

---

## Interview Martijn Vochteloo

### Waar heb je je stage/afstuderen gedaan?

European Research Institute for the Biology (ERIBA)  
Genome Structure Ageing group  
Prof. dr. Victor Guryev

### Hoe ben je bij deze stageplek gekomen en waarom heb je voor die plek gekozen?

Als ik me goed herinner had Martijn Herber me in contact gebracht met Victor Guryev. Ik wou graag een klassiek bio informatica project doen waarbij ik met bijv. gen expressie ging werken. Victor Guryev doet exact dat en het leek me daarom een goede match.

### Wat was het doel van je afstudeeropdracht?

Het doel van het project was om biologische verschillen te vinden tussen patiënten met hoofd / hals kanker. Er zijn 2 oorzaken waarom deze patiënten kanker ontwikkelen; of door ouderdom, of door alcohol / tabak gebruik. De hypothese is dat de biologie achter de kanker verschilt tussen deze groepen en dat afhankelijk van het type er een optimale behandeling mogelijk is.

### Wat was de aanpak van het onderzoek?

Om deze biologische verschillen te vinden tussen de type kanker hebben we gen en eiwit expressie metingen genomen van 26 patiënten met elke 1 gezond en 1 kanker weefsel. Op deze data hebben we differentiele expresie analyse (DEA) gedaan om biologische verschillen te vinden tussen jong en oud. Omdat we data van kanker en gezond per patiënt hadden kunnen we corrigeren voor verschillen die ook in gezond weefsel gevonden worden. Om eiwit metingen te doen heb je kennis nodig van de peptiden die het eiwit vormen; echter wanneer er coderende mutaties in de genen zijn veranderen de peptiden en daardoor zul je deze peptiden niet kunnen meten. In stukje kanker weefsel zitten heel veel mutaties; om deze eiwitten toch te kunnen observeren hebben we een kanker specifieke eiwit peptide dataset gemaakt o.b.v van de gen expressie data die ons in staat stelde om gemuteerde eiwitten te detecteren. We vergeleken de expressie van genen en eiwit tussen jong (veel alcohol / tabak gebruik) en oud. We hebben vervolgens per patiënt nog gekeken of er gen en eiwit verschillen zijn tussen gezond en kanker weefsel: we zochten hier naar effecten waarbij EN het gen EN het eiwit waarvoor het gen codeert anders tot expressie komen. Deze resultaten zijn met name interessant omdat je normaal bij gen expressie niet zeker weet of een verhoogde expressie ook echt leidt tot een verhoogd aantal eiwitten.

### Welke programmeer talen of tools heb je veel meegewerkt?

Ik heb alles in R gecodeerd. De DEA is gedaan met edgeR, pathway analyse met gprofilerR, PCA met EDASeq en ik heb wat figuren gemaakt met pheatmap, vennndiagram, en ggplot.

### Had je genoeg voorkennis voor je stage/afstuderen?

Ja in principe wel. De analyses waren niet heel complex maar de biologische ziekte context was wel erg nieuw voor me natuurlijk. Dingen die ik niet wist had ik de tijd voor om zelf uit te zoeken of werd ik gewezen naar mensen die me 't konden uitleggen.

## **Wat waren de belangrijkste resultaten van je afstudeer onderzoek?**

Door de custom peptide database hadden we 5x meer peptiden gedetecteerd dan traditionele eiwit databases. We vonden grote verschillen tussen gen expressie en eiwit expressie wat erop wijst dat een hoge gen expressie niet altijd betekent dat er ook veel van dat eiwit in de cel aanwezig is (denk aan post translationele modificatie). We vonden alleen verschillen op eiwit niveau tussen jong en oud maar helaas waren alle jongen mensen rokers en alle oude mensen geen rokers waardoor we niet een verschil konden maken tussen jong vs oud en roker vs niet roker. Daarnaast vonden we per patiënt specifieke effecten waarbij en het gen en het eiwit anders tot expressie kwamen tussen gezond en kanker tissue; met behulp van deze verschillen wouden we patiënten groeperen om zo te speculeren wat voor type kanker ze hebben maar hier kwam ik niet echt meer aan toe.

## **Hoe zijn de stageplekken je bevalen?**

Ja is goed bevalen. Victor was erg hands-off en ik kon altijd bij hem aankloppen voor vragen. De groep is erg klein dus ik was wel redelijk op mezelf. Binnen dit project mocht ik ook mee mocht lopen op de poli om de patiënten te ontmoeten waarvan mijn data verzameld wordt; ik vond dat erg inzichtelijk.

## **Heb je veel stress ervaren tijdens je stage/afstuderen?**

Nee niet echt, ik nam initiatief voor mijn eigen project en heb de planning zelf in de hand gehouden. Is dus ook gelukt om op tijd af te studeren.

## **Wat ben je na je stage/afstuderen gaan doen?**

Ik ben eerst een halfjaar gaan werken als software engineer en heb daarna de Hanze master Data Science for Life Sciences gedaan. Ik doe nu een PhD aan de afdeling genetica van het UMCG in de groep van Lude Franke.

## **Klein verslagje**

Om te beginnen vond ik het ontzettend leuk om dit interview met Martijn te doen. We hebben samen een aantal jaar geleden bij een medicijn distributie centrum gewerkt in Oosterwolde. Daarnaast ben ik onder andere door zijn project waarmee hij een smart watch app gemaakt heeft voor de apple watch geïnteresseerd geraakt in Bio-Informatica. Het onderzoek waar hij het in het interview over heeft vindt ik echt ontzettend interessant. Mijn eerste keus is altijd duidelijk geweest dat ik een richting de sport/beweging kant wil, echter onderzoek doen op deze manier naar bepaalde ziektes is iets wat me ook erg leuk lijkt. Mocht een afstudeeropdracht bij mijn eerster keus niet lukken zou ik deze sector zeker leuk vinden. Hoe het onderzoek in elkaar steekt en naar welke ziekte met welke methoden onderzoek gedaan wordt maakt zeker wel uit. Het onderzoek wat Martijn gedaan heeft is iets wat erg relevant is in de huidige wereld. Mocht ik zo'n onderzoek gaan doen voor mijn afstuderen zou ik wel graag een onderwerp kiezen waar je bepaalde waarde aan hecht. Zoals ik er nu in sta zou ik na mn stage niet meer willen door studeren. Mocht het lukken zou ik zo snel mogelijk aan het werk gaan.