

# Veerrestenidentificatie per computer

W. Prast, C.S. Roselaar, P.H. Schalk & J. Wattel

In Amsterdam bouwen het Expertisecentrum voor Taxonomische Identificatie (ETI) en de vogelafdeling van het Zoölogisch Museum van de Universiteit van Amsterdam aan een interactief multimediaal informatiesysteem voor de identificatie van vogelresten aan de hand van donsveerkenmerken. Het ontwikkelde expertsysteem zal op CD-ROM worden verspreid.

## Vogels als gevaar voor de luchtvaart

Identificatie van vogelresten is van groot belang voor prooionderzoek, handhaving van (invoer)wetten, verzekeringszaken en in het bijzonder voor de luchtvaart. Regelmatig ondervinden vliegtuigen schade van aanvaringen met vogels. Hoewel een aanvaring vaak goed afloopt, is toch regelmatig sprake van schade en een bedreiging van de veiligheid. Door identificatie van de resten kunnen risico's in kaart worden gebracht zodat actie kan worden ondernomen om aanvaringen te voorkomen. Maatregelen zijn bijvoorbeeld het vermijden van migratieroutes in de trektijd of het onaantrekkelijk maken van de gebieden rond start- en landingsbanen voor Kieviten door daar het gras niet te maaien.

Het identificeren van de vogelresten is niet eenvoudig, omdat er na botsing met een vliegtuig meestal weinig terug te vinden is van de vogel. In enkele gevallen is er nog een met het oog herkenbaar deel in de motor te vinden, maar meestal gaat het om zeer kleine resten die van het vliegtuig moeten worden geschraapt.

Een belangrijke identificatiemethode is determinatie van de resten met behulp van een lichtmicroscop. Bijna altijd zijn in de vogelrest nog stukjes donsveer te vinden. Op basis van donsveerkenmerken is het mogelijk om tot op familie te determineren en in sommige gevallen zelfs tot op de soort. Dit is een zeer gespecialiseerde aangelegenheid. In het Zoölogisch Museum in Amsterdam is als een van de weinige instituten ter wereld de expertise aanwezig om deze determinaties uit te voeren.

Met steun van de Koninklijke Luchtmacht is dit jaar een project gestart om een gecomputeriseerd veeridentificatiesysteem op te bouwen. Op basis van door het Expertisecentrum voor Taxonomische Identificatie (ETI) ontwikkelde interactieve mediasoftware en expertsystemen wordt een gebruikersvriendelijk identificatiesysteem voor donsveerkenmerken ontwikkeld. Uitgave op CD-ROM zal de verspreiding van deze zo belangrijke expertise mogelijk maken. Op deze manier kunnen de mensen die op de vliegvelden werken, snel toegang hebben tot de expertise en zelf een deel van het identificatieproces uitvoeren.

## Veertjes, veertjes, veertjes

Het Zoölogisch Museum van Amsterdam bezit een uitgebreide collectie van donsveerpreparaten. Dit 'archief' betreft circa 6500 preparaten van 350 vogelsoorten. Tussen de veren van de verschillende lichaamsdelen van een vogel bestaat uiteraard variatie. Ondanks deze variatie vertonen de donsveren binnen één familie of zelfs binnen één soort genoeg overeenkomsten

voor identificatie (Brom 1991). Hierdoor is het mogelijk om met behulp van een microscoop donsveren te herkennen zonder dat bekend is van welk lichaamsdeel de veer afkomstig is.

Een veer is opgebouwd uit een as (de rachis) met zijtakken (baarden). Vaak heeft een veer ook nog een bijveer of achterschacht. Het dons van een veer bevindt zich onder andere aan het proximale gedeelte van de veer. De baarden van dons zijn opgebouwd uit een ramus met daarop zijtakjes, de barbules. Deze barbules bestaan uit een enkele streng van cellen. Op de plek waar de ene cel aan de andere grenst, zijn vaak verdikkingen (nodes) te vinden of puntige uitsteeksel, prongs. Identificatiekenmerken kunnen bijvoorbeeld zijn: de lengte van de barbules, de aan- of aanwezigheid van nodes of prongs, de vorm hiervan, het aantal nodes per millimeter, of de lokatie van nodes.

