

## Sequencing & Genotyping Core Facility

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

Stv. Leitung: [Dr. Stefan Coassin](#)

[Ziele der Core Facility](#)

[Erfolgsrezept der Core Facility](#)

[Molekularbiologische Methoden](#)

[Computational Biology](#)

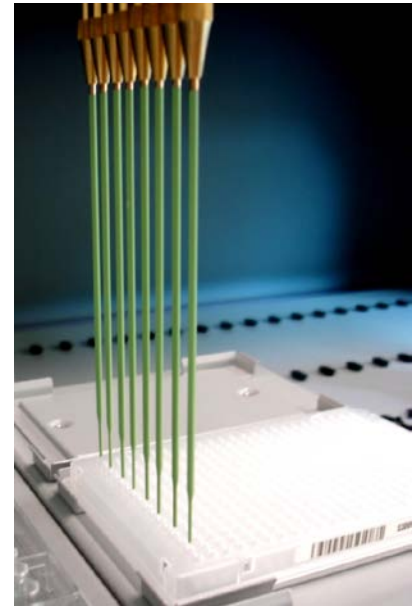
[Unterstützung bei Studiendesign und Statistik](#)

[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**

[\[top\]](#)

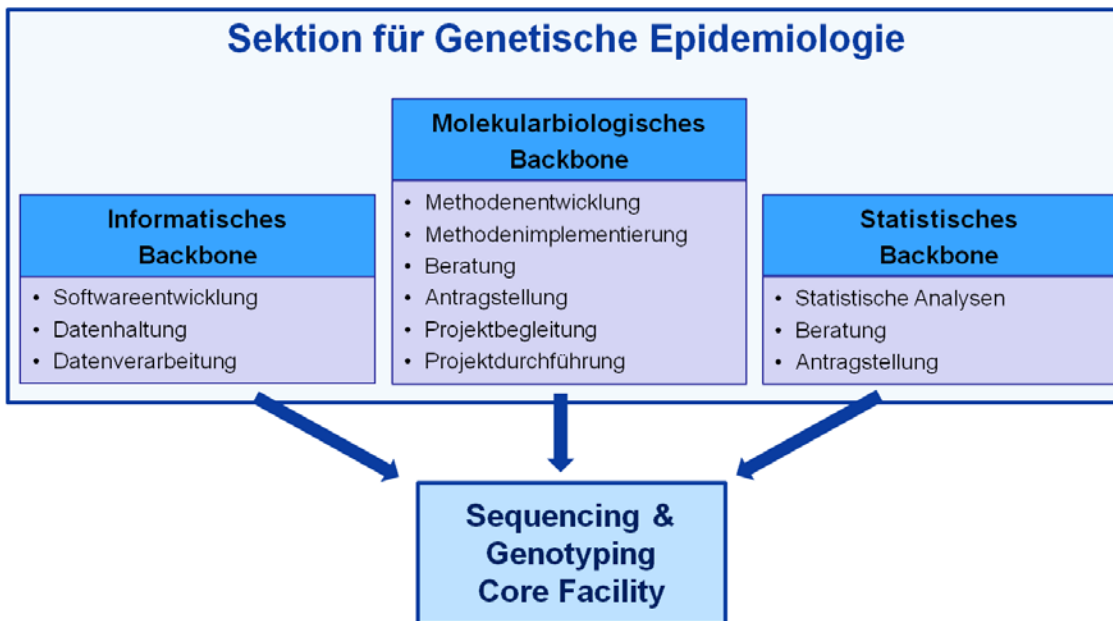
### Erfolgsrezept der Core Facility

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 Einrichtungen 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** der Sektion für Genetische Epidemiologie für die Core Facility zur Verfügung steht. Ziel ist es dabei, dass Nutzer nicht nur Geräte 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!**

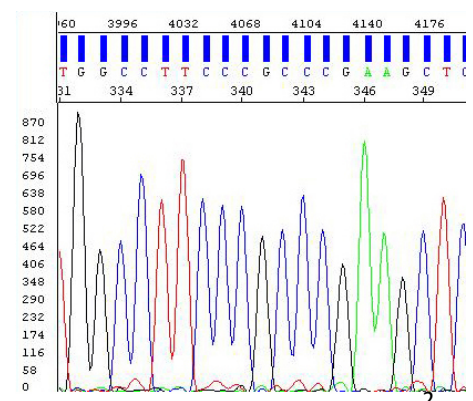


[\[top\]](#)

## Molekularbiologische Methoden

### Sanger-Sequenzieren

- Es stehen ein 16-Kapillarsequenzierer für mittleren Durchsatz und ein 48-Kapillarsequenzierer für höheren Durchsatz zur Verfügung
- Anwendungen:
  - DNA-Sequenzierungen
  - Hochdurchsatz-Sequenzieren im 384 well Format
  - Fragmentanalysen
- Angebotener Service:
  - Gerätenutzung
  - Durchführung der Sequenzierung / Fragmentanalyse
  - Beratung bei der Erstellung der Projektstrategie



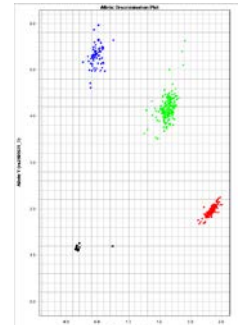
## Sequenzierung mitochondrialer DNA (mtDNA)

- Expertise in der Sequenzierung und Analyse von mtDNA in verschiedenen Geweben und Tumoren.
- Analyse und Qualitätskontrolle von mtDNA Next-Generation Sequencing Daten.
- Speziell entwickelte bioinformatische Lösungen zur Identifikation von Haplogruppen.



