



UvA-DARE (Digital Academic Repository)

Transcriptome dynamics in early zebrafish embryogenesis

Rauwerda, J.

[Link to publication](#)

Citation for published version (APA):

Rauwerda, J. (2017). Transcriptome dynamics in early zebrafish embryogenesis.

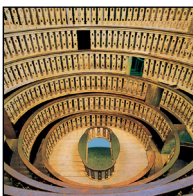
General rights

It is not permitted to download or to forward/distribute the text or part of it without the consent of the author(s) and/or copyright holder(s), other than for strictly personal, individual use, unless the work is under an open content license (like Creative Commons).

Disclaimer/Complaints regulations

If you believe that digital publication of certain material infringes any of your rights or (privacy) interests, please let the Library know, stating your reasons. In case of a legitimate complaint, the Library will make the material inaccessible and/or remove it from the website. Please Ask the Library: <https://uba.uva.nl/en/contact>, or a letter to: Library of the University of Amsterdam, Secretariat, Singel 425, 1012 WP Amsterdam, The Netherlands. You will be contacted as soon as possible.

Dankwoord



Nu het proefschrift er ligt is het al bijna niet meer voor te stellen hoeveel tijd in dit onderzoek is gaan zitten, noch hoeveel mensen er een bijdrage aan deze studies hebben geleverd. Ik zal m'n best doen om hier iedereen te noemen die zijn/haar kennis en expertise heeft ingezet bij de totstandkoming van m'n experimenten, maar realiseer me onmiddellijk dat er een grote kans is dat ik mensen vergeet te noemen. Daarvoor wil ik me bij voorbaat excuseren.

Op de eerste plaats wil ik Timo bedanken. *Never a dull moment* is een understatement; voor verveling is weinig tijd, ideeën tuimelen vaak over elkaar heen en het gebeurt nogal eens dat afgesproken analyse-aanpakken door de werkelijkheid worden ingehaald. We praten altijd over het wet lab en het dry lab maar eigenlijk hebben we nog een ander lab waar de meeste experimenten in uitgevoerd worden. Ons *imaginary lab* (ik noem het bewust geen virtual lab); als je van de buitenkant naar dit lab kijkt zie je vooral min (komt voor) of meer (komt ook voor) genoeglijk pratende dames en heren. Sommigen spreken er schande van om zoveel tijd te verkletsen, anderen zijn er misschien wel een beetje jaloers op. Maar ik ben er zeker van dat Socrates er trots op zou zijn! Dit is het lab waarin we zonder twijfel de meeste tijd doorbrengen en waarin we ook de meeste experimenten uitvoeren. Verreweg het meeste mislukt in dit lab, iets dat de resultaten van ons wet en dry lab trouwens bijzonder ten goede komt. Timo, ik vind het bijzonder met je te werken, het is spannend, vernieuwend, je benadert wetenschap wars van conventies en bent niet snel onder de indruk van de één of andere imposante uitziende methode. *'Het klinkt goed, maar is het dat ook?'* Dat is bijzonder, een zo vrije geest die een technologische club leidt en die bovendien ook zulk fundamenteel onderzoek leuk vindt en faciliteert. Want uiteindelijk zou het bij een transcriptomics club misschien wel vooral gepast hebben om technologisch onderzoek te doen. Ik ben je dankbaar dat we technische problemen kunnen identificeren en oplossen maar ben vooral reuzeblij dat de biologie altijd de drijvende vraagstellingen voor ons onderzoek levert. Daarnaast blijft de academische ontdekkingsreis die we door allerlei samenwerkings- en serviceprojecten maken ongelofelijk boeiend. De hoeveelheid en diversiteit van de onderwerpen waar we ons mee beziggehouden hebben, van bacteriën in tandplaque tot high performance computing, van toxicogenomics tot experiment design, van microRNA's in asperges tot het vinden van een genomisch spoor van muskusratten in het milieu, te veel om op te noemen. Om zo'n reis te maken heb je reizigers nodig met veel en verschillende expertises, een multidisciplinaire groep. Het is bijzonder om in zo'n groep te werken, omringd te zijn door zoveel kennis en waarin bovendien het uitgangspunt is dat die kennis in elk project tot de beschikking staat voor iedereen in de groep. Het heeft tijd gekost om zo'n groep te vormen. Dat is vooral jouw verdienste. Dank daarvoor.

