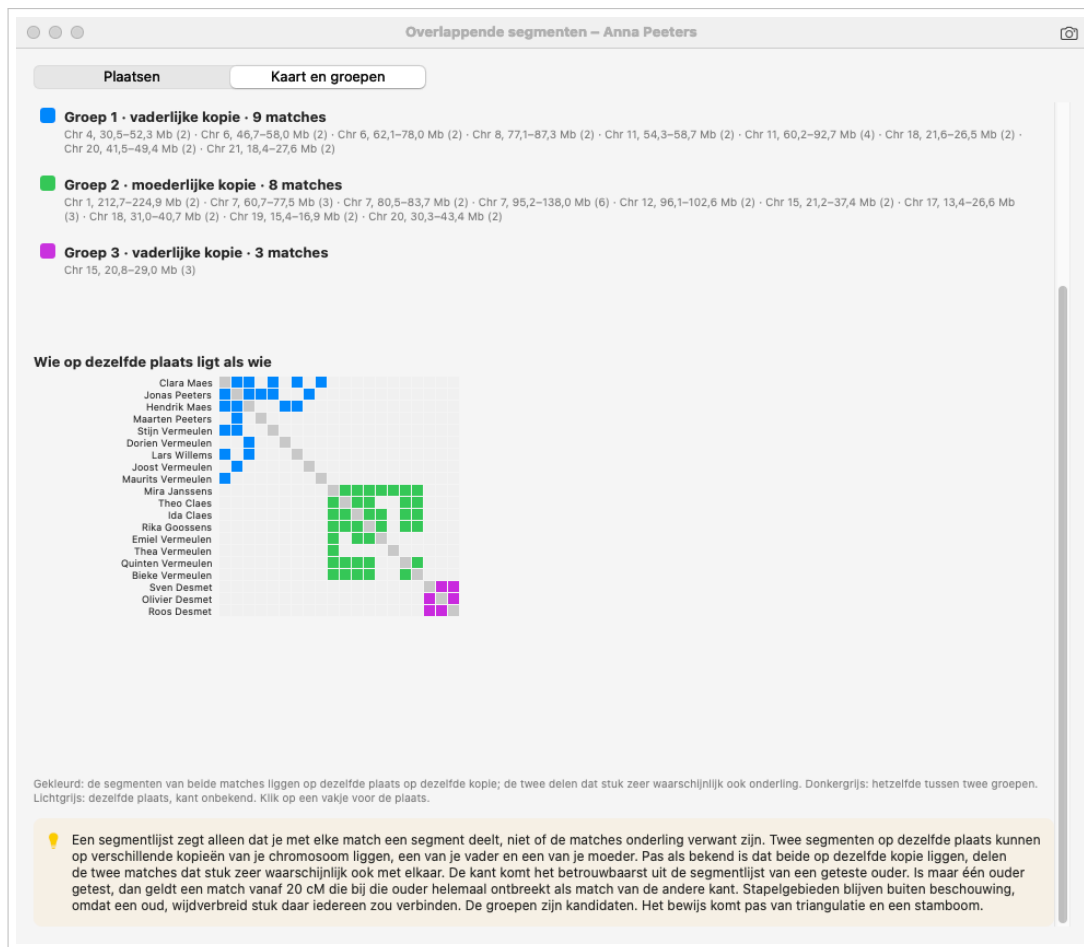
Exporteren voor DNA Painter

bewaart de segmenten van de groep als CSV in het eigen formaat van DNA Painter; **Alle groepen exporteren voor DNA Painter** doet dat voor alle groepen.



Figuur 7.7: De knoppen van een groep en de melding na het invoeren in de chromosoomkaart.

Onder de groepen toont de matrix **Wie op dezelfde plaats ligt als wie** welke matches verbonden zijn: gekleurd binnen een groep op dezelfde kopie, donkergrijs hetzelfde tussen twee groepen, lichtgrijs dezelfde plaats bij onbekende kant. Een klik op een vakje noemt de plaats. Boven 250 matches wordt de matrix in het venster niet getekend.



Figuur 7.8: De matrix „Wie op dezelfde plaats ligt als wie”.

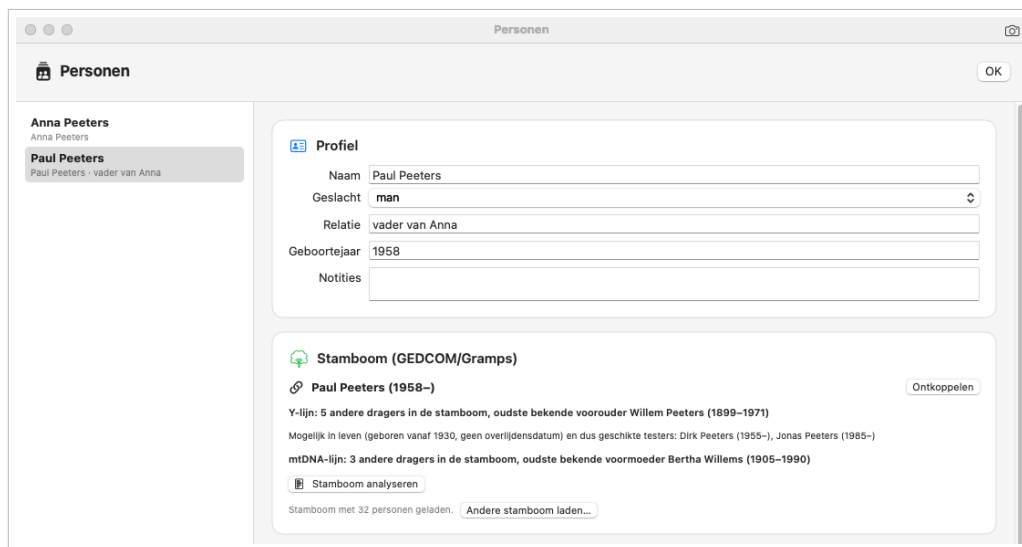
Bewaren als pdf ... bewaart de hele pagina als PDF: instellingen, samenvatting, kaart, elke groep met leden, hun segmenten op de plaatsen van de groep en de gegevens uit de stamboom, plus de volledige matrix op een eigen pagina (tot 500 matches).

De groepen zijn kandidaten. Het bewijs komt pas van triangulatie en een stamboom.

Familie en stamboom

8.1 Personen

Het venster **Personen** (knoppenbalk of Familie > Personen, ) toont links alle persoonsmappen. Rechts staan de kaarten van de gekozen persoon.



Figuur 8.1: Het venster „Personen” met Paul Peeters, gekoppeld aan de stamboom.

Profiel

naam, geslacht, relatie (bijv. „vader van Anna”), geboortejaar en notities. Alles wordt meteen bewaard. Het geslacht stuurt testvoorstellen en X-analyses. Is het open en heeft de persoon een Y-DNA- of Y-STR-bestand, dan vult Clavis **man** in.

Stamboom (GEDCOM/Gramps)

stamboom laden en de persoon aan haar record koppelen (zie hieronder).

Welke familielijnen zijn getest?

een kleine stamboom over drie generaties: Y (blauw) volgt alleen de lijn vader → vader van de vader, mt (roze) alleen de zuivere moederlijn, autosomaal DNA (groene rand) omvat alle voorouders, met elke generatie minder. Zie hieronder.

Wie zou als volgende moeten testen?

voorstellen op basis van bestaande tests en geslacht, bijvoorbeeld een Y-test voor een man uit de vaderslijn of een broer van de moeder.

Stamboom ↔ DNA

vergelijking tussen stamboom en gemeten DNA (zie hieronder).

Familierapport (PDF)

zie paragraaf 8.6.

8.1.1 Welke familielijnen zijn getest?

Het schema toont de geteste persoon, vader en moeder en de vier grootouders (**Grootvader (v)**, **Grootmoeder (v)**, **Grootvader (m)**, **Grootmoeder (m)**; v = vaderlijk, m = moederlijk). Elk vak draagt de kentekens van de tests die deze lijn dekken: „Y”, „mt” en „at” (autosomaal). Een blauw zegel markeert een rechtstreeks geteste persoon.

