

Doug Speed
Professor
Center for Kvantitativ Genetik og Genomforskning, Aarhus
Adressestype: Postadresse.
C.F. Møllers Allé 3
1130, 205
8000
Aarhus C
Danmark
E-mail: doug@qgg.au.dk



Curriculum Vitae

Her er min CV

Uddannelse og ansættelser

2020 -	Professor, Center for Kvantitativ Genetik og Genomforskning, Aarhus Universitet
2017 - 2020	Aarhus Institute of Advanced Studies (AIAS) Aarhus Universitet
2010 - 2017	UCL Genetics Institute, University College London (Først som postdoc, vejledt af David Balding, derefter selvstændig MRC Fellow)
2006 - 2010	PhD i Statistisk Genetik, University of Cambridge (Vejleder: Simon Tavaré)
2000 - 2004	Kandidatgrad i Matematik (First Class), University of Oxford

Bevillinger og priser

2019	Lundbeckfonden Experiment Award (bevilling 1,9M DKK)
2018	Samarbejdspartner på en bevilget ARC Ansøgning (bevilling \$410.000)
2017	Sapere Aude bevilling fra Danmarks Frie Forskningsfond (værdi 5,6M DKK)
2017	Marie Curie COFUND Fellowship (værdi: 300.000 euros)
2017	Samarbejdspartner på en bevilget BBSRC ansøgning (bevilling £475.000)
2014	MRC Career Development Fellowship in Biostatistics (bevilling £450.000)
2013	Young Biometrician of the Year (Fisher Memorial Trust & Int. Biometrics Society)

Forskningsresumé

Jeg har en bachelograd i matematik fra University of Oxford, og min ph.d.-grad er i statistisk genetik fra University of Cambridge. Fra 2010-2017 var jeg ved University College London, først som postdoc og siden som selvstændig forsker (finansieret af et MRC Career Development stipendium). I 2017 flyttede jeg til Aarhus Universitet, hvor jeg for nylig startede min egen gruppe (finansieret af et Marie Curie stipendium, et Sapere Aude stipendium og en pris fra Lundbeckfonden).

Jeg har været ansvarlig for en række genetiske analyser: Jeg har udført det første helgenom-associationsstudie (GWAS) af medicinrespons for epilepsi, jeg har udført højdimensionel eQTL analyse som en del af METABRIC studiet (med resultater som har omdefineret den molekulære underinddeling af brystkræft), og jeg var den ledende analytiker for metaanalyse-konsortiet International League against Epilepsy (ILAE), der opdagede to nye varianter for epilepsirisiko.

Hovedfokus for min forskning ligger indenfor udvikling og frigivelse af nye metoder til at analysere GWAS data. I 2012 oprettede jeg LDAK Software (www.ldak.org), som indtil nu er blevet downloadet mere end 4000 gange og har 200-300 regelmæssige brugere. Jeg designede oprindeligt LDAK for at muliggøre et mere præcist estimat af "SNP heritabilitet," den totale proportion af fænotypisk variation forklaret ved alle SNPer. Præcise estimerater af SNP heritabilitet er vigtige for at forstå GWAS-potentialet og SNP-baserede prædiktionsmodeller, og løse den manglende heritabilitetsdebat. Ved at bruge LDAK viste jeg, at for mange almindelige sygdomme (f.eks. skizofreni, type I & II diabetes, ulcerøs colitis) er almindelige SNPs bidrag væsentligt højere end tidligere undersøgt.

Jeg opdaterer jævnligt LDAK med nye funktioner. De to nyeste tilføjelser er SumHer, en metode til at undersøge komplekse træks genetiske arkitektur fra GWAS sammenfatningsstatistikker, og Bolt-LDAK, der aktuelt er den mest præcise metode til at konstruere SNP-baserede prædiktionsmodeller for komplekse træk.

Vigtigste publikationer

Min seks vigtigste publikationer (alle som førsteforfatter) er markeret med en *. De er blevet publiceret i American Journal of Human Genetics, Genome Research, Nature Reviews Genetics og tre gange i Nature Genetics. Indtil nu er de blevet citeret 1070 gange (i gennemsnit 49 citater per artikel, per år).

- *D. Speed, J. Holmes and D. Balding (2020). Evaluating and improving heritability models using summary statistics. *Nature Genetics*.
- *D. Speed and D. Balding (2019). SumHer better estimates the SNP heritability of complex traits from summary statistics. *Nature Genetics*.
- D. Speed, G. Hemani, M. Speed, A Børglum and S. Østergaard (2019). Investigating the causal relationship between neuroticism and depression via Mendelian Randomization. *ACTA Psych. Scand.*
- *D. Speed, N. Cai, the UCLEB Consortium, M. Johnson, S. Nejentsev and D. Balding (2017). Reevaluation of SNP heritability in complex human traits. *Nature Genetics*.
- *D. Speed and D. Balding (2015). Relatedness in the post-genomic era: is it still useful? *Nature Reviews Genetics*.
- D. Jeffares, C. Rallis, A. Rieux, D. Speed, et al. (2015). The genomic and phenotypic diversity of *Schizosaccharomyces pombe*. *Nature Genetics*.
- *D. Speed and D. Balding (2014). MultiBLUP: improved SNP-based prediction for complex traits. *Genome Research*.
- D. Speed, D. Balding, M. Johnson, et al. (2014). Describing the genetic architecture of epilepsy using heritability analysis. *Brain*.
- The International League Against Epilepsy Consortium on Complex Epilepsies (2014). Genetic determinants of common epilepsies: a meta-analysis of genome-wide association studies. *Lancet Neurology*. I was the lead analyst for the consortium, writing the protocols, and performing the analysis for 6 of the 12 contributing sites.
- D. Speed, C. Hoggart, S. Petrovski, M. Johnson, et al. (2014). Genome-wide association study and biological pathway analysis of epilepsy prognosis in a prospective cohort of newly treated epilepsy. *Human Molecular Genetics*.
- D. Speed, G. Hemani, M. Johnson and D. Balding (2013). SNP-based heritability analysis with dense data. *American J. Human Genetics*.
- *D. Speed, G. Hemani, M. Johnson and D. Balding (2012). Improved Heritability Estimation from Genome-Wide SNPs. *American J. Human Genetics*.
- C. Curtis, ..., D. Speed (Author 7), et al. (2012). The genomic and transcriptomic architecture of 2,000 breast tumours reveals novel subgroups. *Nature*.
- D. Speed and S. Tavare (2011). Sparse partitioning: Nonlinear regression with binary or tertiary predictors, with application to association studies. *Annals of Applied Statistics*.