## Expertsysteem

Het door ETI ontwikkelde interactieve computerprogramma *Linnaeus II* biedt de mogelijkheid om alle informatie over soorten in te voeren, niet alleen in de vorm van tekst, maar ook in de vorm van tekeningen, foto's, film en geluid. Het programma bestaat uit verschillende delen, onder andere een multimediale database en een identificatieprogramma.

De verendatabase bevat naast taxonomische beschrijvingen en algemene gegevens van de vogel gedetailleerde informatie over de (variatie in) veerkenmerken en een groot aantal foto's van donsveren. Vergrotingen kunnen direct op de computer worden geroepen, zodat een vergelijking met bekende soorten kan worden gemaakt zonder dat eerst preparaten hoeven worden opgezocht. De algemene informatie van de soort heeft betrekking op een uitgebreide tekstuele beschrijving, habitustekening in kleur, specifiek geluid, de verspreidingskaart en een plaat van de eieren.

Het identificatieprogramma begeleidt de gebruiker bij het determineren van de juiste soort. Het geeft de gebruiker bij elk kenmerk de keuze tussen verschillende mogelijkheden, verduidelijkt met behulp van illustraties. Na selectie van een aantal kenmerken, biedt het programma een lijst van in aanmerking komende soorten inclusief een waarschijnlijkheid van de determinatie.

Vanuit het identificatieprogramma kan op ieder moment worden teruggegrepen naar de soorten verendatabase en andersom. De kracht van *Linnaeus II* is dat programma-onderdelen met elkaar in verbinding staan, door middel van 'hyperlinks'. Zo bevat het programma bijvoorbeeld ook een woordenboek. Zodra de gebruiker niet weet wat een term betekent, kan door een simpe-

le klik met de muis op deze term het woordenboek worden geopend. Hierin wordt de gevraagde term uitgelegd, veelal met behulp van illustraties.

### Flexibiliteit

Het huidige project concentreert zich op ten minste één vertegenwoordiger van elke Europese vogelfamilie en op de 75 meest voorkomende 'aanvarings'-soorten. Om de onderlinge verschillen tussen de soorten te bepalen worden zo veel mogelijk kenmerken bestudeerd en opgenomen. Deze worden in een grote matrix gezet om op die manier de onderlinge verschillen te bepalen. Alle kenmerken die nodig zijn om tot identificatie van een veerrest te komen, worden in het zoekstelsel meegenomen. Dit betekent dat wanneer de gebruiker één foutje maakt, niet meteen het hele zoekproces fout gaat. De gezochte soort zal nog steeds op basis van de andere kenmerken een hoog percentage van overeenkomst met de basisgegevens in de database vertonen. Het probleem met de traditionele dichotome sleutels, waarbij met één fout de gezochte soort direct buiten het zoekpatroon kon vallen, is hiermee opgelost. Een ander voordeel is dat de gebruiker met het Linnaeus II-systeem kan beginnen met de meest in het oog springende kenmerken, terwijl bij een dichotome sleutel altijd sprake is van een vast startpunt.

■ W. Prast & P.H. Schalk, ETI, Expert-center for Taxonomic Identification, University of Amsterdam, postbus 94766, 1090 GT Amsterdam & C.S. Roselaar & J. Wattel, Institute of Systematics and Population Biology, University of Amsterdam, postbus 94766, 1090 GT Amsterdam.

### LITTERATUUR:

- Brom, T.G. (1991):** The diagnostic and phylogenetic significance of feather structures. Academisch proefschrift, Instituut voor Taxonomische Zoölogie, Universiteit van Amsterdam.
- Schalk, P.H. & W. Los (1994):** The Application of Interactive Multimedia Software in Taxonomy and Biodiversity Studies. 68 bladzijden ETI, Amsterdam.
- Schalk, P.H. (1992):** Computer-aided Taxonomy. Binary 4: 124-126.