Bevat de gegevensmap meer dan één persoon, dan staat boven het schema een schakelaar:

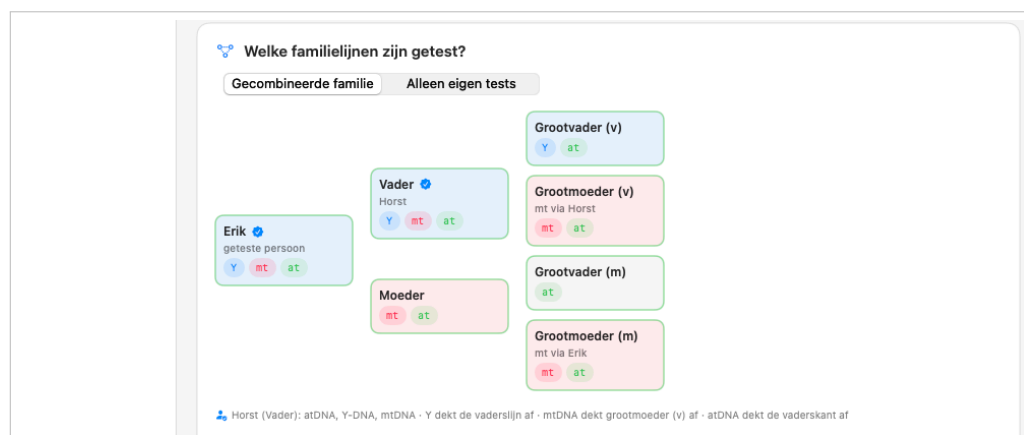
Alleen eigen tests

alleen de bestanden van de gekozen persoon: haar Y-test dekt de lijn van de vader en van de grootvader (v), haar mtDNA-test die van de moeder en van de grootmoeder (m).

Gecombineerde familie

(standaard) daarnaast de tests van verwanten in dezelfde gegevensmap. Clavis herkent vader, moeder en grootouders onder de andere personen aan de stamboom (als beide personen gekoppeld zijn), aan het veld **Relatie** in het profiel, aan de FamilyTreeDNA-matchlijst van de gekozen persoon of aan een mapnaam zoals „vader” of „moeder”. In het veld **Relatie** van de verwante volstaat „vader”; noemt het een naam („vader van Anna”), dan moet dat de gekozen persoon zijn. Staat bij de gekozen persoon „dochter van Paul”, dan geldt Paul als vader, mits in zijn profiel het geslacht is ingevuld (bij een man volstaat ook een Y-test). De woorden worden ook in het Duits, Engels en Frans begrepen (bijvoorbeeld „Vater”, „father”, „père”). Uit de matchlijst telt de kolom „Linked Relationship” met haar richting: „Father” maakt de match tot vader, „Son” of „Daughter” nooit tot een voorouder. Een ouder-kindbereik zonder richting volstaat alleen als de geboortejaren dat niet tegenspreken en het geslacht van de verwant bekend is.

Is de vader herkend, dan krijgt zijn vak het zegel, zijn naam en zijn tests. Zijn mtDNA-test dekt zijn moeder: de **Grootmoeder (v)** krijgt „mt” met de toevoeging „mt via” en zijn naam. Zonder herkende moeder draagt de **Grootmoeder (m)** „mt via” met de naam van de geteste persoon, als die zelf een mtDNA-test heeft. Onder het schema staat voor elke herkende verwante een regel met naam, rol, de tests en welke lijn die verwante dekt. Matchlijsten tellen daarbij niet als test: heeft een herkende verwante geen eigen tests in de map, dan luidt diens regel „geen eigen DNA-tests in de map (matchlijsten tellen niet mee) – dekt nog geen lijn af”. De keuze van de schakelaar wordt niet bewaard.



Figuur 8.2: „Gecombineerde familie”: de geteste vader dekt met zijn Y-test de vaderslijn en met zijn mtDNA-test de lijn van zijn moeder.

8.2 Stamboom laden en koppelen

Stamboom importeren (GEDCOM, Gramps)... laadt een stamboom in het formaat GEDCOM 5.5 of Gramps-XML. Clavis leest personen, geslacht, geboorte- en sterfjaar en de ouder-kindrelaties en maakt een privékopie; er is één stamboom per gegevensmap. **Andere stamboom laden...** vervangt hem.

In het veld **Persoon in stamboom zoeken...** zoek je de persoon en klik je op het resultaat. Lege profielvelden (naam, geslacht, geboortejaar) worden uit de stamboom overgenomen. **Ontkoppelen** heft de koppeling op. Daarna noemt de kaart de andere dragers van de Y-lijn (bij mannen) en van de mtDNA-lijn met de oudste bekende voorouder, en somt ze verwanten op die mogelijk nog leven (geboren vanaf 1930, geen sterfdatum) en dus als tester in aanmerking komen.

8.3 Stamboom ↔ DNA

Zijn minstens twee personen gekoppeld, dan vergelijkt **Vergelijken** voor elk paar de verwantschap volgens de stamboom met de gemeten cM uit hun autosomale ruwe gegevens. De verwachte waarden komen uit het Shared cM Project 4.0. Het oordeel luidt „Past bij de stamboom.”, „Minder dan verwacht – controleer de stamboom.” of „Meer dan verwacht – nauwere of dubbele verwantschap?”. Zonder ruwe gegevens blijft de gemeten waarde leeg.

Personen

Anna Peeters
Anna Peeters
Paul Peeters
Paul Peeters · vader van Anna

Geboortejaar: 1988
Relatie: bijv. vader van Erik
Notities:

Stamboom (GEDCOM/Gramps)
Anna Peeters (1988-) [Ontkoppelen](#)
mtDNA-lijn: 5 andere dragers in de stamboom, oudste bekende voormoeder Clementine Mertens (1903-1988)
Mogelijk in leven (geboren vanaf 1930, geen overlijdensdatum) en dus geschikte testers: Martha Janssens (1960-), Jurgen Janssens (1957-)
[Stamboom analyseren](#)
Stamboom met 32 personen geladen. [Andere stamboom laden...](#)

Welke familielijnen zijn getest?
Gecombineerde familie **Alleen eigen tests**

Anna Peeters (geteste persoon)
Vader: Paul Peeters
Moeder:
Grootvader (v)
Grootmoeder (v)
Grootvader (m)
Grootmoeder (m)

Paul Peeters (Vader): geen eigen DNA-tests in de map (matchlijsten tellen niet mee) – dekt nog geen lijn af
Y (blauw) volgt de vader → vaders vader lijn. mt (roze) volgt de zuivere moederlijn: de mtDNA-test van de vader dekt zijn moeder (grootmoeder v). Autosomaal DNA (groen kader) dekt alle voorouders.

Wie zou als volgende moeten testen?

- ⊙ Een autosomale test doen – die vindt verwanten via alle lijnen.
- ⊙ Vrouwen hebben geen Y-chromosoom: vraag je vader, een broer of een oom van vaderskant om een Y-test.
- ⊙ Een mtDNA-test (mtFull Sequence) doen – die beschrijft de directe moederslijn.
- ⊙ Laat ouders of grootouders testen zolang het kan: hun DNA reikt een generatie verder terug en helpt matches aan de juiste kant van de familie toe te wijzen.

Stamboom ↔ DNA
Vergelijkt voor alle gekoppelde personen de verwantschap volgens de stamboom met de gemeten gedeelde cM. Verwachtingen: Shared cM Project 4.0 (Blaine Bettinger), afgerond. Een waarde buiten het bereik wijst op een fout in de stamboom of een onbekende afstamming – of op een tweede verwantschap.
[Vergelijken](#)
Anna Peeters ↔ Paul Peeters Ouder/kind 3.485 cM (2.376–3.720) —

[Familiërapport \(PDF\)](#) Begrijpelijke samenvatting zonder ruwe gegevens – om te delen.