Mijn dank aan de groep als geheel, voor alle discussies, de tijd en de expertise, is daarom verre van oblikaat. Graag wil ik een aantal mensen met name noemen.

Allereerst mijn twee paranimfen, Johanna en Paul. Johanna, onze discussies, niet alleen de wetenschappelijke maar ook over wat er op dit moment goed en minder goed is in het wetenschappelijk bedrijf en de wereld in het algemeen houden me scherp. Dank ook

voor je creatieve inbreng in de analyses van met name hoofdstuk 4. Paul, ha! Dank voor je toewijding en ongelofelijke geduld bij onze analyses op de zebra vis eitjes. We zijn heel wat keren vooruit en weer terug gegaan, er zijn heel veel mooie visualisaties gemaakt en heel veel interessante analyses uitgevoerd die de publicatie niet gehaald hebben en zelfs niet in de supplemental information zijn terecht gekomen. Geen verloren moeite, we hebben er naar gekeken, we weten weer meer: *'There and Back Again'*, je moet er maar tegen kunnen.

Wim, het is al weer meer dan 10 jaar geleden dat we met de bouw van het e-biolab zijn begonnen, de laatste consumer grade PC's staan nu met uitgerookte condensatoren klaar om afgevoerd te worden. Zonder jouw kennis was het onmogelijk geweest om de bioinformatica omgeving die we nu hebben op te bouwen. Genseq is een groot succes en alleen als ik met onderzoekers van andere universiteiten praat besef ik hoe bijzonder het is dat wij nooit compute-resource problemen hebben. Zonder die omgeving zou dit proefschrift er niet liggen. Ook dank voor al je geduld en oorspronkelijkheid bij het oplossen van biologische en bioinformatica problemen en voor je bereidheid om mee te denken bij de problemen van anderen.

Rob, Marina, Wim en Selina, het hele proefschrift steunt op jullie werk, maar in het bijzonder het labwerk voor hoofdstuk drie, vier en vijf is buitencategorie. Het zou nooit gelukt zijn om de conclusies te trekken die we nu kunnen trekken als jullie niet zo ongelofelijk schoon, precies en reproduceerbaar gewerkt zouden hebben. Weinig labs doen het jullie na. Daarnaast hebben jullie altijd een bewonderingswaardige hoeveelheid geduld, ook als het planningbord helemaal vol staat. Ik wil hier zeker ook Mark de Jong noemen. De gedachten aan onze Leiden-sessies voor hoofdstuk vier en vijf zijn me dierbaar en jouw bijdrage in het bijzonder aan hoofdstuk vier is groot. Ik ben je hiervoor erg dankbaar! De wat aparte humor tussen ons zette anderen vaak op een verkeerd been, erg komisch.

Selina, je hebt de afgelopen tijd heel wat waterdragen van mij overgenomen. Ik waardeer dat heel erg. Mijn dank dat je dat op zo'n ongelofelijk goede en fijne manier doet.

Dry lab, Martijs, Geneviève, Mauro, Inez, wat een kennis bij elkaar! Geneviève, dank voor je onderwijs en TKI-U werk maar natuurlijk nog veel meer voor alle mooie gesprekken en ideeën. Je suggesties wat literatuur en muziek betreft zetten me op een spoor dat ik anders gemist zou hebben. Bijzonder.

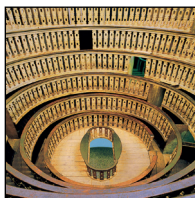
Ook wil ik Mateusz graag bedanken. Niet alleen voor je werk, alhoewel je snakemake en QC sporen onuitwisbaar zijn en hun nut elke dag bewijzen. Ik vond het een voorrecht je kamergenoot te zijn, bedankt voor al je energie, je vrolijkheid en je creativiteit.