Følgende liste er mine 10 seneste publikationer. Klik venligst på fanen 'Publikationer' for en komplet liste.

Publikationer

Heritability and polygenic load for comorbid anxiety and depression

Tabrizi, F., Rosén, J., Grönvall, H., William-Olsson, V. R., Arner, E., Magnusson, P. K., Palm, C., Larsson, H., Viktorin, A., Bernhardsson, J., Björkdahl, J., Jansson, B., Sundin, Ö., Zhou, X., Speed, D. & Åhs, F., dec. 2025, I: *Translational Psychiatry*. 15, 1, s. 98 10 s., 98.

Recent Statistical Innovations in Human Genetics

Balding, D. J. & Speed, D., 27 jun. 2025, (E-pub / Early view) I: *Annals of Human Genetics*. s. e12606

Association Between Polygenic Risk Scores and Treatment Response to Antidepressants, Benzodiazepines, and Antihistamines in Anxiety and Depression

Markant, A., Tabrizi, F., Grönvall, H., Speed, D. & Åhs, F., maj 2025, I: *Biological Psychiatry: Global Open Science*. 5, 3, 9 s., 100470.

Genome-wide association meta-analyses of drug-resistant epilepsy

Epi25 Collaborative, maj 2025, I: *EBioMedicine*. 115, s. 105675 105675.

Genome-wide association study meta-analysis provides insights into the etiology of heart failure and its subtypes

Henry, A., Mo, X., Finan, C., Chaffin, M. D., Speed, D., Issa, H., Denaxas, S., Ware, J. S., Zheng, S. L., Malarstig, A., Gratton, J., Bond, I., Roselli, C., Miller, D., Chopade, S., Schmidt, A. F., Abner, E., Adams, L., Andersson, C. & Aragam, K. G. & 5 flere, Ärnlöv, J., Asselin, G., Raja, A. A., Backman, J. D. & Genes & Health Research Team, apr. 2025, I: *Nature Genetics*. 57, 4, s. 815-828 14 s., 163.

Does the Path From Cigarette Smoking to Suicide Death Go Through the Hospital? A Causal Mediation Analysis in a National Canadian Sample

Balbuena, L., Åhs, F., Peters, E., Mendes-Silva, A. & Speed, D., 2025, I: *Tobacco Use Insights*. 18

Genome-wide association analysis provides insights into the molecular etiology of dilated cardiomyopathy

Zheng, S. L., Henry, A., Cannie, D., Lee, M., Miller, D., McGurk, K. A., Bond, I., Xu, X., Issa, H., Francis, C., De Marvao, A., Theotokis, P. I., Buchan, R. J., Speed, D., Abner, E., Adams, L., Aragam, K. G., Årnlöv, J., Raja, A. A. & Backman, J. D. & 5 flere, Baksi, J., Barton, P. J. R., Biddinger, K. J., Boersma, E. & COVIDsortium, dec. 2024, I: Nature Genetics. 56, 12, s. 2646-2658 13 s., 2254.

The heritability of fitness in a wild annual plant population with hierarchical size structure

Schoen, D. J. & Speed, D., 1 okt. 2024, I: Evolution. 78, 10, s. 1739-1745 7 s.

Using the Bayesian variational spike and slab model in a genome-wide association study for finding associated loci with bipolar disorder

Kazemi Naeini, M., Akbarzadeh, M., Kazemi, I., Speed, D. & Hosseini, S. M., maj 2024, I: Annals of Human Genetics. 88, 3, s. 212-246 35 s.

Estimating disease heritability from complex pedigrees allowing for ascertainment and covariates

Speed, D. & Evans, D. M., apr. 2024, I: American Journal of Human Genetics. 111, 4, s. 680-690 11 s.

Konferencepræsentationer på invitation (2015 -)

August 2020	European Society for Human Genetics (Berlin, Tyskland)
Juni 2018	Gene Forum (Tartu, Estland)
Marts 2018	North of England Genetic Epidemiology Group (Leeds, England)
November 2017	International Biometrics Society, Regional Meeting (London, England)
April 2017	Gene Mappers (Geelong, Australien)
Juni 2015	Wild Animal Genomics (Trondheim, Norge)
April 2015	Inaugural Lecture for the Centre of Systems Genomics (Melbourne, Australien)

Før 2015 holdt jeg foredrag på 10 konferencer (7 på invitation). Jeg har også været inviteret til at holde foredrag på mere end 25 forskningsinstitutioner, herunder Cambridge, Oxford, Bristol, Imperial, Kings, Leiden, Aarhus, GSK.