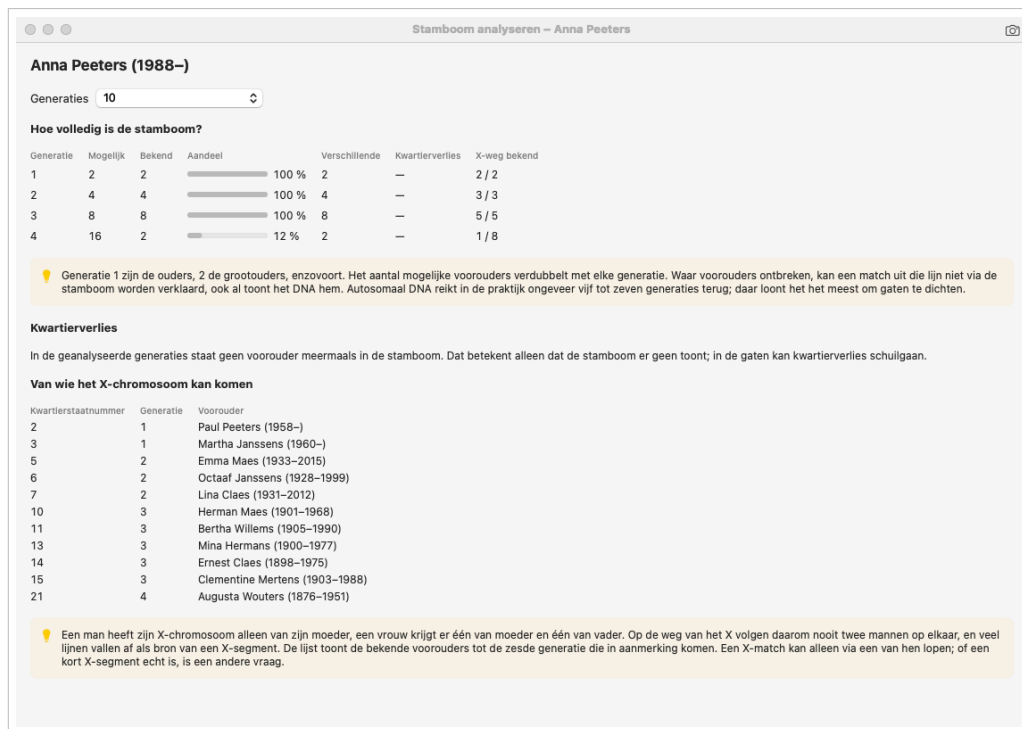
Figuur 8.3: Anna Peeters met „Stamboom ↔ DNA”: Anna en Paul zijn volgens de stamboom ouder en kind.

8.4 Stamboom analyseren

Familie > Stamboom analyseren () analyseert de stamboom vanuit een gekoppelde persoon, over 6 tot 12 generaties:

- **Hoe volledig is de stamboom?** – per generatie de mogelijke en bekende voorouders, het aandeel, verschillende personen, kwartierverlies en hoeveel X-wegen bekend zijn. Autosomaal DNA reikt in de praktijk ongeveer vijf tot zeven generaties terug; daar loont het om gaten te dichten.
- **Kwartierverlies** – voorouders die meerdere keren voorkomen, met hun kwartierstaatnummers.
- **Van wie het X-chromosoom kan komen** – de bekende voorouders tot de 6e generatie van wie X-DNA kan komen. Een man heeft zijn X alleen van zijn moeder.

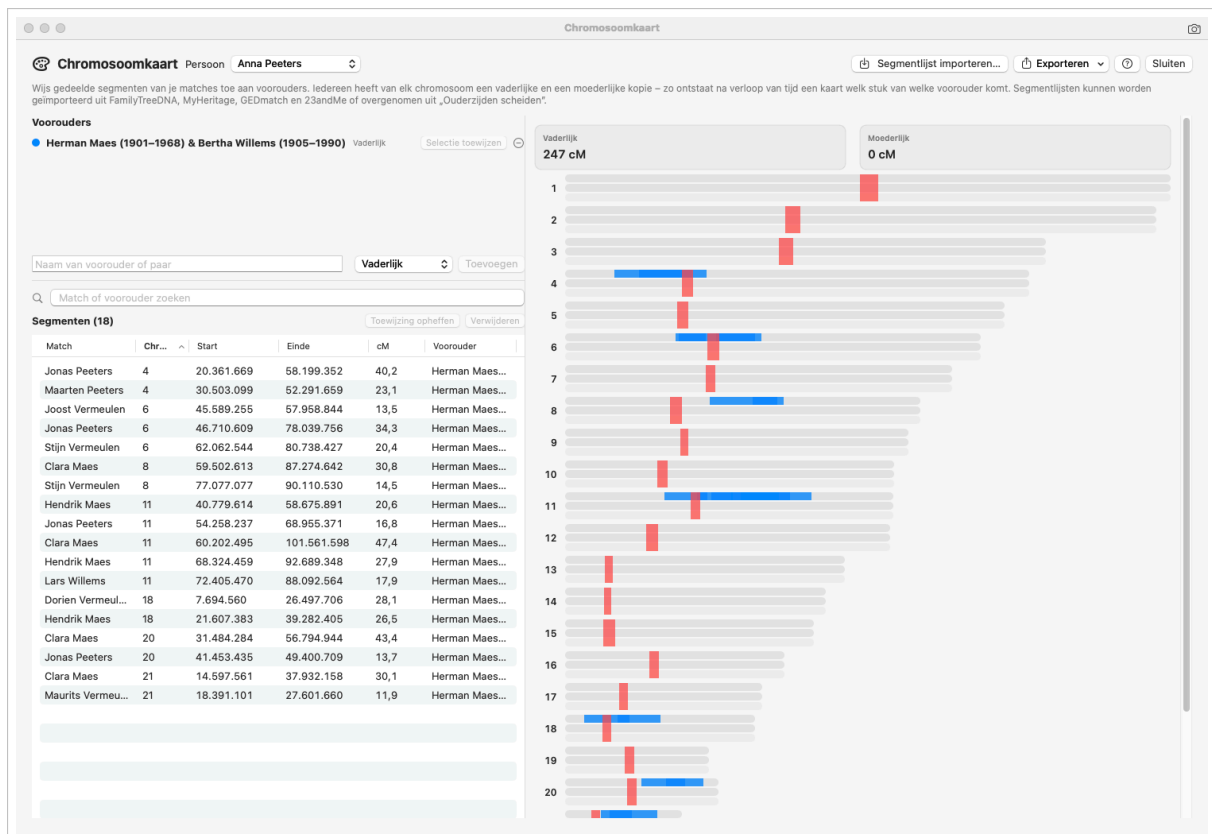
Is er geen stamboom geladen of geen persoon gekoppeld, dan legt een melding uit wat er ontbreekt en leidt ze naar het venster **Personen**.



Figuur 8.4: Stamboom analyseren voor Anna Peeters.

8.5 De chromosoomkaart

Ieder mens heeft elk chromosoom twee keer: één kopie van de vader, één van de moeder. De **Chromosoomkaart** (Familie › Chromosoomkaart, ) legt vast welk stuk van welke voorouder komt – één kaart per persoon.



Figuur 8.5: Anna's chromosoombank met de segmenten van groep 1 onder het voorouderpaar Herman Maes & Bertha Willems.

8.5.1 Opbouw

Links staan de **Voorouders** met kleur en kant en daaronder de tabel met de **Segmenten** (match, chromosoom, start, einde, cM, voorouder). Rechts toont de kaart de chromosomen 1–22 en X met drie sporen: boven de vaderlijke kopie, in het midden de moederlijke, onder segmenten zonder bekende kant. De kleur hangt af van de voorouder; niet toegewezen segmenten zijn grijs. Met geladen chromosoombanden is het centromeer rood gemarkeerd. Bovenaan staan de ingekleurde cM per kant.

