

## Sequencing & Genotyping Core Facility

Leitung: [Univ.-Prof. Dr. Florian Kronenberg](#)

[Ziele der Core Facility](#)

[Erfolgsrezept der Core Facility](#)

[Molekularbiologische Methoden](#)

[Informatische und bioinformatische Unterstützung](#)

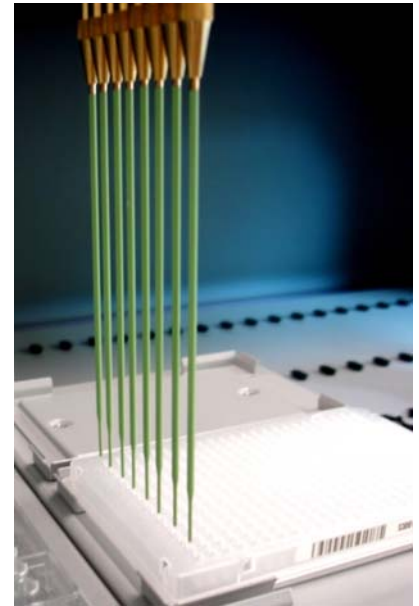
[Unterstützung bei Studiendesign und Statistik](#)

[Wie kann ich die Core Facility nutzen?](#)

[Welche Kosten entstehen dem Nutzer?](#)

[Mitarbeiter der Core Facility](#)

[Ausgewählte Publikationen bei denen die Core Facility eine Rolle gespielt hat](#)



### Ziele der Core Facility

- Gemeinschaftlicher Gebrauch von High-end Technologien in einer zentralen Core Facility
- Kontinuierliche professionelle Wartung und Betreuung dieser Geräte
- Evaluierung und Etablierung einer breiten Palette von Technologien und Methoden
- Datenmanagement
- **Beratung und Ausbildung der Nutzer**
- **Support in Studiendesign und molekularbiologischen Methoden**
- **Zusätzlicher wissenschaftlicher Input zu den Projekten**

[\[top\]](#)

