



Universiteit
Leiden
The Netherlands

Development of forensic genomics research toolkits by the use of Massively Parallel Sequencing

Gaag, K.J. van der

Citation

Gaag, K. J. van der. (2019, November 27). *Development of forensic genomics research toolkits by the use of Massively Parallel Sequencing*. Retrieved from <https://hdl.handle.net/1887/80956>

Version: Publisher's Version

License: [Licence agreement concerning inclusion of doctoral thesis in the Institutional Repository of the University of Leiden](#)

Downloaded from: <https://hdl.handle.net/1887/80956>

Note: To cite this publication please use the final published version (if applicable).

Cover Page



Universiteit Leiden



The handle <http://hdl.handle.net/1887/80956> holds various files of this Leiden University dissertation.

Author: Gaag, K.J. van der

Title: Development of forensic genomics research toolkits by the use of Massively Parallel Sequencing

Issue Date: 2019-11-27

Dankwoord

Deze thesis was er niet geweest zonder support van vele mensen. Peter, al toen ik nog als analist werkzaam was, heb ik de basis mogen leggen om verder te ontwikkelen tijdens mijn promotie. Er was altijd ruimte om out-of-the-box te denken en nieuwe dingen te proberen. Door samenwerking met het LGTC, via Johan en Yavuz en collega's kon altijd gebruik gemaakt worden van de nieuwste technologieën. Rick, het was fijn om te sparren en los te gaan met nieuwe ideeën. Zonder jouw hulp bij het labwerk en het uitwerken van analyses hadden we nooit zo ver kunnen komen. Dit geldt ook voor Jeroen en boven al voor Jerry. Jullie hebben me kennis laten maken met de wereld van de bioinformatica. Eveline, je bracht een hoop fijne humor en nuchterheid, jouw support, maar ook die van Sofia, Rene, Thirsa, Risha, Ron, Patricia, Monique, Denise en Laura zorgde voor een inspirerende omgeving bij het FLDO.

De inspiratie om dit project te starten kwam zeker niet alleen van werk. Zonder Martijn als grote broer en voorbeeld op het gebied van studie en wetenschap was ik nooit zo ver gekomen, graag had ik dit traject met jou gedeeld... Gelukkig is de steun van mijn ouders, mijn zus Simone en Geert (en natuurlijk Pepijn) er altijd onvoorwaardelijk geweest.

Het vertrouwen om het promotieproject te starten is ondersteund door meerdere mensen. Reinout, maar ook zeker Loredana hebben me geïnspireerd en overtuigd om te gaan promoveren. Verder heeft de afwisseling van onderzoek en muziek me altijd geholpen om met enthousiasme door te gaan. Marco, Dave, Sven, Marijn, Gil en Rob, jullie hebben me geholpen de juiste balans te houden.

Bij het NFI mocht ik het laatste 'stukje' van de promotie afmaken. Team Research heeft me welkom ontvangen en gesteund om alles af te ronden. Titia, momentum houden en reële doelen zetten voor jezelf, niemand kon me dit beter leren dan jij. Maar ook Corina, Margreet, Francisca, wederom Jerry, Sofia, Natalie, Josja, Patrick, Jeroen en alle fijne stagiaires hebben, samen met mijn coaching team Peter en Ate, mogen meegenieten van alle geduld die er nodig was om zo ver te komen. Mijn beste vrienden Gideon, Marco en Reinout en in het bijzonder natuurlijk Melanie hebben me gesteund en me zo sterk geholpen tot deze afronding. Mel, het is heerlijk om hier nu met jou, maar ook met Owen, Gwen en Jill van te kunnen genieten.

Curriculum Vitae

Kristiaan (Johannes) van der Gaag was born on the 5th of June 1980 in Vlaardingen, the Netherlands. He completed primary school in Vlaardingen and graduated from high school in 1997 in Vlaardingen (HAVO, CSG Aquamarijn). In 1997 Kris started a Bachelor of Biomedical Science in Rotterdam (Hogeschool Rotterdam). In 2002 he started an internship at the Forensic Laboratory for DNA Research (FLDO, LUMC, Leiden the Netherlands) focussing on the validation of Y chromosome SNP typing by Pyrosequencing in order to obtain information on the geographic ancestry of a donor of a forensic trace and later on using MALDITOF (Matrix-Assisted Laser Desorption / Ionisation Time-Of-Flight mass spectrometry) as an alternative method for forensic SNP-typing. He started a position as laboratory technician at the same department in 2002 and received his Bachelor degree in 2003. During his period as technician, he performed laboratory and analysis work on STRs and SNPs in many population genetic projects, developed many SNP genotyping assays (mostly SNaPshot assays for Y-chromosome and mtDNA) and later on also performed forensic casework.