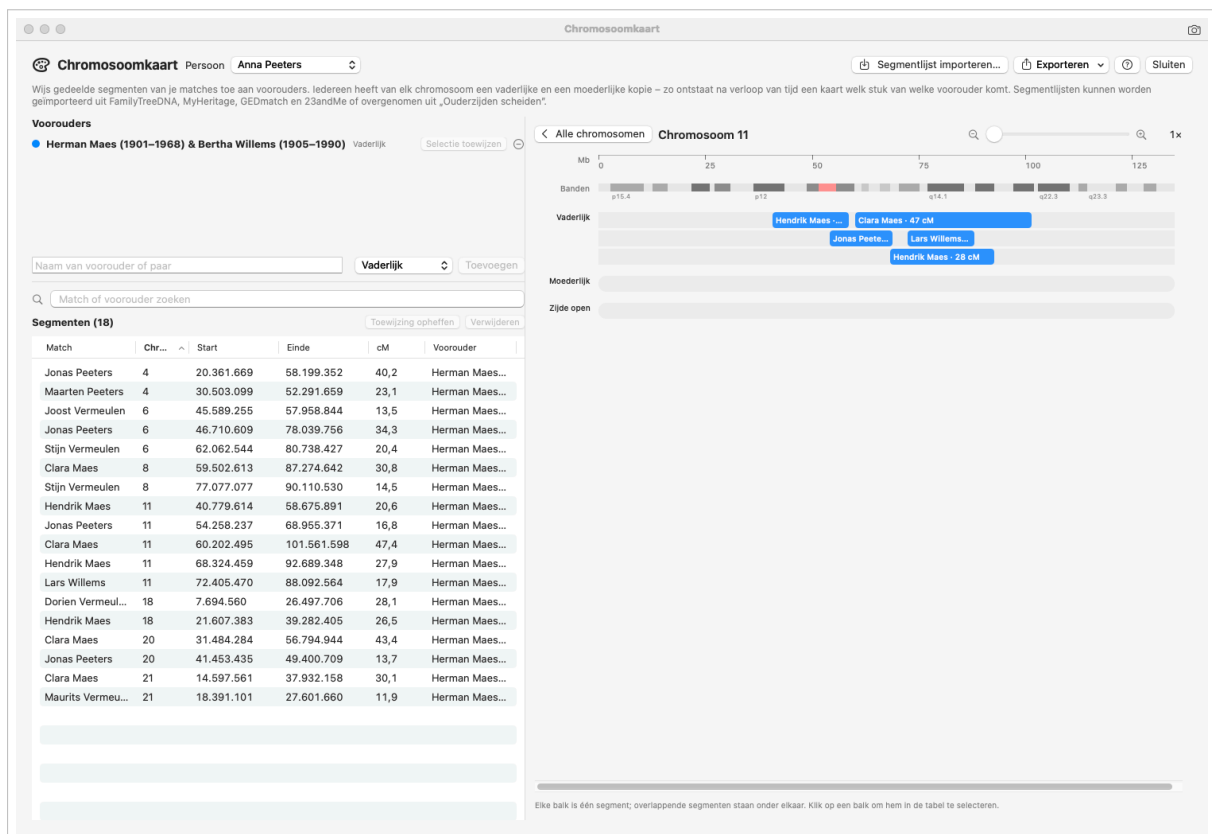
8.5.2 Stap voor stap

1. **Segmenten ophalen:** **Segmentlijst importeren...** leest segmentexports van FamilyTreeDNA (Chromosome Browser), MyHeritage, GEDmatch en 23andMe; dubbele worden overgeslagen. Komma, puntkomma en tab als scheidingstekens worden herkend, net als de tekensets UTF-8, UTF-16 en Latin-1 – ook een tabel uit een Duitse of Nederlandse spreadsheet kun je dus inlezen. Andere bronnen: **Aan chromosoombank toevoegen** bij phasing (paragraaf 6.3) en **In de chromosoombank invoeren** bij de segmentgroepen (paragraaf 7.3.2).
2. **Voorouders aanmaken:** naam (persoon of paar), kant kiezen, **Toevoegen**. Elke voorouder krijgt een eigen kleur.
3. **Toewijzen:** kies regels in de tabel (⌘ of ⌘ voor meerdere) en klik dan bij de voorouder

op **Selectie toewijzen**. Toewijzing opheffen en **Verwijderen** werken op de selectie.

4. **Zoeken:** het zoekveld filtert op match of voorouder en licht de resultaten in de kaart uit.

Een klik op een plek in de kaart toont welke segmenten daar liggen, met **Selecteren in tabel** en **Inzoomen**. Een klik op het chromosoomnummer vergroot het chromosoom: elk segment wordt een eigen balk met opschrift, overlappingsen staan onder elkaar, met Mb-schaal, banden en zoomschuif. **Alle chromosomen** keert terug.



Figuur 8.6: Chromosoom 11 vergroot.

8.5.3 Exporteren

Het menu **Exporteren** biedt:

- **Segmenttabel (CSV) ...** – alle segmenten met match, chromosoom, start, einde, cM, SNP's, kant, voorouder en bron;
- **Exporteren voor DNA Painter ...** – het eigen CSV-formaat van DNA Painter, met de voorouders als groepen en hun kleuren; daar via „Import” als eigen CSV-bestand inlezen;
- **Hele kaart als afbeelding (PNG) ...** en **Hele kaart als pdf ...** – licht op wit, met titel en legenda van de voorouders; in de vergrote weergave ook het afzonderlijke chromosoom als PNG of PDF.

De coördinaten moeten in GRCh37 zijn, zoals bij FamilyTreeDNA; de kaart rekent niet om. De tabel toont de cM uit het geïmporteerde bestand, de sommen berekent Clavis zelf. De

kaarten staan alleen op deze Mac.

8.6 Het familierapport

Familierapport (PDF) (in het venster **Personen**, in Archief, in het menu **Gegevens** of onder „Wat kan ik nu doen?“) maakt een begrijpelijk A4-rapport over een persoon, zonder ruwe gegevens – om met de familie te delen. Het bevat de beschikbare tests, de mtDNA- en Y-haplogroep met betekenis, de verwantschap met de andere personen in de gegevensmap (uit de autosomale ruwe gegevens), testvoorstellen, een achtergrond „eenvoudig uitgelegd“ en een privacyopmerking.

Onderzoekshulpmiddelen

9.1 Het onderzoekslogboek

Familie > Onderzoekslogboek (⌘J) legt vast welke vraag je onderzoekt en hoe ver je staat. Het heeft twee delen.

Hypothesen: per hypothese de velden **De vraag, zo precies mogelijk**, **Gegevens: aanbieder, datum van raadpleging, gemeten waarden**, **Hypothese**, **Wat ervoor pleit**, **Wat ertegen pleit**, **Volgende stap** en **Stand** (open, aanwijzing, gegronde vermoeden, onderbouwd, bewezen, verworpen) met datum. Verworpen hypothesen horen er net zo goed in als bevestigde.

Figuur 9.1: Een hypothese in het onderzoekslogboek.

Onder **Kandidaten vergelijken** vul je voor elke kandidaat in in welke verwantschap de matches tot hem zouden staan. Clavis toetst elke waarde aan de waargenomen spreiding van het Shared cM Project en toont per kandidaat hoeveel waarden binnen de spreiding liggen; vanaf twee kandidaten volgt een grove weging als percentagebalk. De weging verschijnt alleen als alle

kandidaten op dezelfde matches berusten: vul bij elke kandidaat dezelfde matches (dezelfde initialen in het veld **Match (initialen)**) met hun cM in, telkens met de verwantschap die bij die kandidaat zou gelden; anders legt een melding uit wat er ontbreekt. Een waarde van 0 cM of onder 7 cM telt als „niet aantoonbaar”, niet als exacte waarde: ze pleit tegen een nauwe verwantschap, maar sluit een verre niet uit. Een spreiding is geen uitsluitingsgrens; de weging is geen bewijs, en ontbreekt de juiste kandidaat, dan zegt ze niets.

Controlebladen voor segmenten: een controleblad legt voor één segment vast waarop de bevinding berust: match, datum van de gegevens, referentie, ligging, grootte, methode, kant, triangulatie, stapelgebied, genealogische weg, andere verklaring en stand. Controlebladen kun je vooraf ingevuld aanmaken vanuit de overlappende segmenten en de segmentgroepen.

The screenshot shows a web application titled 'Onderzoekslogboek'. It has a navigation bar with tabs: 'Hypothesen', 'Controlebladen voor segmenten' (selected), 'Matches met de hand', '+ Nieuw controleblad', 'PDF-rapport...', and 'Verwijderen'. On the left, there is a list of names: 'Clara Maes, Jonas Peeters, Hendrik Maes, Maarten Peeters, Stijn Verme...' with a sub-label 'aanwijzing'. The main area contains a form for creating a control sheet for a segment. The form includes the following fields:

- Match:** Clara Maes, Jonas Peeters, Hendrik Maes, Maarten Peeters, Stijn Vermeulen, Dorien Vermeulen, Lars Willems,
- Datum van de gegevens:** Datum waarop de lijst of het bestand is gedownload
- Referentie:** Versie van het referentiegenome, bijv. GRCh37
- Ligging:** Chr 4, 30,5 – 52,3 Mb; Chr 6, 46,7 – 58,0 Mb; Chr 6, 62,1 – 78,0 Mb; Chr 8, 77,1 – 87,3 Mb; Chr 11, 54,3 – 58,7
- Grootte:** Lengte in centimorgan, aantal gedeelde posities
- Methode:** FamilyTreeDNA, ≥ 10 cM
- Kant:** vaderlijke kopie
- Triangulatie:** Met wie gecontroleerd; resultaat; of niet gecontroleerd
- Stapelgebied:** Aantal overige matches op dezelfde plaats
- Genealogische weg:** Vermoedelijk voorouderpaar en bewijs in de stamboom
- Andere verklaring:** Sterkste alternatief dat nog niet is uitgesloten
- Stand:** **aanwijzing** (dropdown menu) | Stand van 10 oktober 2026

At the bottom, there is a note: 'Het logboek staat alleen op deze Mac. Voor matches zijn initialen aan te raden in plaats van namen, vooral als je een rapport doorgeeft.'