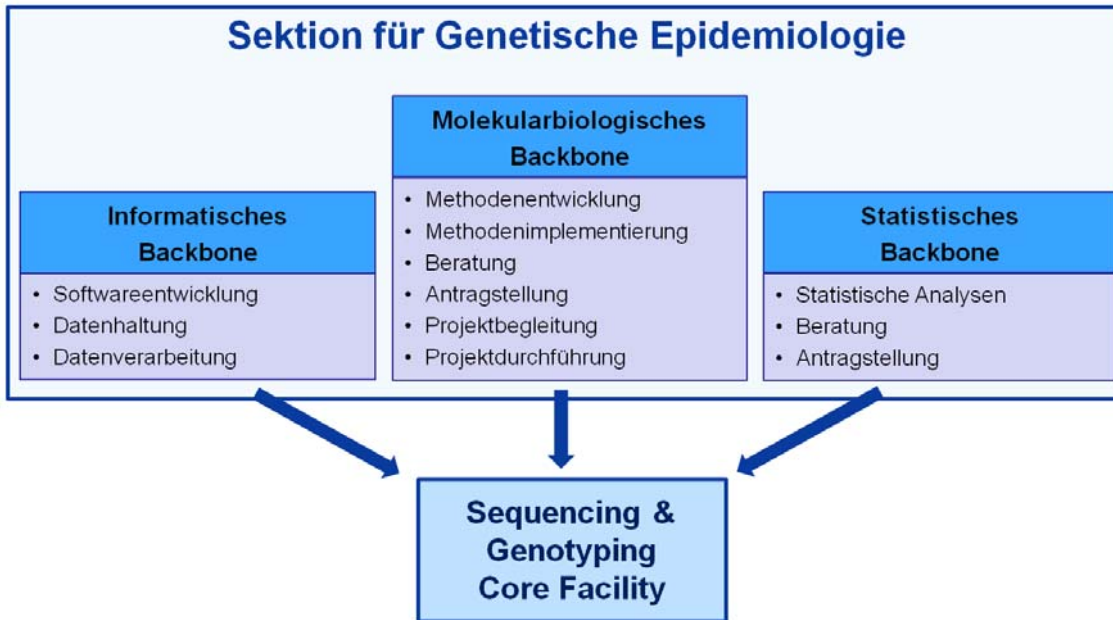
### Erfolgsrezept der Core Facility

Die "Sequencing & Genotyping Core Facility" wurde bei ihrer Gründung im Jahr 2004 als Teil der Sektion für Genetische Epidemiologie etabliert. Ziel war es, die Core Facility möglichst nahe an der Expertise anzusiedeln, damit sich beide Einrichtung ergänzen und damit zu einem Mehrwert für den Wissenschaftsstandort Innsbruck werden. Dieses Vorgehen hat sich sehr bewährt, da dadurch **sowohl die molekularbiologische als auch die informatische und statistische Expertise** für die Core Facility zur Verfügung steht. Ziel ist es dabei, dass Nutzer nicht nur the Methoden zur

Verfügung gestellt bekommen, sondern auch molekularbiologischen und zusätzlichen wissenschaftlichen Input erhalten, sofern sie dies wünschen.

Unser Credo lautet:

**Kein Nutzer wird bei uns allein gelassen!**

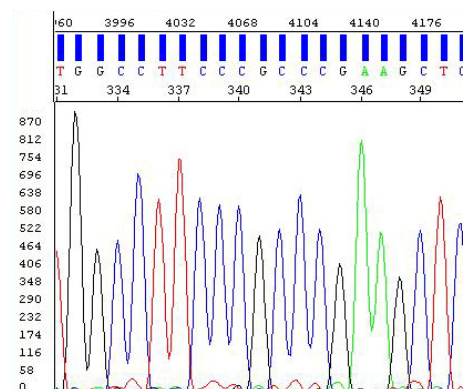


[\[top\]](#)

## Molekularbiologische Methoden

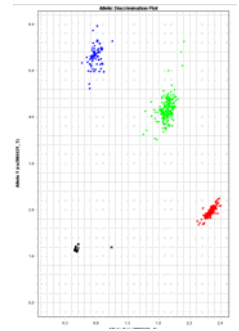
### Sequenzieren

- Es stehen ein 16-Kapillarsequenzierer für mittleren Durchsatz und ein 48-Kapillarsequenzierer für höheren Durchsatz zur Verfügung
- Anwendungen:
  - DNA-Sequenzierungen
  - Fragmentanalysen
  - SNaPshot
  - Long-range DNA Sequenzierungen
- Angebotener Service:
  - Durchführung der Sequenzierung / Fragmentanalyse
  - Gerätenutzung
  - Beratung bei der Erstellung der Projektstrategie



## Genotypisierungen mittels 7900HT Real-Time PCR System

- Verwendete Chemie: Taqman oder KBCSciences-KASPar
- Kostengünstige Anwendung durch 384-well Format
- Singleplex-Verfahren (1 SNP pro Analyse)
- Mittlerer Durchsatz auch für kleine bis mittelgroße Projekte



## Genotypisierungen mittels iPLEX Assays

- Sequenom MassARRAY Analyzer 4
- Sehr kostengünstige Anwendung in Abhängigkeit von der Anzahl zu genotypisierender SNPs
- Multiplex-Verfahren (gleichzeitig 6-35 SNPs pro Analyse)
- Hochdurchsatz mit bis zu 100.000 Genotypen pro Tag
- Beratung bei der Erstellung der Projektstrategie
- Hilfestellung bei der Etablierung



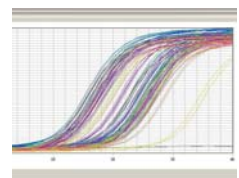
## Andere Verfahren mit der Sequenom MassARRAY Plattform

- Folgende Methoden für die Plattform sind in Vorbereitung und werden in absehbarer Zeit zur Verfügung stehen:
  - DNA Methylierungen (EpiTYPER)
  - Molecular Typing (iSEQ)
  - Copy Number Variations
  - Somatic mutation profiling
  - Quantitative gene expression



