

Virus Discovery and Characterization using Next-Generation Sequencing

1. Arbitraire amplificatie gevolgd door "next-generation sequencing" kan relatief snel een goede indruk geven van mogelijke ziekteverwekkers in klinische monsters. *(dit proefschrift)*
2. "Deep sequencing" van ziekteverwekkers in humane en animale klinische monsters is van toegevoegde waarde voor surveillance studies. *(dit proefschrift)*
3. Het polymerase domein in virusgenomen is voldoende geconserveerd voor de ontwikkeling van familie-brede diagnostische tests en voldoende variabel voor afbakening tussen soorten. *(dit proefschrift)*
4. De identificatie van een minimale set mutaties verantwoordelijk voor aerogene overdracht van influenza virussen tussen zoogdieren sluit andere sets niet uit. *(dit proefschrift)*
5. Het effect van Cidofovir op polyomavirus-geassocieerde ziekten suggereert dat dit middel een bredere werking heeft dan alleen tegen virale DNA polymerasen. *(dit proefschrift)*
6. Aviair metapneumovirus type C is niet gelimiteerd tot Amerikaanse vogels.
7. De nucleotide database moet uitgebreid worden met meer niet-humane sequences.
8. Voor het bepalen van complete genoomsequenties is next-generation sequencing beter dan volgens de methode van Sanger.
9. Na SARS kan de uitbraak van MERS de tweede pandemie worden die door wetenschappelijk onderzoek wordt voorkomen.
10. Fundamentele wetenschap is niet gebaat bij politieke invloed.
11. Lange mensen hoeven minder op de kleintjes te letten. *(The Link between Wages and Appearance, Engemann & Owyang, The Regional Economist, 2005)*

Sander van Boheemen
11 september 2014