Figuur 9.2: Een nieuw controleblad voor een segment met zijn velden.

PDF-rapport... bewaart de gekozen hypothese of het gekozen controleblad als PDF. Gebruik voor matches liever initialen dan namen, vooral als je een rapport doorgeeft.

9.2 Matches met de hand

Sommige aanbieders geven hun matchlijst niet meer als bestand vrij. In **Matches met de hand** (Familie of in het onderzoekslogboek) vul je de belangrijke matches zelf in: initialen, persoon, aanbieder, gedeelde cM, langste segment, datum van raadpleging, kant, groep en notities. Het programma noemt daarbij de verwantschappen waarvan de spreiding bij de waarde past.

Matches met de hand

+ Match toevoegen Verwijderen 2 matches ingevoerd

Persoon (wiens matches) Plakken vanaf klembord

Match (initialien)	Persoon	Aanbieder	Gedeelde cM	Langste segment	Groep	Geraadpleegd op
K. M.	Anna Peeters	MyHeritage	214	48,5	Lijn Janssens	10.10.2026
H. B.	Anna Peeters	MyHeritage	96	31,2	Lijn Peeters	10-10-2026

K. M. Anna Peeters Aanbieder: MyHeritage

214 48,5 10.10.2026 Kant: niet toegewezen Lijn Janssens

Mogelijke verwantschappen volgens het Shared cM Project

Neven/nichten 1e graad, tweemaal verwijderd · Neven/nichten 2e graad, eenmaal verwijderd · Half- Neven/nichten 2e graad · Neven/nichten 3e graad · Neven/nichten 1e graad, eenmaal verwijderd

Mijn notities

Match uit de lijst bij MyHeritage; stamboom toont Janssens uit dorp A. Aangeschreven op 10.10.2026.

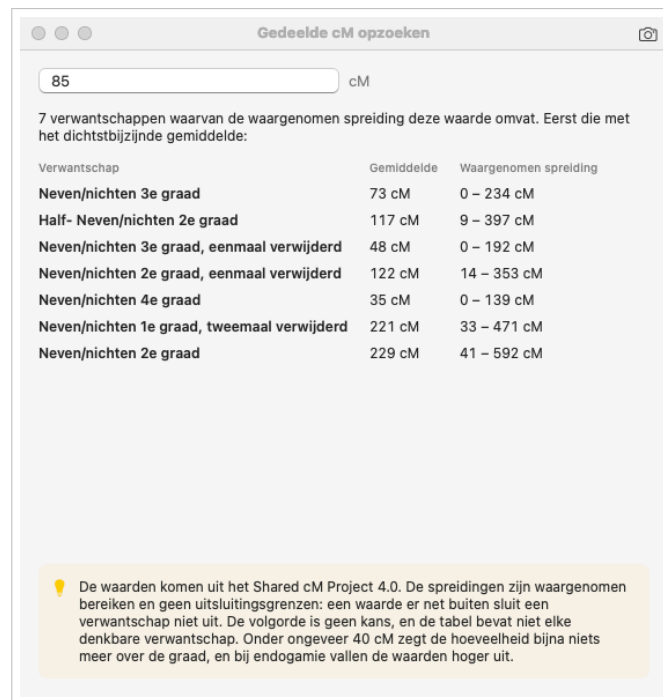
Het logboek staat alleen op deze Mac. Voor matches zijn initialen aan te raden in plaats van namen, vooral als je een rapport doorgeeft.

Figuur 9.3: Matches met de hand met twee records; de match „K. M.” is gekozen.

Plakken vanaf klembord neemt matches over uit een gekopieerde matchpagina: open in de browser de pagina met DNA-matches bij MyHeritage of Ancestry, selecteer alles (⌘A) en kopieer (⌘C), vul in het veld **Persoon (wiens matches)** in van wie de matches zijn, en klik op de knop. Gelezen worden naam, cM en de schatting van de aanbieder, bij MyHeritage ook segmenten en langste segment. Bestaande records worden bijgewerkt, niet verdubbeld. Voor volgende pagina's van de lijst herhaal je de handeling. Clavis heeft geen toegang tot je account.

9.3 Gedeelde cM opzoeken

Vergelijken › Gedeelde cM opzoeken (⌘L): vul het gedeelde DNA in cM in (1 tot 8000), en Clavis toont alle verwantschappen waarvan de waargenomen spreiding volgens het Shared cM Project 4.0 de waarde omvat, die met het dichtstbijzijnde gemiddelde eerst.

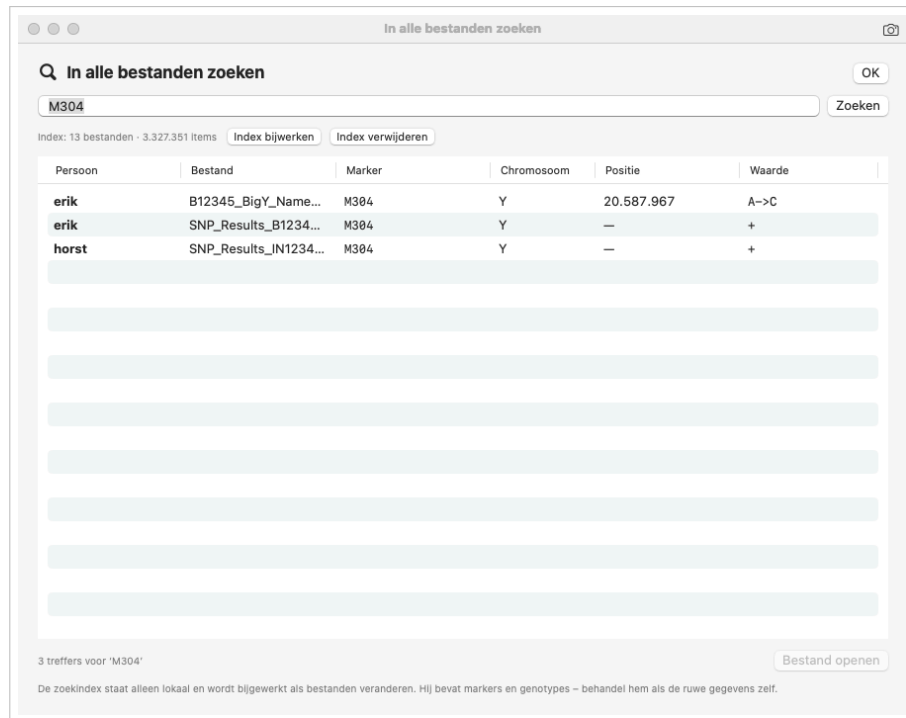


Figuur 9.4: Gedeelde cM opzoeken voor 85 cM.

De spreidingen zijn waargenomen bereiken, geen uitsluitingsgrenzen. De volgorde is geen waarschijnlijkheid; onder ongeveer 40 cM zegt de hoeveelheid bijna niets meer over de graad, en bij endogamie vallen de waarden hoger uit.

9.4 Markers in alle bestanden zoeken

Gegevens › Markers zoeken (🔍) doorzoekt alle bestanden naar een rs-nummer, een SNP-naam (bijv. M267), een DYS-marker, een mtDNA-mutatie (bijv. 16519C) of een positie. De resultaten tonen persoon, bestand, marker, chromosoom, positie en waarde; **Bestand openen** selecteert het bestand in het hoofdvenster. Onder de tabel staan het aantal treffers en de zoekterm waar ze bij horen.