## Real-Time PCR mit ABI 7900HT System

- Neben der SNP-Genotypisierung stehen mit diesem Gerät folgende Anwendungen zur Verfügung:
  - Genexpressionsanalysen
  - Targeted Gene-Expression Analysis mittels Low-Density-Arrays
  - Bestimmung der relativen Telomer-Länge
- Hilfestellung bei der Projektplanung



## DNA und RNA Extraktion mittels QIAGEN EZ1 advanced Biorobotic

- Hochqualitative DNA und RNA
- Folgende Kits können zur Anwendung kommen:
  - Gewebe-Kit
  - Blut Kit
  - Forensic Investigator Kit
  - Paraffin-Kit
  - HaploPrep Kit
- Durchsatz: bis zu 6 Proben pro Lauf



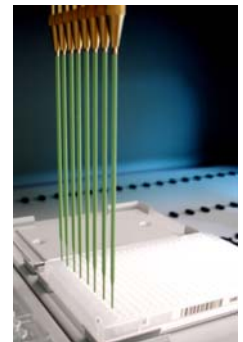
## Quantifizierung von DNA und RNA

- Mit geringem Materialeinsatz ist die Quantifizierung mit folgenden Methoden möglich:
  - NanoDrop ND-1000 Spectrophotometer: zur Messung von Einzelproben
  - NanoQuant infinite M200 Tecan: zur gleichzeitigen Messung von bis zu 96 Proben



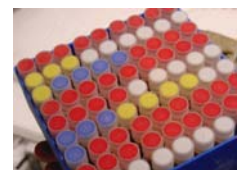
## Grosse Pipettierjobs

- Für grosse Pipettieraufgaben stehen folgende Geräte im Einsatz:
  - Tecan Freedom EVO 150: 8-Kanal-Pipettierroboter
  - Tecan Multichannel zur Pipettierung von 96 Proben gleichzeitig



## Biobanking

- Gerne stellen wir unser Knowhow bezüglich Biobanking zur Verfügung:
  - Präanalytik
  - Optimale Probengewinnung und -lagerung
  - Aliquotierungs-Strategie
  - Probenverwaltung



[\[top\]](#)

## Informatische und bioinformatische Unterstützung

Aufgrund der täglichen Anforderungen hat sich an der Sektion für Genetische Epidemiologie eine informatische Arbeitsgruppe etabliert, die von Frau PD Dr. Anita Kloss-Brandstätter geleitet wird und verschiedene Softwarelösungen aus dem Datenbankapplikationen, Analyse von Copy Number Variationen und dem Bereich mitochondrialer DNA programmiert. Details zu den einzelnen frei erhältlichen [Software-Lösungen können hier](#) gefunden werden.

Neben den bioinformatischen Lösungen wurde von Stefan Coassin die [GenEpi Toolbox](#) ins Leben gerufen, die bioinformatische Hilfsmittel für die Durchleuchtung von interessanten Genregionen zusammenfasst. Es handelt sich dabei um eine Sammlung von Werkzeugen für den täglichen Gebrauch, die von "Users for Users" zusammengefasst wurde.

[\[top\]](#)

## Unterstützung bei Studiendesign und Statistik

MitarbeiterInnen der Sektion für Genetische Epidemiologie helfen auch gerne beim Design der Studie sowie bei den Auswertungen der Daten.

[\[top\]](#)

## Wie kann ich die Core Facility nutzen?

Hier muss zwischen zwei Nutzungsformen unterschieden werden, die auch in der nächsten Abbildung dargestellt sind:

- **Routinemässige Nutzung der Sequenzier- und Real-Time PCR Geräte:** Zur Verwendung der beiden Sequenziergeräte sowie des 7900HT Real-Time PCR Systems steht eine Online-Registrierung für die Gerätenutzung zur Verfügung. Erstnutzer müssen sich mit Frau [Gertraud Erhart](#) zur Erstellung eines Nutzer-Accounts in Verbindung setzen. Nach Freischaltung können die Nutzungszeiten der Geräte direkt online unter [http://genepi\\_core.i-med.ac.at/](http://genepi_core.i-med.ac.at/) gebucht werden.
- **Wissenschaftliche Kooperationen:** Geht die Nutzung der Core Facility über die Gerätenutzung hinaus und kommt es zu einer signifikanten Einbeziehung von Mitarbeitern der Genetischen Epidemiologie in wissenschaftliche Fragestellung, so entsteht eine wissenschaftliche Kooperation. Für wissenschaftliche Kooperationen erfolgt in der Regel ein Erstkontakt über die genannten Ansprechpartner und entsprechende Beratungen zu dem geplanten Projekt unter Einbeziehung der technischen MitarbeiterInnen der Genetischen Epidemiologie.

