

STELLINGEN

behorende bij het proefschrift

Exploring the Use of Influenza Virus Sequence Diversity

for the identification and characterization of transmission events

1. Kennis van gangbare influenza virussen vergemakkelijkt de identificatie van lokale geclusterde infecties (dit proefschrift).
2. Verspreiding van vogelgriep tussen pluimveebedrijven kan resulteren in virussen met een verhoogd risico voor de volksgezondheid (dit proefschrift).
3. Tweede generatie sequencers blijken minder gevoelig dan hun specificaties doen vermoeden (dit proefschrift).
4. Clinici hebben invloed op de bruikbaarheid van internationale moleculaire surveillance data voor transmissie analyse (dit proefschrift).
5. Influenza virussen evolueren verrassend langzaam (dit proefschrift).
6. Introductie van forensische genetische technieken in virologisch onderzoek leidt tot gastheer identificatie.
7. “Couch potato” goed voor de volksgezondheid (Springborn et al., BMC Infectious Diseases, 2015).
8. Influenza virussen maken hun eigen antivirale middel (Dimmock et al., JVI, 2014).
9. Bestrijding van virusuitbraken zou gepaard moeten gaan met een impuls voor fundamenteel onderzoek.
10. Papierloos werken staat op de tocht (Pardee et al., Cell, 2014).
11. Je kunt een klant niet vragen wat hij wil en het vervolgens gaan bouwen, want tegen de tijd dat het af is wil hij weer iets nieuws (Steve Jobs).

Marcel Jonges
Houten, 10 juli 2015