



Universiteit  
Leiden  
The Netherlands

## **Advanced statistical tools for SNP arrays : signal calibration, copy number estimation and single array genotyping**

Rippe, R.C.A.

### **Citation**

Rippe, R. C. A. (2012, November 13). *Advanced statistical tools for SNP arrays : signal calibration, copy number estimation and single array genotyping*. Retrieved from <https://hdl.handle.net/1887/20118>

Version: Not Applicable (or Unknown)

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

Downloaded from: <https://hdl.handle.net/1887/20118>

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

Cover Page



Universiteit Leiden



The handle <http://hdl.handle.net/1887/20118> holds various files of this Leiden University dissertation.

**Author:** Rippe, Ralph Christian Alexander

**Title:** Advanced statistical tools for SNP arrays : signal calibration, copy number estimation and single array genotyping

**Issue Date:** 2012-11-13

# STELLINGEN

*behorende bij het proefschrift "Advanced statistical models for SNP arrays: Signal calibration, copy number estimation and single array genotyping", van Ralph C.A. Rippe*

---

1. Systematische afwijkingen in fluorescentiesignalen op SNP arrays kunnen worden gecorrigeerd met de parameters van een linear regressiemodel (*dit proefschrift*).
2. Het genotyperen van enkelvoudige SNP monsters doet in betrouwbaarheid niet onder voor gevestigde methoden voor sets van monsters (*dit proefschrift*).
3. De doelfunctie van de ZEN smoother is niet convex, dus is een globaal minimum niet gegarandeerd. Toch werkt het algoritme in de praktijk uitstekend (*dit proefschrift*).
4. Golfpatronen in copy number profielen op basis van SNP fluorescentiesignalen worden onterecht als ruimtelijk effect gezien: deze "waves" zijn artefacten en kunnen worden gecorrigeerd zonder verlies van inhoudelijke informatie over het profiel (*dit proefschrift*).
5. Recente verschuivingen van SNP chips met hoge resoluties naar platforms voor sequencing van het volledige genoom hebben tot nu toe niet geleid tot nieuwe inzichten.
6. Men vreesde voor kwalijke gevolgen voor bijvoorbeeld verzekeringsnemers door het gebruik van DNA-gegevens om levensverwachting te voorspellen. Die vrees lijkt ongegrond.
7. Toenemende modelcomplexiteit draagt niet automatisch bij aan kennis op toegepast niveau.

- 
8. Het zichtbaar maken van nieuw werk, door implementatie in toegankelijke software, is essentieel in methoden- en statistiek-ontwikkeling.
  9. In een "hot" onderzoeksgebied heeft de "in-crowd" de neiging nieuwe en/of andere inzichten van buiten de groep tegen te houden.
  10. Indirect bewijs suggereert dat elke toegevoegde supervisor de projectcomplexiteit meer dan verdubbelt.
  11. Het leven is wreder dan de dood; niet voor hen die sterven, maar voor hen die achterblijven.