Erstkontakt		
Administration / Technik	Stefan Coassin Anita Kloss-Brandstätter (z.Zt. karenziert) Florian Kronenberg	Spezialanwendungen
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Gertraud Erhart (Online Administration und techn. Betreuung von Sequenzierern und Real-Time PCR)</li> <li>• Anita Neuner (Abrechnung)</li> </ul>		<ul style="list-style-type: none"> <li>• Margot Haun (SNaPshot)</li> <li>• Gertraud Erhardt (mtDNA)</li> <li>• Monika Summerer (Fragmentanalysen u. Mikrosatelliten)</li> </ul>
Kandidatengen-Sequenzierungen	Genotypisierungen	Real-Time PCR
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Margot Haun</li> <li>• Gertraud Erhardt</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Margot Haun (Taqman, iPLEX)</li> <li>• Monika Summerer (Taqman)</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Margot Haun</li> <li>• Doreen Dähnhardt (techn. Betreuung)</li> </ul>

[\[top\]](#)

## Welche Kosten entstehen dem Nutzer?

Die Kosten hängen ab von der Art der Nutzung und können bei routinemässiger Nutzung sehr leicht pauschal abgeschätzt werden (bitte um Kontaktaufnahme mit Frau Erhart). Für wissenschaftliche Kooperationen wird nach einer individuellen Beratungen das optimale Vorgehen besprochen und die voraussichtlichen Kosten abgeschätzt.

[\[top\]](#)

## Mitarbeiter der Core Facility

Die Core Facility wird von Frau Gertraud Erhart betreut. Daneben arbeiten mehrere MitarbeiterInnen der Genetischen Epidemiologie in der Core Facility mit. Nachfolgend ein Zusammenstellung der HauptansprechpartnerInnen:

<p><b>Univ.-Prof. Florian Kronenberg</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• E-mail: Florian.Kronenberg@i-med.ac.at</li> <li>• Tel. 70560</li> <li>• Zuständig für: <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Leitung</li> <li>○ Wissenschaftliche Anfragen</li> <li>○ Kooperationen</li> </ul> </li> </ul>	
<p><b>Mag. Stefan Coassin</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• E-mail: Stefan.Coassin@i-med.ac.at</li> <li>• Tel. 70572</li> <li>• Zuständig für: <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Wissenschaftliche Anfragen</li> <li>○ Kooperationen</li> </ul> </li> </ul>	
<p><b>PD Dr. Anita Kloss-Brandstätter (zur Zeit karenziert)</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• E-mail: Anita.Kloss@i-med.ac.at</li> <li>• Tel. 70569</li> <li>• Zuständig für: <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Wissenschaftliche Anfragen</li> <li>○ Kooperationen</li> <li>○ Informatische Projekte</li> </ul> </li> </ul>	

