

## Juryrapport

### Bate uit het Pieter Langerhuizen Lambertuszoon Fonds 2021

De beoordelingscommissie heeft op 31 maart vergaderd over de 25 binnengekomen aanvragen. Hoewel er diverse bijzonder sterke voorstellen waren, was de commissie unaniem van mening dat het project "Using viruses to assess their hosts' population spatio-temporal dynamics" van Sébastien Joseph Jean-Marie Lequime (Rijksuniversiteit Groningen) op alle fronten bovenaan stond. Zij heeft daarom besloten de bate toe te kennen aan het genoemde project.

The assessment committee met on 31 March to discuss the 25 applications that had been received. Although there were several particularly strong proposals, the committee unanimously agreed that the project **"Using viruses to assess their hosts' population spatio-temporal dynamics" by Sébastien Joseph Jean-Marie Lequime (University of Groningen)** was the best in every aspect. The committee therefore decided to award the 'Langerhuizen Bate 2021' to this project.

Het voorgestelde project beoogt om strikt verticaal overervende RNA-virussen te gaan inschakelen als populatiegenetische merkers. Het grote voordeel hiervan is dat er vele van dergelijke merkers in het genoom beschikbaar zijn en dat de genetische variabiliteit hoger is dan die van microsatellieten en mtDNA, wat tot nu toe de meeste gebruikte intrapopulatie-merkers zijn. Dit is een nieuwe en inventieve aanpak die brede implicaties kan hebben voor de verdere ontwikkeling van de populatiegenetica bij multicellulaire organismen.

The proposed project aims to use strictly vertically inherited RNA viruses as population genetic markers. The great advantage of this is that there are many such markers available in the genome and that the genetic variability is higher than that of microsatellites and mtDNA, which are the most commonly used intra-population markers to date. This is a new and inventive approach that may have broad implications for the further development of population genetics in multicellular organisms.

Niettemin is het project geen puur technologisch georiënteerde studie, want het populatiegenetisch gedrag van deze RNA-virusmerkers zelf is tot nu toe ook nog grotendeels onbekend en het bestuderen daarvan kan bijdragen aan populatiegenetische theorievorming.

Nevertheless, the project is not a purely technology-oriented study, because the population genetic behavior of these RNA virus markers themselves is still largely unknown and studying them may contribute to population genetic theory building.

Verder viel het de commissie op dat de aanvrager voor zijn positie (UD) en moment in zijn carrière een bijzonder sterk curriculum vitae heeft. Tenslotte vond de commissie het prettig dat het een afgerond onderzoeksproject betreft en dat de bate vooral zal worden aangewend voor het dekken van materialen en gebruikskosten.

The committee furthermore noticed that the applicant has a particularly strong curriculum vitae considering his position (assistant professor) and point in his career. Finally, the committee was pleased that it concerns a comprehensive research project and that the award will be used chiefly to cover materials and operating costs.

De commissie wenst de aanvrager veel plezier en succes bij het uitvoeren van dit project en bij het inbedden in zijn verdere onderzoeksplannen.

The committee wishes the applicant much pleasure and success in carrying out his project and in embedding it in his further research plans.

*Prof. dr. A.M. (Marileen) Dogterom, hoogleraar bionanoscience Technische Universiteit Delft, vicepresident KNAW*

*Prof. dr. M. (Menno) Schilthuizen, hoogleraar kenmerkevolutie en biodiversiteit Universiteit Leiden, onderzoeker Naturalis Biodiversiteit Center, directeur Taxon Foundation en Studio Schilthuizen*

De jury kwam bijeen via Zoom op 31 maart 2021. De vergadering werd voorgezeten door KHMW-directeur Drs. M. (Michiel) Buchel. Naast de juryleden waren aanwezig Prof. dr. A.P. (Ad) IJzerman, secretaris natuurwetenschappen en Drs. S. (Saskia) van Manen, secretaris (notulen).