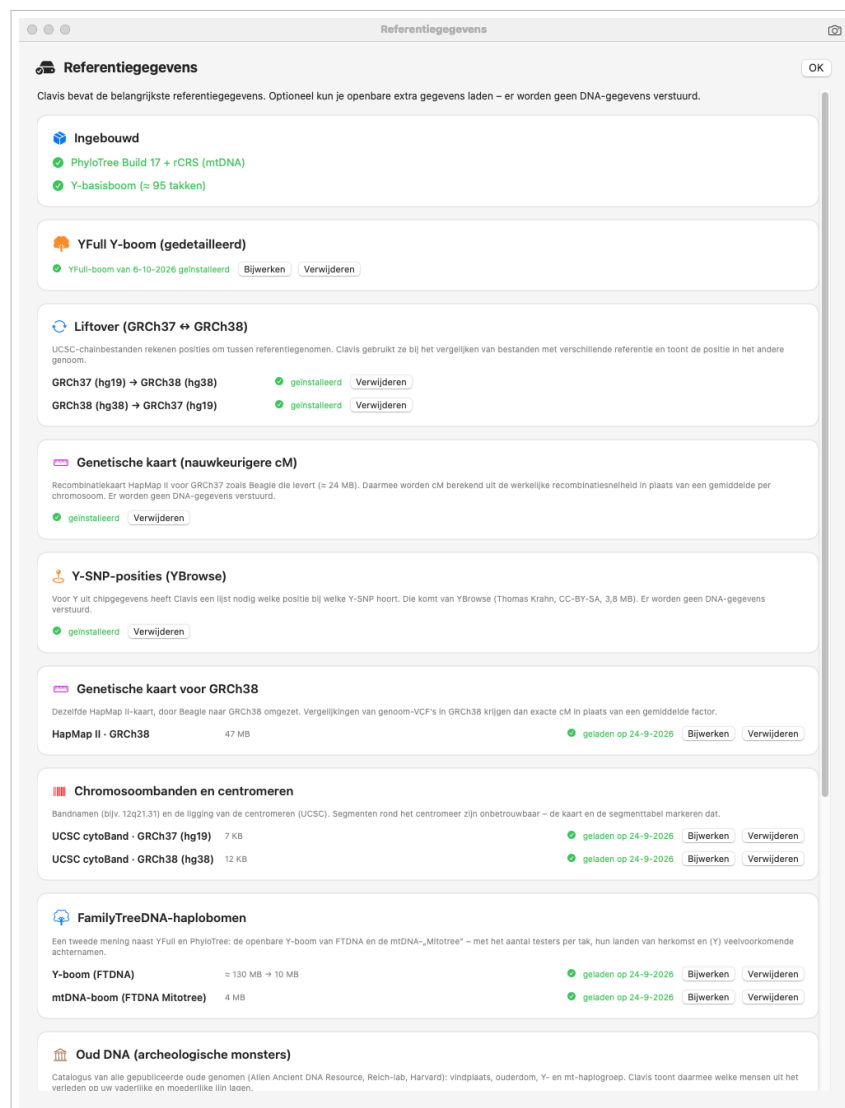
Figuur 9.5: Zoeken naar de Y-SNP M304 vindt hem in drie bestanden.

Er wordt gezocht in een lokale index, die bij het openen van het venster wordt aangevuld met nieuwe of gewijzigde bestanden (**Index bijwerken**, **Index verwijderen**). Hij omvat ruwe chipgegevens, Y-varianten (CSV en Y-VCF), Y-STR en mtDNA-FASTA, maar geen genoom-VCF, match- en segmentlijsten, BED of BAM. Zoek je terwijl de index nog wordt opgebouwd, dan toont het venster „De zoekindex wordt opgebouwd. Het zoeken naar ‘...’ start zodra hij klaar is.” en zoekt het daarna vanzelf. De index bevat markers en genotypes – behandel hem als de ruwe gegevens zelf.

Gegevens, privacy en instellingen

10.1 Referentiegegevens

Clavis heeft de belangrijkste referentiegegevens aan boord (PhyloTree Build 17 met rCRS voor mtDNA, een Y-basisboom met ongeveer 95 grote takken, chromosoomlengtes). Andere openbare gegevens laad je in het venster **Referentiegegevens** (Gegevens > Referentiegegevens). Daarbij worden geen DNA-gegevens verstuurd. Elke regel heeft een downloadknop, **Bestand importeren...** voor een zelf verkregen bestand en na het laden **Bijwerken** en **Verwijderen**. Is een bestand oud, dan raadt Clavis aan het opnieuw te laden.

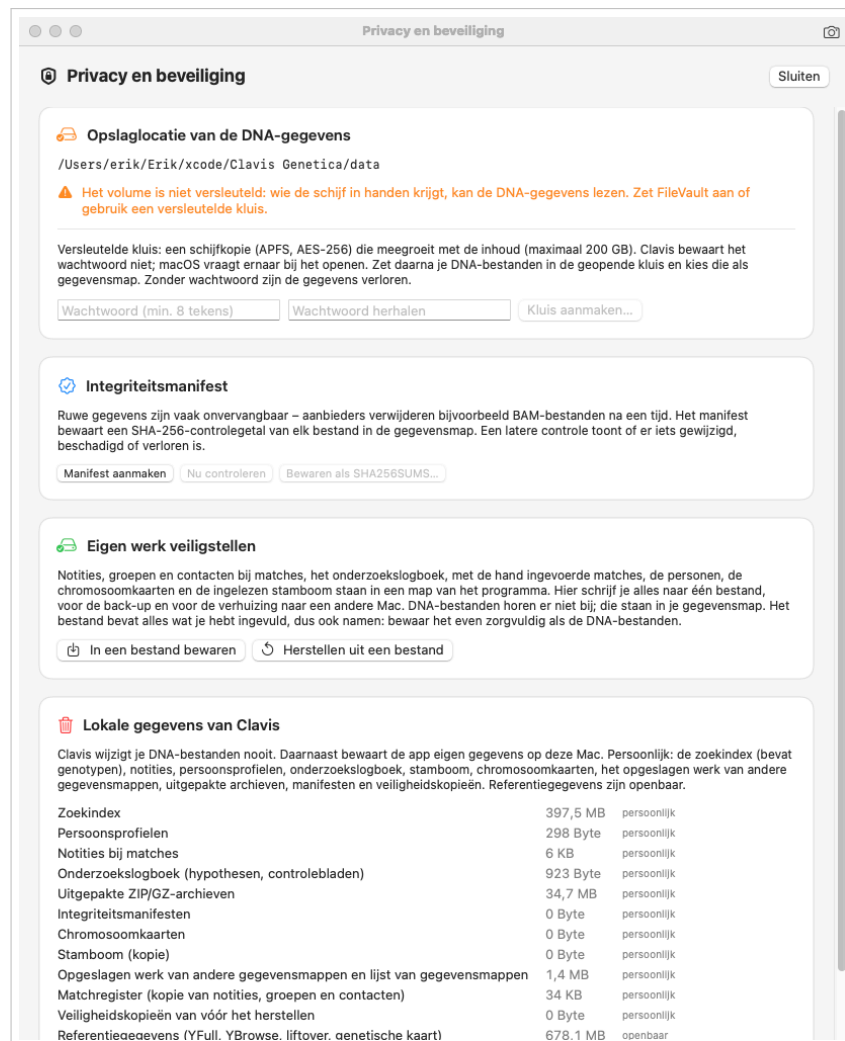


Figuur 10.1: Het venster „Referentiegegevens”.

Gegevensset	Waarvoor	Grootte
YFull Y-boom	precieze Y-eindtak, leeftijden	≈ 15 MB
Liftover GRCh37 ↔ GRCh38	vergelijkingen tussen referentiegenomen, posities	per richting
Genetische kaart (GRCh37, GRCh38)	exacte cM bij vergelijking, phasing, homozygote stukken	24 / 47 MB
Y-SNP-posities (YBrowse)	Y-haplogroep uit chipgegevens	3,8 MB
Chromosoombanden en centromeren	banden in vergelijking en chromosoomkaart	enkele KB
FamilyTreeDNA-haplobomen	tweede mening over Y en mtDNA	10 / 4 MB
Oud DNA (AADR)	„Oud DNA op uw lijn”	13 MB
Allelfrequenties (1000 Genomes)	herkomstchatting, zeldzame allelen	1,46 GB download
ClinVar, GWAS Catalog	alleen bij ingeschakelde medische gegevens	elk tot 200 MB

10.2 Privacy en beveiliging

Gegevens › Privacy en beveiliging opent vier kaarten:



Figuur 10.2: Het venster „Privacy en beveiliging”.

Opslaglocatie van de DNA-gegevens

controleert waar de gegevensmap staat en waarschuwt bij iCloud Drive, andere cloudmappen, de map Downloads of een niet-versleutelde schijf. Met **Kluis aanmaken...** maak je een versleutelde, meegroeiende schijfkopie (AES-256) waarin je de DNA-bestanden kunt zetten. Clavis bewaart het wachtwoord niet – zonder wachtwoord zijn de gegevens verloren.