<p><b>Gertraud Erhart</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• E-mail: Gertraud.Erhart@i-med.ac.at</li> <li>• Tel. 70573</li> <li>• Zuständig für: <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Einführung in die Nutzung der Core Facility</li> <li>○ Wartung und Kalibrierung der Geräte</li> <li>○ Online-Administration der Core Facility</li> <li>○ Low-Density Arrays</li> <li>○ Kandidatengen-Sequenzierungen</li> <li>○ Spezialanwendungen (z.B. mitochondriale DNA)</li> </ul> </li> </ul>	
<p><b>Mag. Margot Haun</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• E-mail: Margot.Haun@i-med.ac.at</li> <li>• Tel. 70573</li> <li>• Zuständig für: <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Genotypisierungen (Taqman und iPLEX)</li> <li>○ Real-Time PCR</li> <li>○ Spezialanwendungen (SNaPshot)</li> </ul> </li> </ul>	
<p><b>Doreen Dähnhardt (zur Zeit karenziert)</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• E-mail: Doreen.Daehnhardt@i-med.ac.at</li> <li>• Tel. 70563 oder 70571</li> <li>• Zuständig für: <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Einführung in die Nutzung der Core Facility</li> <li>○ Wartung und Kalibrierung der Geräte</li> <li>○ Online-Administration der Core Facility</li> <li>○ Low-Density Arrays</li> </ul> </li> </ul>	
<p><b>Dr. Monika Summerer (zur Zeit teilkarenziert)</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• E-mail: Monika.Summerer@i-med.ac.at</li> <li>• Tel. 70573</li> <li>• Zuständig für: <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Genotypisierungen (Taqman)</li> <li>○ Fragmentanalysen und Mikrosatelliten-Typisierungen</li> </ul> </li> </ul>	
<p><b>Anita Neuner</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• E-mail: Anita.Neuner@i-med.ac.at</li> <li>• Tel. 70561 (tgl. erreichbar von 7:00-11:30 Uhr)</li> <li>• Zuständig für: <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Abrechnung der Nutzergebühren</li> </ul> </li> </ul>	

## Ausgewählte Publikationen bei denen die Core Facility eine Rolle gespielt hat

1. Kloss-Brandstätter A, Pacher D, Schönherr S, Weissensteiner H, Binna R, Specht G, Kronenberg F: HaploGrep: a fast and reliable algorithm for automatic classification of mitochondrial DNA haplogroups. *Human Mutation* 32:25-32, 2011. [\[Pub-Med\]](#)
  
2. Zabaneh D, Kumari M, Sandhu M, Wareham N, Wainwright N, Papamarkou T, Hopewell J, Clarke R, Li K, Palmén J, Talmud PJ, Kronenberg F, Lamina C, Summerer M, Paulweber B, Price J, Fowkes G, Stewart M, Drenos F, Shah S, Shah T, Casas JP, Kivimaki M, Whittaker J, Hingorani AD, Humphries SE: Meta analysis of candidate gene variants outside the LPA locus with Lp(a) plasma levels in 14,500 participants of six White European cohorts. *Atherosclerosis* (in press). [\[Pub-Med\]](#)
  
3. Willeit P, Willeit J, Kloss-Brandstätter A, Kronenberg F, Kiechl S: Fifteen-year follow-up of association between telomere length and incident cancer and cancer mortality. *JAMA* 306:42-44, 2011. [\[Pub-Med\]](#)
  
4. Böger CA, Chen MH, Tin A, Olden M, Köttgen A, Deboer IH, Fuchsberger C, O'Seaghdha CM, Pattaro C, Teumer A, Liu CT, Glazer NL, Li M, O'Connell JR, Tanaka T, Peralta CA, Kutalik Z, Luan J, Zhao JH, Hwang SJ, Akyzbekova E, Kramer H, van der Harst P, Smith AV, Lohman K, de AM, Hayward C, Kollerits B, Tonjes A, Aspelund T, Ingelsson E, Eiriksdottir G, Launer LJ, Harris TB, Shuldiner AR, Mitchell BD, Arking DE, Franceschini N, Boerwinkle E, Egan J, Hernandez D, Reilly M, Townsend RR, Lumley T, Siscovick DS, Psaty BM, Kestenbaum B, Haritunians T, Bergmann S, Vollenweider P, Waeber G, Mooser V, Waterworth D, Johnson AD, Florez JC, Meigs JB, Lu X, Turner ST, Atkinson EJ, Leak TS, Aasarod K, Skorpen F, Syvanen AC, Illig T, Baumert J, Koenig W, Krämer BK, Devuyst O, Mychaleckyj JC, Minelli C, Bakker SJ, Kedenko L, Paulweber B, Coassin S, Endlich K, Kroemer HK, Biffar R, Stracke S, Volzke H, Stumvoll M, Magi R, Campbell H, Vitart V, Hastie ND, Gudnason V, Kardia SL, Liu Y, Polasek O, Curhan G, Kronenberg F, Prokopenko I, Rudan I, Arnlov J, Hallan S, Navis G, Parsa A, Ferrucci L, Coresh J, Shlipak MG, Bull SB, Paterson AD, Wichmann HE, Wareham NJ, Loos RJ, Rotter JI, Pramstaller PP, Cupples LA, Beckmann JS, Yang Q, Heid IM, Rettig R, Dreisbach AW, Bochud M, Fox CS, Kao WH: CUBN Is a Gene Locus for Albuminuria. *J. Am. Soc. Nephrol.* 22:555-570, 2011. [\[Pub-Med\]](#)
  