Martijs, dank voor je bereidheid en vermogen om je denken over statische en analytische problemen te delen. Het levert vaak een nieuwe manier van kijken tegen een onderwerp

dat ik dacht te kennen op en is altijd verhelderend. Je bent ook een kritische poortwachter tegen te snelle conclusies. Je hebt hiermee een grote bijdrage aan met name hoofdstuk drie en vier van dit proefschrift geleverd. Dank ook voor je reflectie op het onderwijs dat we geven. Ik kijk er naar uit om samen met Rob, Timo en jou dit onderwijs verder te ontwikkelen.

In dit proefschrift hebben we gebruik mogen maken van de zebravisfaciliteit van het Institute of Biology van de Leiden Universiteit. Niet een middagje maar dagen, weken achter elkaar. De gastvrijheid die we ervaren hebben, en de ruimhartigheid waarmee materiaal, vriezers en microscopen ons ter beschikking werden gesteld is ongelofelijk groot geweest. Zelfs als er ingewikkelde dingen georganiseerd moesten worden, zoals een nacht doorwerken in het lab kregen we medewerking. Daarom, Herman, Marcel, Annemarie en Gerda, heel erg bedankt. En in het bijzonder: Ulrike enorm bedankt voor al je werk, de plannings die nodig waren voor eitjes en bevruchten, je bereidheid om een proef over te doen *als de dames niet meewerkten* en, niet in de laatste plaats voor je vriendelijkheid!