Integriteitsmanifest

Manifest aanmaken bewaart een SHA-256-controlegetal van elk bestand, **Nu controleren** meldt nieuwe, gewijzigde en ontbrekende bestanden, **Bewaren als SHA256SUMS...** schrijft een bestand dat je met `shasum -c` kunt controleren. Het bestand `clavis-project.json` van Clavis hoort er niet bij.

Eigen werk veiligstellen

In **een bestand bewaren** schrijft je notities, groepen, contacten, naamkoppelingen, het onderzoekslogboek, de matches met de hand, de personen, de chromosoomkaarten en de stamboom naar een JSON-bestand – zonder DNA-bestanden. **Herstellen uit een bestand** zet ze terug; de huidige stand wordt vooraf automatisch bewaard. Vóór het herstellen controleert Clavis het bestand: bevat het onderdelen die deze versie niet kent of is het beschadigd, dan wordt het geweigerd en wordt er niets gewijzigd. De melding luidt dan „Herstellen mislukt: ... Er is niets gewijzigd.” met de reden. Mislukt het schri-

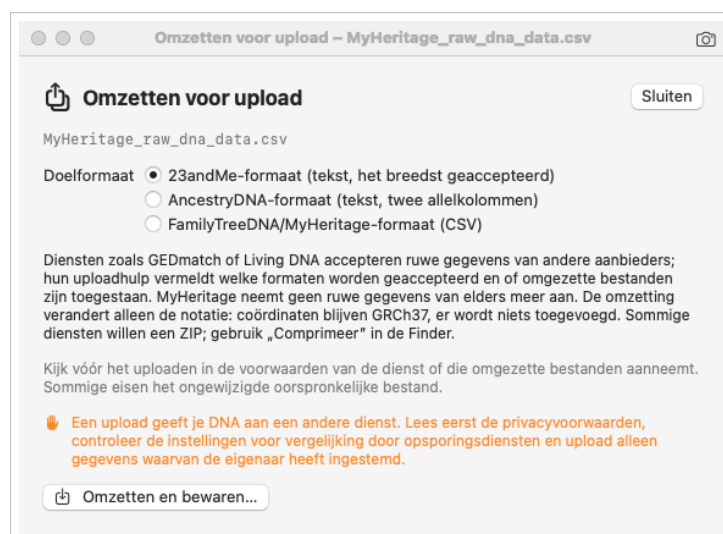
jven halverwege, dan haalt Clavis de vorige stand terug. De back-up bevat namen en moet net zo zorgvuldig bewaard worden als de DNA-bestanden. Ook via Archief › Eigen werk veiligstellen....

Lokale gegevens van Clavis

somt op wat Clavis zelf heeft bewaard (zoekindex, persoonsprofielen, notities, onderzoekslogboek, uitgepakte archieven, manifesten, chromosoomkaarten, de kopie van de stamboom, **Opgeslagen werk van andere gegevensmappen en lijst van gegevensmappen**, **Matchregister (kopie van notities, groepen en contacten)**, **Veiligheidskopieën van vóór het herstellen**, referentiegegevens), met grootte en of het persoonlijk is. **Persoonlijke gegevens verwijderen** verwijdert al het persoonlijke daarvan, ook het opgeslagen werk van alle gegevensmappen; **Referentiegegevens verwijderen** ruimt de referentiegegevens op, die je altijd opnieuw kunt laden. Je DNA-bestanden blijven in beide gevallen onaangetast.

10.3 Omzetten voor upload

Archief › Omzetten voor upload... schrijft autosomale ruwe chipgegevens (CSV, TSV of TXT) in een ander formaat, om ze bij een andere dienst te uploaden. Mogelijke formaten: **23andMe-formaat**, **AncestryDNA-formaat** of **FamilyTreeDNA/MyHeritage-formaat (CSV)**. Daarna **Omzetten en bewaren....** Alleen de schrijfwijze verandert, er wordt niets aangevuld; bestanden in GRCh38 worden geweigerd. Voor andere bestanden (bijvoorbeeld Y-STR, VCF of matchlijsten) is er geen omzetting.



Figuur 10.3: Het venster „Omzetten voor upload”.

Controleer zelf welke diensten omgezette bestanden aannemen. FamilyTreeDNA neemt omgezette bestanden niet aan, MyHeritage neemt geen ruwe gegevens van elders meer aan. Een upload geeft je DNA door aan een andere dienst: lees vooraf diens privacyvoorwaarden en de instellingen voor vergelijkingen door opsporingsdiensten.

10.4 Medische gegevens

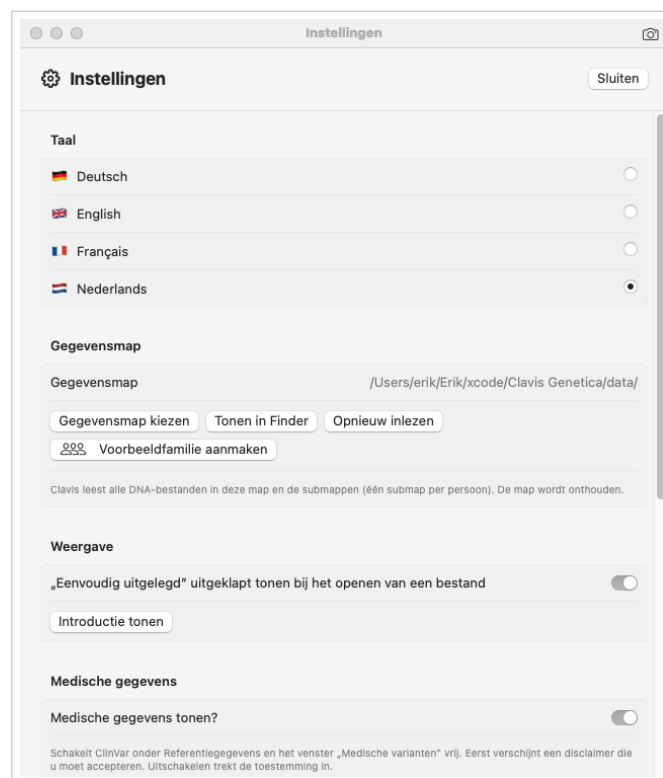
Clavis is geen medisch hulpmiddel. Medische analyses zijn uitgeschakeld. In de instellingen onder **Medische gegevens** kun je ze met **Medische gegevens tonen?** inschakelen; eerst verschijnt een disclaimer waarmee je moet instemmen. Daarna zijn er Gegevens › Medische varianten en onder **Referentiegegevens** de datasets ClinVar en GWAS Catalog.

Het venster **Medische varianten** analyseert een chipbestand, een genoom-VCF of een volledige mtDNA-FASTA: records uit ClinVar waarbij de persoon het genoemde allel draagt, gefilterd op betekenis en beoordelingsniveau, en resultaten uit studies van de GWAS Catalog met effect en frequentie.

Geen diagnose, zonder garantie. Bevindingen uit chipgegevens zijn vaak fout. Laat elke opvallende bevinding bevestigen in een gecertificeerd lab en bespreek ze met een arts. De afzonderlijke effecten uit studies zijn meestal klein en op zichzelf betekenisloos. Uitschakelen trekt de instemming in.

10.5 Instellingen

Clavis Genetica › Instellingen... (⌘,) of het tandwiel:



Figuur 10.4: De instellingen.

Taal Duits, Engels, Frans, Nederlands.

Gegevensmap

pad en de knoppen **Gegevensmap kiezen**, **Tonen in Finder**, **Opnieuw inlezen** en **Voorbeeldfamilie aanmaken**.

Weergave

of „Eenvoudig uitgelegd” uitgeklaapt wordt getoond bij het openen van een bestand; **Introductie tonen.**

Medische gegevens

zie hierboven.

Controleren op updates

versie, laatste controle, knop om te controleren.

Opgeslagen gegevens

locatie van de eigen gegevens van Clavis (~/.Library/ApplicationSupport/be.f97.clavisgenetica) met knoppen naar Finder, referentiegegevens en privacy.

Hulp in het programma

DNA-basis en hulp

(Help, ⓘ) legt uit wat DNA is, de drie soorten tests, chip en sequencing, haplogroepen, referentiegenomen, de herkenning van de maker, de mappenstructuur, privacy en de belangrijkste functies.