5. Coassin S, Schweiger M, Kloss-Brandstätter A, Lamina C, Haun M, Erhart G, Paulweber B, Rahman Y, Olpin S, Wolinski H, Cornaciu I, Zechner R, Zimmermann R, Kronenberg F: Investigation and functional characterization of rare genetic variants in the adipose triglyceride lipase in a large healthy working population. *PLoS Genetics* 6:e1001239, 2010. [\[Pub-Med\]](#)
  
6. Kloss-Brandstätter A, Schäfer G, Erhart G, Hüttenhofer A, Coassin S, Seifarth C, Summerer M, Bektic J, Klocker H, Kronenberg F: Somatic mutations throughout the entire mitochondrial genome are associated with elevated PSA levels in prostate cancer patients. *American Journal Human Genetics* 87:802-812, 2010. [\[Pub-Med\]](#)
  
7. Willeit P, Willeit J, Brandstätter A, Ehrlenbach S, Mayr A, Gasperi A, Weger S, Oberhollenzer F, Reindl M, Kronenberg F, Kiechl S: Cellular aging reflected by leukocyte telomere length predicts advanced atherosclerosis and cardiovascular disease risk. *Arteriosclerosis Thrombosis and Vascular Biology* 30:1649-1656, 2010. [\[Pub-Med\]](#)
  
8. Willeit P, Willeit J, Mayr A, Weger S, Oberhollenzer F, Brandstätter A, Kronenberg F, Kiechl S: Telomere length and risk of incident cancer and cancer mortality. *JAMA* 304:69-75, 2010. [\[Pub-Med\]](#)
  
9. Kollerits B, Coassin S, Kiechl S, Hunt SC, Paulweber B, Willeit J, Brandstätter A, Lamina C, Adams TD, Kronenberg F: A common variant in the adiponutrin gene influences liver enzyme levels. *Journal of Medical Genetics* 47:116-119, 2010. [\[Pub-Med\]](#)
  
10. Heid IM\*, Henneman P\*, Hicks A\*, Coassin S, Winkler T, Aulchenko YS, Fuchsberger C, Song K, Hivert MF, Waterworth DM, Timpson NJ, Richards JB, Perry JRB, Tanaka T, Amin N, Kollerits B, Pichler I, Oostra BA, Thorand B, Frants RR, Illig T, Dupuis J, Glaser B, Spector T, Guralnik J, Egan JM, Florez JC, Evans DM, Soranzo N, Bandinelli S, Carlson OD, Frayling TM, Burling K, Davey SG, Mooser V, Ferrucci L, Meigs JB, Vollenweider P, Van Dijk KW, Pramstaller P\*, Kronenberg F\*, Van Duijn CM\*: Clear detection of *ADIPOQ* locus as the major gene for plasma adiponectin: results of

