



Universiteit
Leiden
The Netherlands

From correlation to causation: Data-driven exploration of transcriptional regulation using population genomics

Luijk, R.

Citation

Luijk, R. (2019, October 16). *From correlation to causation: Data-driven exploration of transcriptional regulation using population genomics*. Retrieved from <https://hdl.handle.net/1887/79605>

Version: Publisher's Version

License: [Licence agreement concerning inclusion of doctoral thesis in the Institutional Repository of the University of Leiden](#)

Downloaded from: <https://hdl.handle.net/1887/79605>

Note: To cite this publication please use the final published version (if applicable).

Cover Page



Universiteit Leiden



The handle <http://hdl.handle.net/1887/79605> holds various files of this Leiden University dissertation.

Author: Luijk, R.

Title: From correlation to causation: Data-driven exploration of transcriptional regulation using population genomics

Issue Date: 2019-10-16

Stellingen behorend bij het proefschrift

From correlation to causation: Data-driven exploration of transcriptional regulation using population genomics

1. Een derde van de 6.111 onderzochte genetische varianten die zijn geassocieerd met complexe fenotypen en ziekten beïnvloeden mogelijk DNA methylatieniveaus van verspreid over het genoom gelegen CpG-dinucleotiden (dit proefschrift).
2. Veel van de effecten van genetische varianten op methylatie-, en expressieniveaus van CpG-dinucleotiden en genen elders op het genoom verlopen via veranderingen aan de expressieniveaus van nabijgelegen transcriptiefactoren (dit proefschrift).
3. Ten minste een derde van de methylatieniveaus van alle CpG-dinucleotiden staat onder invloed van lokale genetische variatie (dit proefschrift).
4. Genetische variatie speelt een rol bij de ogenschijnlijke willekeurige interindividuele variatie in de mate waarin één van de twee X-chromosomen bij vrouwen ontsnappen aan X-inactivatie (dit proefschrift).
5. Gene regulatory networks are sufficiently interconnected that all genes expressed in disease-relevant cells are liable to affect the functions of core disease-related genes and that most heritability can be explained by effects on genes outside core pathways (Boyle et al., Cell (2017)).
6. Mendelian Randomization en modificaties daarvan zijn essentieel voor het aantonen van causaliteit in humane populaties.
7. Studies die gebruik maken van genoombrede omics-datasets spelen een belangrijke rol bij het beter begrijpen van de vele genen die nog niet grondig onderzocht zijn (Why Your DNA Is Still Uncharted Territory, New York Times, 2018).
8. *“Genetische informatie die u deelt met anderen, kan tegen uw belang in gebruikt worden”* (23andMe Terms of Service).
9. Binnen grote commerciële organisaties wordt informatievergaring te vaak gezien als een doel op zich, en niet een middel, zodanig dat ze verdrinken in informatie, terwijl ze verlangen naar kennis en wijsheid (John Naisbitt, 1982).
10. Geluk in het leven is niet afhankelijk van rapportage.