Woordenlijst

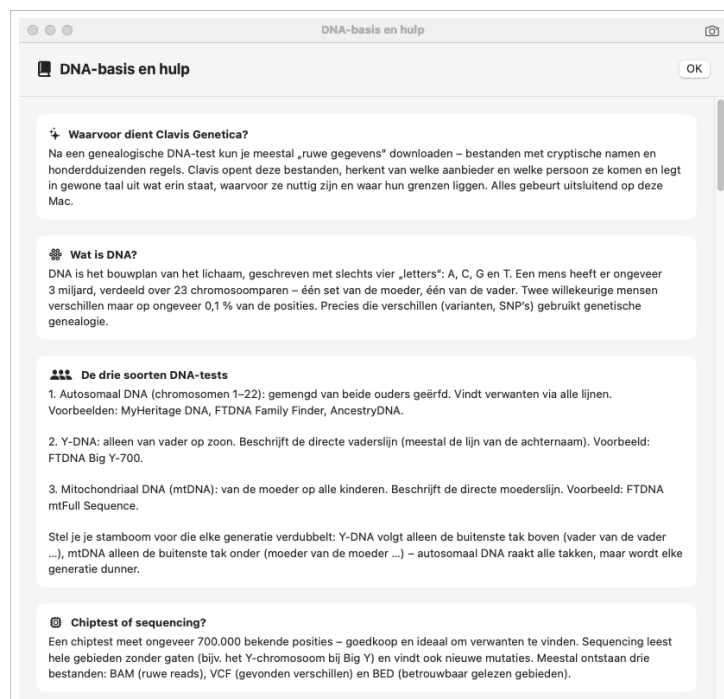
(ⓘ ⓘ ⓘ) met zoekveld; de lemma's komen uit de woordenlijst van het boek „Clavis Genetica”, aangevuld met de technische termen van het programma. In het programma openen kleine „?”-knopjes en de regel „Begrippen:” meteen de uitleg van een begrip.

Introductie tonen

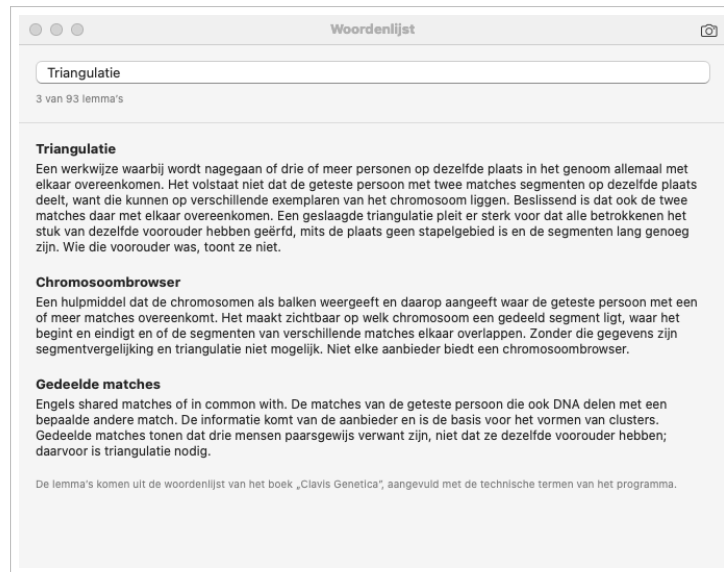
de introductie in zes stappen.

Eenvoudig uitgelegd en Wat kan ik nu doen?

in elke bestandsweergave (hoofdstuk 3).



Figuur 11.1: DNA-basis en hulp.



Figuur 11.2: De woordenlijst met de zoekopdracht „Triangulatie”.

Quick Look in de Finder

Met de spatiebalk toont de Finder een voorvertoning van FASTA-, BED- en BAM-bestanden: bij FASTA lengte, GC-gehalte en de eerste basen, bij BED de gedekte regio's, bij BAM de contigs, readgroep en programma's. CSV- en VCF-bestanden zijn bewust uitgezonderd.

Menu's en sneltoetsen

Opdracht	Sneltoets
<i>Clavis Genetica</i>	
Over Clavis Genetica · Controleren op updates · Instellingen...	– · ⌘U · ⌘,
<i>Archief</i>	
Bestand of map openen...	⌘O
Opnieuw inlezen	⌘R
Omzetten voor upload... · Familierapport (PDF)... · Eigen werk veiligstellen...	–
<i>Vergelijken</i>	
Gekozen bestand met een tweede vergelijken	⌘D
Vergelijking van meerdere personen	⇧ ⌘M
Overlappende segmenten...	–
Gedeelde cM opzoeken	⇧ ⌘L
<i>Familie</i>	
Personen	⇧ ⌘P
Stamboom analyseren	⇧ ⌘T
Chromosoomkaart	⇧ ⌘K
Ouderzijden scheiden (phasing)	–
Onderzoekslogboek	⇧ ⌘J
Matches met de hand	–
<i>Gegevens</i>	
Markers zoeken	⌘F
Referentiegegevens · Privacy en beveiliging	–
Schermafbeelding van het venster	⌘S
Medische varianten (indien ingeschakeld)	–
<i>Help</i>	
DNA-basis en hulp	⌘?
Woordenlijst	⇧ ⌘G
Introductie tonen	–

Ondersteunde bestanden

Soort	Bestanden
Ruwe chipgegevens	MyHeritage, FamilyTreeDNA Family Finder, AncestryDNA, 23andMe, Living DNA (CSV, TXT, TSV)
Big Y	Named Variants, Private Variants, Matches (CSV), variants.vcf, regions.bed, BAM met BAI
Y-DNA	SNP-resultaten van FamilyTreeDNA, Y-STR-exports (Y-37 tot Big Y-700)
mtDNA	FASTA (mtFull Sequence, mtPlus)
Matchlijsten	FamilyTreeDNA Family Finder Matches, Chromosome Browser (segmenten), Y-matches
Algemeen	VCF (ook gVCF, om te vergelijken met de extensie .vcf; bij meerdere monsters alleen het eerste), BED, BAM/BAI, FASTA, ZIP- en GZ-archieven
Stamboom	GEDCOM 5.5, Gramps-XML (in het venster Personen)

Als er iets misgaat

Een bestand verschijnt niet in de lijst.

Controleer de extensie (paragraaf 2.1); **Opnieuw inlezen**. Verborgene bestanden worden overgeslagen.

De map toont maar één persoon.

Vermoedelijk ligt de gekozen map op een niveau te hoog; Clavis biedt aan de juiste te openen.

Matchlijst en segmentlijst vinden elkaar niet.

Beide moeten in dezelfde persoonsmap staan en de originele namen van FamilyTreeDNA hebben.

Namen uit de segmentlijst ontbreken in de matchlijst.

Wijs ze met de hand toe in het kader **Namen afstemmen met de matchlijst**.

Geen Y-haplogroep uit chipgegevens.

Laad de Y-SNP-posities onder **Referentiegegevens**; het bestand moet in GRCh37 zijn; veel chips meten nauwelijks benoemde Y-SNP's.

De cM wijken af van die van de aanbieder.

Laad de genetische kaart; afwijkingen van enkele procenten zijn normaal.

„Stamboom analyseren” meldt dat er geen persoon gekoppeld is.

Koppel in het venster **Personen** de persoon aan haar record in de stamboom.

De kwaliteitscontrole vooraf toont geen beoordeling.

Het bestand is nog niet geladen: klik in de kaart op **Bestand laden**.

Het kwaliteitsrapport meldt „Beperkt” en een groot gat.

Tussen twee gedeelde markers ligt meer dan 15 Mb zonder meting (centromeren tellen niet mee). Dat geldt voor segmenten, triangulatie en phasing, niet voor de schatting van de verwantschap; controleer segmentgrenzen in dit gebied met de hand.

Twee genoom-VCF's geven „Te weinig gedeelde markers”.

Gewone varianten-VCF's delen te weinig posities; gebruik een gVCF of ruwe chipgegevens.

Een andere gegevensmap kan niet worden geopend.

Clavis noemt de reden en laat de vorige map met je werk open. Aan de map en haar DNA-bestanden verandert niets.

Een back-up kan niet worden hersteld.

Het bestand is beschadigd of bevat onderdelen die deze versie niet kent. Er is niets gewijzigd; kies een andere back-up of werk het programma bij.

De update kan niet worden gedownload.

Controleer de internetverbinding en, in het lokale netwerk, de toestemming onder **Privacy en beveiliging** › **Lokaal netwerk**.