- genome-wide association analyses including 4659 European individuals. ***Atherosclerosis*** 208:412-420, 2010. [\[Pub-Med\]](#)
11. Köttgen A, Pattaro C, Böger CA, Fuchsberger C, Olden M, Glazer NL, Parsa A, Gao X, Yang Q, Smith AV, O'Connell JR, Li M, Schmidt H, Tanaka T, Isaacs A, Ketkar S, Hwang SJ, Johnson AD, Dehghan A, Teumer A, Paré G, Atkinson EJ, Zeller T, Lohman K, Cornelis MC, Probst-Hensch NM, Kronenberg E, Tönjes A, Hayward C, Aspelund T, Eiriksdottir G, Launer L, Harris TB, Rappmersaud E, Mitchell BD, Boerwinkle E, Struchalin M, Cavalieri M, Singleton A, Giallauria F, Metter J, de Boer I, Haritunians T, Lumley T, Siscovick D, Psaty BM, Zillikens MC, Oostra BA, Feitosa M, Province M, de Andrade FM, Turner ST, Schillert A, Ziegler A, Wild PS, Schnabel RB, Wilde S, Muenzel TF, Leak TS, Illig T, Klopp N, Meisinger C, Wichmann HE, Koenig W, Zgaga L, Zemunik T, Kolcic I, Minelli C, Hu FB, Johansson A, Igl W, Zaboli G, Wild SH, Wright AF, Campbell H, Ellinghaus D, Schreiber S, Aulchenko YS, Felix JF, Rivadeneira F, Uitterlinden AG, Hofman A, Imboden M, Nitsch D, Brandstätter A, Kollerits B, Kedenko L, Mägi R, Stumvoll M, Kovacs P, Boban M, Campbell S, Endlich K, Völzke H, Kroemer HK, Nauck M, Völker U, Polasek O, Vitart V, Badola S, Parker AN, Ridker PM, Kardina SLR, Blankenberg S, Liu Y, Curhan GC, Franke A, Rochat T, Paulweber B, Prokopenko I, Wang W, Gudnason V, Shuldiner AR, Coresh J, Schmidt R, Ferrucci L, Shlipak M, van Duijn CM, Borecki I, Krämer BK, Rudan I, Gyllenstein U, Wilson JF, Witteman JC, Pramstaller PP, Rettig R, Hastie N, Chasman DI, Kao WH, Heid IM, Fox CS: Multiple new loci associated with kidney function and chronic kidney disease. ***Nature Genetics*** 42:376-384, 2010. [\[Pub-Med\]](#)
  12. Hersberger M, Thun GA, Imboden M, Brandstätter A, Waechter V, Summerer M, Schmid-Grendelmeier P, Bircher A, Rohrer L, Berger W, Russi EW, Rochat T, Kronenberg E, Probst-Hensch N: Association of STR Polymorphisms in CMA1 and IL-4 with Asthma and Atopy: the SAPALDIA Cohort. ***Human Immunology*** 71:1154-60, 2010. [\[Pub-Med\]](#)
  13. Kollerits B, Coassin S, Beckmann ND, Teumer A, Kiechl S, Döring A, Kavousi M, Hunt SC, Lamina C, Paulweber B, Kutalik Z, Nauck M, Van Duijn CM, Heid IM, Willeit J, Brandstätter A, Adams TD, Mooser V, Aulchenko YS, Völzke H, Kronenberg F: Genetic evidence for a role of adiponutrin in the metabolism of apolipoprotein B-containing lipoproteins. ***Human Molecular Genetics*** 18:4669-4676, 2009. [\[Pub-Med\]](#)
  14. Ehrlenbach S, Willeit P, Kiechl S, Willeit J, Reindl M, Schanda K, Kronenberg F, Brandstätter A: Influences on the reduction of relative telomere length over ten years in the population-based Bruneck Study: introduction of a well-controlled high-throughput assay. ***International Journal of Epidemiology*** 38:1725-1734, 2009. [\[Pub-Med\]](#)
  15. Lin J-P, Schwaiger JP, Cupples LA, O'Donnell CJ, Zheng G, Schoenborn V, Hunt SC, Joo J, Kronenberg F: Conditional linkage and genome-wide association studies identify UGT1A1 as a major gene for anti-atherogenic serum bilirubin levels – The Framingham Heart Study. ***Atherosclerosis*** 206:228-233, 2009. [\[Pub-Med\]](#)
  16. Heid IM, Boes E, Müller AM, Kollerits B, Lamina C, Coassin S, Gieger C, Döring A, Klopp N, Frikke-Schmidt R, Tybjaerg-Hansen A, Brandstätter A, Luchner A, Meitinger T, Wichmann HE, Kronenberg E: Genome-wide association analysis of high-density lipoprotein cholesterol in the population-based KORA Study sheds new light on intergenic regions. ***Circulation: Cardiovascular Genetics*** 1:10-20, 2008. [\[Pub-Med\]](#)
  17. Döring A\*, Gieger C\*, Mehta D, Gohlke H, Prokisch H, Coassin S, Fischer G, Henke K, Klopp N, Kronenberg F, Paulweber B, Pfeufer A, Roskopf D, Völzke H, Illig T, Meitinger T, Wichmann HE, Meisinger C: *SLC2A9* influences uric acid concentrations with pronounced sex-specific effects. ***Nature Genetics*** 40:430-436, 2008. [\[Pub-Med\]](#)
  18. Brandstätter A, Kiechl S, Kollerits B, Hunt SC, Heid IM, Coassin S, Willeit J, Adams TD, Illig T, Hopkins PN, Kronenberg F: Sex-specific association of the putative fructose transporter *SLC2A9* variants with uric acid levels is modified by BMI. ***Diabetes care*** 31:1662-1667, 2008. [\[Pub-Med\]](#)
  19. Heid IM, Boes E, Müller AM, Kollerits B, Lamina C, Coassin S, Gieger C, Döring A, Klopp N, Frikke-Schmidt R, Tybjaerg-Hansen A, Brandstätter A, Luchner A, Meitinger T, Wichmann HE, Kronenberg E: Genome-wide association analysis of high-density lipoprotein cholesterol in the population-based KORA Study sheds new light on intergenic regions. ***Circulation: Cardiovascular Genetics*** 1:10-20, 2008. [\[Pub-Med\]](#)

