

University of Groningen

Mapping of asthma susceptibility in recombinant congenic mouse strains

Piavaux, Benoit Jaak Alain

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:

2012

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

Citation for published version (APA):

Piavaux, B. J. A. (2012). *Mapping of asthma susceptibility in recombinant congenic mouse strains*. [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

1. Recombinant congenic stammen zijn een goede 'tool' voor lage resolutie mapping van genen in complexe ziektes.
2. Voor hoge resolutie genetische mapping zijn andere methodes, zoals F2 kruisingen of 'expression profiling', beter geschikt dan het gebruik recombinant congenic stammen.
3. In de genetica zien we dat we vaak de keuze hebben tussen hoge resolutie en lage statistische power of lage resolutie en hoge statistische power. Zelfs de nieuwe high throughput SNP technieken hebben hier weinig verandering in gebracht.
4. De beste oplossing voor mappen van genen lijkt dus om een combinatie van technieken te gebruiken waarbij een lage resolutie methode wordt gebruikt voor identificatie van loci waarna hoge resolutie methodes kunnen gebruikt worden voor identificatie van kandidaat genen.
5. Comparative genomics, waarbij genetische data van verschillende diersoorten worden vergeleken, is een erg waardevolle methodiek gebleken in genetisch onderzoek in verschillende complexe ziekten. Voor astma genetisch onderzoek is dit echter niet bruikbaar door gebrek aan genetische data in andere diersoorten.
6. Er zijn reeds veel astma genen geïdentificeerd, maar er is relatief weinig onderzoek gedaan naar de functie en rol van veel van deze genen. Astma genetisch onderzoek zal de transitie naar meer functioneel onderzoek moeten maken.
7. Met de huidige genetische studies hebben we de limiet van de mogelijkheden van de klassieke statistiek bereikt. Tijd voor innovatie?
8. Waarom worden in Nederland zoveel PhDs opgeleid, als er daarna voor de grote meerderheid toch geen werk voor ze is in Nederland? Of is dit een methode om goedkope arbeidskrachten binnen te halen?
9. Waarom moeten er stellingen toegevoegd worden aan een proefschrift als niemand deze gebruikt tijdens de verdediging?
10. De Pyreneeën zijn het ideale gebergte voor solo alpinisten. Alles is er op menselijke maat. Dit betekend echter niet dat de klassieke gevaren van bergsport niet op de loer liggen.