Publications



- Locati MD, Pagano JFB, Ensink WA, van Olst M, van Leeuwen S, Nehrdich U, Kongju Zhu, Spaink HP, Girard G, Rauwerda H, Jonker MJ, Dekker RJ, and Breit TM. Linking Maternal and Somatic 5S rRNA types with Different Sequence-Specific Non-LTR Retrotransposons. RNA. Accepted for publication
- Pagano JFB, Rauwerda H, de Leeuw WC, Wackers P, de Jong M, Ensink W, Dekker R, Nehrdich U, Spaink HP, Jonker M, et al. 2016. Transcriptome data on maternal RNA of 24 individual zebrafish eggs from five sibling mothers. *Data Br* 8: 69–72.
- Han Rauwerda, Paul Wackers, Johanna F. B. Pagano, Mark de Jong, Wim Ensink, Rob Dekker, Ulrike Nehrdich, Herman P. Spaink, Martijs Jonker, Timo M. Breit, Mother-Specific Signature in the Maternal Transcriptome Composition of Mature, Unfertilized Zebrafish Eggs. *PLoS One* 11, e0147151 (2016).
- Locati M, Terpstra I, de Leeuw W, Kuzak, M, Rauwerda H, Ensink W, van Leeuwen S, Nehrdich U, Spaink H, Jonker M, Breit TM, Dekker R, Improving small RNA-seq by using a Synthetic Spike-in Set for Size-Range Quality Control together with a Set for Data Normalization. *NAR* 2015 Aug 18;43(14):e89
- O. Bruning, W. Rodenburg, P.F.K. Wackers, C. van Oostrom, M.J. Jonker, R.J. Dekker, H. Rauwerda, W.A. Ensink, A de Vries & T.M. Breit (2016). Confounding Factors in the Transcriptome Analysis of an In-Vivo Exposure Experiment. *PLoS One*, 11 (1):e0145252. doi: 10.1371/journal.pone.0145252
- Bruning O, Rauwerda H, Dekker RJ, de Leeuw WC, Wackers PFK, Ensink WA, Jonker MJ, Breit TM. Valuable lessons-learned in transcriptomics experimentation. *Transcription* 2015 May 27;6(3):51-5.
- Mirabella R, Rauwerda H, Allmann SA, Spyropoulou E, Vries M, Boersma M, Breit TM; Haring M, Schuurink RC. WRKY40 and WRKY6 act downstream of the green leaf volatile E-2-hexenal in Arabidopsis. *Plant J*. 2015 Sep;83(6):1082-96.
- Bruning O, Rodenburg W, van Oostrum C, Jonker MJ, de Jong M, Dekker R, Rauwerda J, Ensink W, de Vries A, Breit TM A range finding protocol to support design for transcriptomics experimentation: examples of in-vitro and in-vivo murine UV exposure. *Plos One* 2014 May 13;9(5)
- Aflitos, S., & the 150 Tomato Genome Consortium Exploring genetic variation in the tomato Solanum Lycopersicon clade by whole-genome sequencing. 2014 *Plant J*. 2014 Oct;80(1):136-48
- Jonker MJ, de Leeuw Wim, Marinković M, Wittink FRA, Rauwerda H, Bruning O, Ensink WA, Fluit AC, Boel ECH, de Jong M, Timo M. Breit Absence/presence calling in microarray-based CGH experiments with non-model organisms. *Nucleic Acids Res*. 2014;42(11)
- Adam Belloum, Marcia A Inda, Dmitry Vasunin, Vladimir Korkhov, Zhiming Zhao, Han Rauwerda , T.M. Breit, Marian Bubak, Collaborative e-Science experiments: from scientific workflow to knowledge sharing, *IEEE Internet Computing IC-2010-07-009*, 2011
- Bruning O, Yuan X, Rodenburg W, Bruins W, van Oostrom CT, Rauwerda H, Wittink FRA, Jonker MJ, de Vries A, Breit TM. 2014. Serious complications in gene-expression studies with stress perturbation. *Transcription* 1: 159–164.
- Stockhammer OW, Rauwerda H, Wittink FR, Breit TM, Meijer AH, Spaink HP. 2010. Transcriptome analysis of Traf6 function in the innate immune response of zebrafish embryos. *Mol Immunol* 48: 179–90. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/20851470>.
- Rauwerda, H., de Jong, M., de Leeuw, W. C., Spaink, H. P., Breit, T. M., Integrating heterogeneous sequence information for transcriptome-wide microarray design; a Zebrafish example, *BMC Research Notes* 2010, 3(1):192, July 2010.
- Ingo Wassink, Matthijs Ooms, Pieter Neerinx, Gerrit van der Veer, Han Rauwerda , Jack A.M. Leunissen, Timo M. Breit, Anton Nijholt, Paul van der Vet, e-BioFlow: Improving Practical Use of Workflow Systems in Bioinformatics, International Conference on Information Technology in Bio- and Medical Informatics

ITBAM'10, August 30 - September 3, 2010 Bilbao, Spain.

