

University of Groningen

Interpreting disease genetics using functional genomics

Westra, Harm Jan

IMPORTANT NOTE: You are advised to consult the publisher's version (publisher's PDF) if you wish to cite from it. Please check the document version below.

Document Version

Publisher's PDF, also known as Version of record

Publication date:

2014

[Link to publication in University of Groningen/UMCG research database](#)

Citation for published version (APA):

Westra, H. J. (2014). *Interpreting disease genetics using functional genomics*. [S.n.].

Copyright

Other than for strictly personal use, it is not permitted to download or to forward/distribute the text or part of it without the consent of the author(s) and/or copyright holder(s), unless the work is under an open content license (like Creative Commons).

The publication may also be distributed here under the terms of Article 25fa of the Dutch Copyright Act, indicated by the "Taverne" license. More information can be found on the University of Groningen website: <https://www.rug.nl/library/open-access/self-archiving-pure/taverne-amendment>.

Take-down policy

If you believe that this document breaches copyright please contact us providing details, and we will remove access to the work immediately and investigate your claim.

Downloaded from the University of Groningen/UMCG research database (Pure): <http://www.rug.nl/research/portal>. For technical reasons the number of authors shown on this cover page is limited to 10 maximum.

Stellingen behorende bij het proefschrift 'Interpreting disease genetics using functional genomics' door Harm-Jan Westra

1. Risico varianten voor ziekten functioneren ook in gezonde mensen, waardoor patiënten data niet nodig is om de effecten van deze varianten te bepalen. (Dit proefschrift)
2. Om alle mogelijke gevolgen van met ziekte geassocieerde varianten op gen-expressie te bepalen moeten er meer samples toegevoegd worden, maar moet er ook gekeken worden naar de context waarin de cel functioneert. (Dit proefschrift)
3. Om het ziekte proces volledig te doorgronden moet er naast gen-expressie ook gekeken worden naar andere moleculaire fenotypen, zoals epigenetische veranderingen en eiwit-niveaus. (Dit proefschrift)
4. Sample mix-ups kunnen leiden tot een onderschatting van de verklaarde erfelijkheid van complexe ziekten in genoom-wijde associatie studies. (Dit proefschrift)
5. Alhoewel meta-analyse de sensitiviteit van associatie studies kan vergroten, waardoor meer effecten gevonden kunnen worden, kan het ook de specificiteit verkleinen en daarmee interessante effecten missen. (Dit proefschrift)
6. eQTL analyse toont aan dat veel risico varianten specifiek in neutrofielen actief zijn, hetgeen suggereert dat neutrofielen oorzakelijk zijn voor de ziekte van Crohn en niet slechts het gevolg van het ontstoken zijn van darmweefsel. (Dit proefschrift)
7. De wetenschappelijke integriteit zou gebaat zijn bij het publiceren van volledige statistieken en programma broncode, omdat dit de repliceerbaarheid van studies vergroot. (Dit proefschrift)
8. We zijn een manier voor de kosmos om zichzelf te kennen. (Carl Sagan, 1980)
9. Wetenschappelijke conferenties zijn net als Facebook: je krijgt er alleen de succesverhalen te horen.
10. Het leven is een remix.