

# Analysis of microarray gene expression data sets

## Citation for published version (APA):

Eijssen, L. M. T. (2006). *Analysis of microarray gene expression data sets*. Universiteit Maastricht.

## Document status and date:

Published: 01/01/2006

## Document Version:

Publisher's PDF, also known as Version of record

## Please check the document version of this publication:

- A submitted manuscript is the version of the article upon submission and before peer-review. There can be important differences between the submitted version and the official published version of record. People interested in the research are advised to contact the author for the final version of the publication, or visit the DOI to the publisher's website.
- The final author version and the galley proof are versions of the publication after peer review.
- The final published version features the final layout of the paper including the volume, issue and page numbers.

[Link to publication](#)

## General rights

Copyright and moral rights for the publications made accessible in the public portal are retained by the authors and/or other copyright owners and it is a condition of accessing publications that users recognise and abide by the legal requirements associated with these rights.

- Users may download and print one copy of any publication from the public portal for the purpose of private study or research.
- You may not further distribute the material or use it for any profit-making activity or commercial gain
- You may freely distribute the URL identifying the publication in the public portal.

If the publication is distributed under the terms of Article 25fa of the Dutch Copyright Act, indicated by the "Taverne" license above, please follow below link for the End User Agreement:

[www.umlib.nl/taverne-license](http://www.umlib.nl/taverne-license)

## Take down policy

If you believe that this document breaches copyright please contact us at:

[repository@maastrichtuniversity.nl](mailto:repository@maastrichtuniversity.nl)

providing details and we will investigate your claim.

Stellingen behorende bij het proefschrift

***Analysis of microarray gene  
expression data sets***

Lars Maria Theo Eijssen

Maastricht, 19 december 2006

1. Modelling van genexpressie data sluit beter aan bij de opzet en het doel van microarray studies, dan het toepassen van een statistische test [dit proefschrift].
2. De gebruikelijke Gaussiaanse verdeling is geschikt om genexpressieprofielen te modelleren, mits een verschil in variantie meegenomen wordt [dit proefschrift].
3. Het beperken van het aantal stappen in de analyse van microarray data, bevordert de helderheid van de procedure en voorkomt verlies van nuttige informatie [dit proefschrift].
4. Aangezien het voorkomen van overspecificiteit van classificatoren uiterst belangrijk is [dit proefschrift], dient patentering van genetische signaturen voor diagnostiek van kanker als voorbarig te worden bestempeld wanneer dit aspect niet formeel is geëvalueerd.
5. RT-PCR is een techniek die van minder vanzelfsprekend belang is voor de validatie van microarray expressie data, dan algemeen aangenomen wordt.
6. Het antwoord op de vraag wie fylogenetisch gezien je naaste familie is, vereist niet enkel een morfologische, maar ook een moleculaire beoordeling.
7. De regels omtrent het mogen doen van proefdieronderzoek bevatten de filosofisch gezien onbeantwoorbare voorwaarde van niet-vervangbaarheid.
8. Een gen en een promovendus hebben beiden baat bij een goed functionerende promotor.
9. Het AIO-traject wordt gezien als de voltooiing van de wetenschappelijke opleiding, terwijl gedurende deze periode behoud en ontwikkeling van algemene kennis risicovol wordt belemmerd.
10. De deugd  $\sigma\phi\rho\rho\sigma\upsilon\nu\eta$  (bezonnenheid) lijkt tegenwoordig niet meer algemeen als een van de vijf ethische basale principes gezien te worden.
11. Time always flies.