- Mark de Jong, Han Rauwerda, Oskar Bruning, Jurgo Verkooijen, Herman P. Spaink and Timo M. Breit, RNA isolation method for single embryo transcriptome analysis in zebrafish, *BMC Research Notes* 2010, 3:73, 16 March 2010.
- Han Rauwerda, Ingo Wassink, Pieter B.T. Neerincx, Paul E. van der Vet, Timo M. Breit, Jack A.M. Leunissen and Anton Nijholt, Using R in Taverna: RShell v1.2, *BMC Research Notes*, 2:138, 16 July 2009
- Neerincx P, Rauwerda H, Nie H, Groenen M, Breit T, Leunissen J: OligoRAP - an Oligo Re-Annotation Pipeline to improve annotation and estimate target specificity. *BMC Proceedings* 2009, 3:S4.
- W. Fikkert, P. van der Vet, H. Rauwerda, T. Breit and A. Nijholt, Gestures to Intuitively Control Large Displays, in: *Advances in Gesture-Based Human-Computer Interaction and Simulation*, M. Sales Dias, S. Gibet, M. Wanderley (eds.), revised selected papers, pp. 199-205, Springer Berlin / Heidelberg, Lecture Notes in Computer Science, vol 5085/2009, ISBN 978-3-540-92864-5, 2009.
- Rauwerda H, de Leeuw W, Jonker M, Breit T: Salvaging Affymetrix probes after probe-level re-annotation. *BMC Res Notes* 2008, 1:66.
- Ingo Wassink, Han Rauwerda, Paul van der Vet, Timo Breit, and Anton Nijholt, E-BioFlow: Different Perspectives on Scientific Workflows, *Bioinformatics Research and Development, BIRD 2008*, 07-09 Jul 2008, Vienna, Austria. pp. 243-257. *Communications in Computer and Information Science 13 (XXI)*. Springer Verlag ISSN 1865-0929 ISBN 978-3-540-70598-7.
- Bruins W, Bruning O, Jonker MJ, Zwart E, van der Hoeven TV, Pennings JL, Rauwerda H, de Vries A, Breit TM. The absence of Ser389 phosphorylation in p53 affects the basal gene expression level of many p53-dependent genes and alters the biphasic response to UV exposure in mouse embryonic fibroblasts. *Mol Cell Biol*. 2008 Mar; 28 (6): 1974-87 .
- Han Rauwerda, Wim C. de Leeuw, Jorrit Adriaanse, Maurice Bouwhuis, Paul van der Vet, Timo M. Breit, The Role of e-BioLabs in a Life Sciences Collaborative Working Environment, *Proceedings of eChallenges2007*, The Hague 2007.
- Smit van Dixhoorn, M.G., Munir, R., Sussman, G., Stad, R., de Haan, M., van der Hoeven, T., Rauwerda, H., Breit, T.M., Thallinger, G.G. and Wadee, A.A. Gene expression profiling of suppressor mechanisms in tuberculosis, *Mol. Immunol.* 2007
- Mirabella, R, Rauwerda, H, Struys, E.A, Jakobs, C, Triantaphylides, C, Haring, M.A, Schuurink, R. C, The Arabidopsis herI mutant implicates GABA in E-2-hexenal responsiveness, *Plant J*, 2007.
- J.A. Gorter, E.A. van Vliet, H. Rauwerda, T.M. Breit, R. Stad, L. van Schaik, E. Vreugdenhil, S. Redeker, E. Hendriksen, E. Aronica, F.H. Lopes da Silva, W.J. Wadman. Dynamic changes of proteases and protease inhibitors revealed by microarray analysis in CA3 and entorhinal cortex during epileptogenesis in the rat, *Epilepsia*, 2007
- B. J. Keijser, A. Ter Beek, H. Rauwerda, F. Schuren, R. Montijn, H. van der Spek, and S. Brul, Analysis of Temporal Gene Expression during Bacillus subtilis Spore Germination and Outgrowth, *J Bacteriol*, vol. 189, pp. 3624-34, 2007.
- Rauwerda H, Roos M, Hertzberger BO, Breit TM: The promise of a virtual lab in drug discovery. *Drug Discov Today* 2006, 11(5-6):228-236.
- J.A. Gorter, E.A. van Vliet, E. Aronica, T. Breit, H. Rauwerda, F. H. Lopes da Silva, and W. J. Wadman, Potential new antiepileptogenic targets indicated by microarray analysis in a rat model for temporal lobe epilepsy, *J Neurosci*, vol. 26, pp. 11083-110, 2006.
- van der Vet, P.E., Kulyk, O., Wassink, I., Fikkert, F.W., Rauwerda, H., van Dijk, E.M.A.G., van der Veer, G., Breit, T., Nijholt, A.: Smart Environments for Collaborative Design, Implementation, and Interpretation of Scientific

Experiments, In: Proceedings of the International Workshop on AI for Human Computing Hyderabad, India, T. Huang, A. Nijholt, M. Pantic and A. Pentland (eds.), Twentieth International Joint Conference on Artificial Intelligence (2007), 79-86

Rauwerda, H. , G.J. Roerink & Z. Su ; Estimation of evaporative fractions by the use of vegetation and soil component temperatures determined by means of dual-looking remote sensing; Alterra Report, 2002

Omslag: 'Genesis' © Myrte Petri
Druk: Ipskamp, Enschede
ISBN/EAN: 978-94-028-0557-4

