

Cover Page



Universiteit Leiden



The handle <http://hdl.handle.net/1887/32015> holds various files of this Leiden University dissertation.

Author: Akker, Erik Ben van den

Title: Computational biology in human aging : an omics data integration approach

Issue Date: 2015-02-18

Stellingen bijbehorende het proefschrift

Computational Biology in Human Aging An Omics Data Integration Approach

1. *ASF1A* en ge-coreguleerde genen kunnen mogelijk worden gebruikt als een algemene indicator voor gezondheid – Dit proefschrift.
2. De somatische mutaties in *DNMT3A* en *TET2* zoals herhaaldelijk gezien in oudere leukemie patiënten zijn het resultaat van een normaal verouderingsproces – Dit proefschrift.
3. Variatie in DNA sequenties zoals gedetecteerd met Next Generation Sequencing technologie produceert potentieel continue genotype karakteristieken (somatische mutaties) – Dit proefschrift.
4. De genetische aanleg voor een verlaagd schildklierhormoon spiegel draagt bij aan het bereiken van een hoge leeftijd, maar associeert met verhoogde mortaliteit in de alleroudsten – Dit proefschrift.
5. Locus 13q34 herbergt genetische variatie die zowel de spiegel van het schildklierhormoon als de levensduur beïnvloedt – Dit proefschrift.
6. Meer data betekent niet automatisch meer inzicht – *Venet et al., PLoS Comput Biol 7 e1002240 (2011)*.
7. De variatie in samenstelling van volledig bloed is de grootste obstructie en tegelijk de heilige graal van klinisch toepasbaar verouderingsonderzoek – *Jaffe et al., Genome Biol 15, R31 (2014)*.
8. Met de identificatie van causale determinanten volgt niet automatisch een goede classificatie – *McCarthy et al., Nat Rev Genet 9, 356-69 (2008)*.
9. Langlevendheid is de resultante uitkomst van vele gecompliceerde processen, waarvan de bescheiden genetische component veelal pleiotrope en leeftijdsspecifieke effecten vertonen – *Christensen et al., Nat Rev Genet 7, 436-48 (2006)*.
10. De eerste stap in het onderzoek naar determinanten voor gezonde veroudering is het bepalen wanneer en onder welke condities subtiele afwijkingen in algemene lichaamskarakteristieken een voordelig effect voor de gezondheid hebben.
11. Ondanks de grote studies tot nu toe verricht heeft Next Generation Sequencing technologie de hooggespannen verwachtingen over het belang van 'rare variants' in de zoektocht naar de determinanten van complexe aandoeningen nog niet kunnen waarmaken.
12. Een mogelijk positief gevolg van de teruglopende beschikbaarheid van financiële middelen voor wetenschappelijk onderzoek is de versterkte impuls om nieuwe wetenschappelijke vragen met reeds beschikbare datasets te beantwoorden.