20. Boes E, Kollerits B, Heid IM, Hunt SC, Pichler M, Paulweber B, Coassin S, Adams TD, Hopkins PN, Lingenhel A, Wagner SA, Kronenberg F: *INSIG2* polymorphism is neither associated with body mass index nor with phenotypes of lipoprotein metabolism. ***Obesity*** 16:827-833, 2008. [\[Pub-Med\]](#)
21. Rantner B, Kollerits B, Anderwald-Stadler M, Klein-Weigel P, Gruber I, Gehring A, Haak M, Schnapka-Köpf M, Fraedrich G, Kronenberg F: Association between the UGT1A1 TA-repeat polymorphism and bilirubin concentrations in patients with intermittent claudication: results from the CAVASIC Study. ***Clinical Chemistry*** 54:851-857, 2008. [\[Pub-Med\]](#)
22. Pichler M, Kollerits B, Heid IM, Hunt SC, Adams TD, Hopkins PN, Kronenberg F: Association of the melanocortin-4 receptor V103I polymorphism with dietary intake in severely obese individuals. ***American Journal of Clinical Nutrition*** 88:797-800, 2008. [\[Pub-Med\]](#)
23. Ye S, Willeit J, Kronenberg F, Xu Q, Kiechl S: Association of genetic variation on chromosome 9p21 with susceptibility and progression of atherosclerosis. A population-based, prospective study. ***Journal of the American College of Cardiology*** 52:378-384, 2008. [\[Pub-Med\]](#)
24. Schoenborn V, Gohlke H, Heid IM, Illig T, Utermann G, Kronenberg F: Sample selection algorithm to improve quality of genotyping from plasma-derived DNA: to separate the wheat from the chaff. ***Human Mutation*** 28:1141-1149, 2007. [\[Pub-Med\]](#)
25. Schoenborn V\*, Heid IM\*, Vollmert C\*, Lingenhel A, Adams TD, Hopkins PN, Illig T, Zimmermann R, Zechner R, Hunt SC, Kronenberg F: The ATGL gene is associated with free fatty acids, triglycerides and type 2 diabetes. ***Diabetes*** 55:1270-1275, 2006. [\[Pub-Med\]](#)
26. Lin J-P, O'Donnell CJ, Schwaiger JP, Cupples A, Lingenhel A, Hunt SC, Yang S, Kronenberg F: Association between the UGT1A1\*28 allele, bilirubin levels, and coronary heart disease in the Framingham Heart Study. ***Circulation*** 114:1476-1481, 2006. [\[Pub-Med\]](#)

\* authors contributed equally