Met toestemming overgenomen uit BIONieuws 5 (3): 4 (11 februari 1995).

### DNA-sequentie-analyse

Naast de identificatie aan de hand van veerresten is de DNA-sequentie-analyse een relatief nieuwe techniek, die zelfs bij zeer kleine hoeveelheden gedegradieerd materiaal determinatie tot op soortniveau toelaat. Het benodigde materiaal kan bestaan uit een schraapsel van weefsel of bloed of uit veerresten. Een onderzoek naar het perfectioneren van deze techniek voor deze specifieke toepassing wordt uitgevoerd in het Instituut voor Systematiek en Populatiebiologie van de Universiteit van Amsterdam in nauwe samenwerking met het vogelveerrestenproject. Doel is om tot een totaalpakket van moderne breed toepasbare identificatiemiddelen te komen.

De methode is gebaseerd op bepaling van de volgorde van ongeveer 300 baseparen van het cytochrom-b gen uit het mitochondriaal DNA dat uit het monster kan worden geïsoleerd. De gevonden sequentie wordt vergeleken met sequenties die opgeslagen zijn in een wereldwijd beschikbare database, aangevuld met binnen dit project bepaalde sequenties van een aantal

### Internationaal centrum

Voor de luchtvaart werkt veeridentificatie kostenbesparend, aangezien een goede analyse van aanvaringen het startpunt is van preventieve maatregelen kan zo het aantal aanvaringen tot een minimum worden beperkt. Daarom zal de lijst met de Europese vogelsoorten die nu in het identificatiesysteem is opgenomen, in de toekomst moeten worden uitgebreid. Naast veerkenmerken en de 'gewone' determinatiekenmerken kunnen ook andere gegevens, zoals DNA, radarbeelden en gegevens over trekgedrag in de verschillende seizoenen worden opgenomen. Daarnaast zal dit systeem ook in andere situaties van nut zijn. Hierbij kan worden gedacht aan ecologisch prooi-onderzoek, soortbepaling van gesmokkelde vogels of vogelresten of archeologisch onderzoek.

Een demonstratiemodel is getoond op het Internationaal Ornithologisch Congres in Wenen in augustus 1994 en oogste daar veel belangstelling van de aanwezigen. Er zijn plannen om een wereldwijd netwerk van experts op te zetten, die allen hun gegevens in dit systeem zullen invoeren. Zodoende zal in Nederland een internationaal centrum van deze expertise kunnen worden opgezet. Regelmatig door ETI uitgebrachte CD-ROMs zullen de experts van de meest recente gegevens voorzien, zodat de nieuwe kennis in brede kring kan worden benut.

soorten met hoog aanvaringsrisico. Het blijkt dat dit gedeelte van het mtDNA voldoende soortspecifieke substituties bevat om de identiteit van het monster te kunnen bepalen.

Deze techniek is pas bruikbaar geworden na de ontwikkeling van de PCR-techniek voor het amplificeren van kleine hoeveelheden DNA, niet alleen uit op een vliegtuig aangetroffen resten, maar ook uit geconserveerd vogelmateriaal in de collectie van het Zoölogisch Museum Amsterdam. Het aantal soorten dat potentieel voor vergelijking beschikbaar is daardoor onbeperkt. De hoeveelheid DNA in de resten is uiteraard te klein voor directe bepaling. De onbekende soort wordt met behulp van het computerprogramma DNA-Star vergeleken met bekende sequenties. De meest voorkomende aanvaringsslachtoffers zijn door ons werk nu in de grote DNAdatabases aanwezig. Gegevens over vele minder vaak geregistreerde soorten moeten door toekomstige toepassing van de beschreven methode aan de database worden toegevoegd om dit instrument volledig in te kunnen zetten ten dienste van de aanvaringsstatistiek.

J. Hermans en J. Wattel.