When the Forensic Genomics Consortium Netherlands (FGCN) was founded in 2009, Kris started to focus more on the application of Massively Parallel Sequencing and the corresponding analysis and software development, initially using the 454-sequencer and the PGM Ion Torrent, but later mostly using the Miseq platform namely focussing on forensics. In addition, many projects were conducted collaborating with partners from the medical and evolutionary genetic field. As part of the FGCN consortium (Forensic Genomics Consortium Netherlands), he started a PhD position at the FLDO in 2010 focussing on development of forensic genomics toolkits by the use of Massively Parallel Sequencing (as described in this thesis). Since 2015, Kristiaan is employed at the Netherlands Forensic Institute as a scientist in the Research team of the Division Biological Traces implementing MPS applications in casework where he will continue to conduct research after completing his PhD.

el	326	134	192	allele	X	corrected_bgestimate
el	325	154	171			Other sequences
el	194	90	104			CE11_CTAT[11] corrected_bgestimate
F1P0	7996	3677	4319	allele		CE14_CTAT[14] corrected_bgestimate
F1P0	100	36	64	allele		CE11_CTAT[11] +71A>G
F1P0	35	14	21			CE11_CTAT[11] +47T>C
F1P0	33	11	22			Other sequences
F1P0	3074	1440	1634			CE12_TATC[12]AATC[2]ATCT[3]
3S317	4218	2226	1992	allele		CE13_TATC[14]AATC[1]ATCT[3]
3S317	4104	2196	1908	allele		CE11_TATC[12]AATC[1]ATCT[3]
3S317	247	131	116	allele		CE9_TATC[10]AATC[1]ATCT[3]
3S317	179	87	92	allele		CE14_TATC[15]AATC[1]ATCT[3]
3S317	63	35	28			Other sequences
3S317	3962	2154	1808			CE9_GATA[9] corrected_bgestimate
16S539	2386	1350	1036	allele		CE11_GATA[11] corrected_bgestimate
16S539	1841	1061	780	allele		Other sequences
16S539	1639	928	711			CE10_AGAA[10]AA[1]AG[4]
18S51	5315	2919	2396	allele		CE17_AGAA[17]AA[1]AG[4]
18S51	3866	2055	1811	allele		CE14_AGAA[14]AA[1]AG[4]
18S51	431	209	222	allele		CE15_AGAA[15]AA[1]AG[4]
18S51	341	191	150	allele		CE10_AGAA[10]AA[1]AG[4]
18S51	38	26	12			Other sequences
18S51	4466	2265	2201			CE14_TCCT[13]ACCT[11]
19S433	12233	5958	6275	allele		CE13_TCCT[12]ACCT[11]
19S433	1370	641	729			Other sequences
19S433	5145	2596	2549	allele		CE28_TCTA[4]TCTG[6]
021S11	5341	2425	2916	allele		CE29_TCTA[4]TCTG[6]
021S11	4795	2199	2596	allele		CE30_TCTA[4]TCTG[6]
021S11	237	90	147			Other sequences
021S11	3927	1832	2095	allele		CE21_GGAA[2]GGAC[1]
02S1338	2620	1412	1208	allele		CE20_GGAA[13]GGCA[1]
02S1338	2301	1199	1102	allele		CE16_GGAA[16]GGCA[1]
02S1338	223	115	108	allele		CE23_GGAA[2]GGAC[1]
02S1338	114	64	50			Other sequences
02S1338	2938	1597	1341	allele		CE16_TCTA[1]TCTG[6]
03S1358	2541	1334	1207	allele		CE19_TCTA[1]TCTG[6]
03S1358	2110	1076	1034	allele		CE15_TCTA[1]TCTG[6]
		121	129	allele		CE14_TCTA[1]TCTG[6]
			88	allele		CE16_TCTA[1]TCTG[6]
						CE20_TCTA[1]TCTG[6]