## Genotypisierungen mittels 7900HT Real-Time PCR System

- Verwendete Chemie: Taqman oder LGC KASP Assays (für schwierige Targets)
- Kostengünstige Anwendung durch 384-well Format
- Singleplex-Verfahren (1 SNP pro Analyse)
- Mittlerer Durchsatz auch für kleine bis mittelgroße Projekte (bis zu 4000 Genotypen pro Tag).



## Genotypisierungen mittels iPLEX Assays

- Agena (früher 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



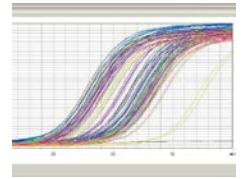
## Weitere Methoden an der Sequenom MassARRAY Plattform

- Folgende Methoden sind bei entsprechenden Fragestellungen implementierbar
  - Messung der DNA Methylierung an multiplen Positionen in einem Amplicon zum Screenen ganzer Regionen ([EpiTYPER](#))
  - Detektion und Quantifizierung von somatischen Mutationen sowohl als Custom designs als auch als fertige Panels ([OncoCarta](#), [OncoFocus](#), [LungCarta](#))
  - Ultrasensitive Detektion von sehr seltenen somatischen Mutationen (<1%) mittels Biotin-Streptavidin Capturing ([UltraSEEK](#))
  - Molecular Fingerprinting („Mass Fingerprinting“) von Pathogenen ([iSEQ](#))



## 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
  - Copy Number Variation
- Hilfestellung bei der Projektplanung
- Die Anwendung eines 384-well Formats erlaubt die schnelle und kostengünstige Messung von multiplen Targets selbst in großen Probenzahlen. Wenn nötig, stehen zum Pipettieren der Reaktionen unsere Pipettierroboter zur Verfügung.



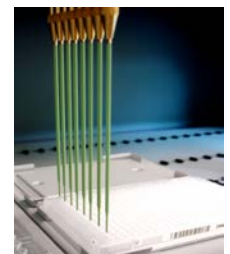
## Quantifizierung von DNA und RNA

- Für große Probenanzahlen steht ein Tecan Infinite M200 zur gleichzeitigen Messung von bis zu 96 Proben zur Verfügung
- Für wertvolle Samples erlauben unsere Spektrophotometer die Quantifizierung von DNA und Proteinen in Volumina von 1-2 µl:
  - NanoDrop ND-1000 Spectrophotometer: zur Messung von Einzelproben
  - Low volume Messungen am M200 mittels NanoQuant Platte zur gleichzeitigen Messung von 16 Samples



## 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
- Die Tecan Freedom EVO 150 erlauben dabei jeden der 8-Kanäle getrennt anzusteuern, um z.B. große Probensammlungen vollautomatisch zu transferieren und normalisieren. Selbst sehr komplexe Pipettierlayouts können von den Tecan Robotern problemlos abgearbeitet werden. Diese stehen sowohl zum Pipettieren von Proben als auch zum Pipettieren von Reagenzien für z.B. qPCR Anwendungen im 384 well Format zur Verfügung.



## Advanced Analytics Fragment Analyzer

- Sensitive DNA und RNA Fragmentanalyse und Qualitätskontrolle (bis zu <math><50 \text{ pg}/\mu\text{l}</math>).
- Zur Fragmentanalyse im Rahmen der Library-Erstellung für Next-Generation Sequencing Experimente
- Verwendet im Unterschied zu anderen vergleichbaren Systemen keine Chips.



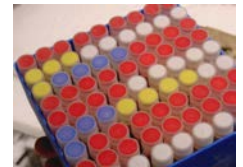
## DNA und RNA Extraktion mittels QIAGEN EZ1 advanced Biorobotic

- 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



## Biobanking

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



[\[top\]](#)

## Computational Biology

Aufgrund der täglichen Anforderungen hat sich an der Sektion für Genetische Epidemiologie eine informatische Arbeitsgruppe etabliert. Ziel der Arbeitsgruppe ist die Entwicklung von neuen Algorithmen und die Bereitstellung von Softwarelösungen. Der Fokus hierbei liegt hier speziell auf der Parallelisierung von NGS Daten und einem *Software as a Service* (SaaS)-Ansatzes. Ziel dieses Ansatzes ist es Wissenschaftlern standardisierte Workflows zur Verfügung zu stellen, um so reproduzierbare Wissenschaft zu gewährleisten. Die derzeit entwickelten Lösungen basieren auf dem in-house entwickelten Framework [Cloudgene](#) (eine Plattform zur Ausführung von Hadoop Algorithmen): So wird in einer Kooperation mit der University of Michigan, [Center for Statistical Genetics](#) die Entwicklung eines [Imputationsservers](#) vorangetrieben. Hierbei wurden bereits über 350.000 Vollgenome erfolgreich imputiert (Stand Feb 2015). Weiters stellt im Bereich von mtDNA der [mtDNA-Server](#) eine Möglichkeit bereit, NGS Daten in einem standardisierten Workflow zu analysieren und dabei essentielle Information bezüglich Kontamination, Heteroplasmien und Haplogruppen (mit Hilfe der in-house Software [Haplogrep](#)) zu detektieren. Details zu den einzelnen frei erhältlichen [Software-Lösungen](#) können hier gefunden werden.

Neben den bioinformatischen Lösungen wurde 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://genepicore.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 die wissenschaftliche Fragestellung, so entsteht eine wissenschaftliche Kooperation. Für wissenschaftliche Kooperationen erfolgt in der Regel ein Erstkontakt über [Dr. Stefan Coassin](#) oder [Univ.-Prof. Dr. Florian Kronenberg](#) zu dem geplanten Projekt unter Einbeziehung der technischen MitarbeiterInnen der Genetischen Epidemiologie.

Erstkontakt		
<b>Administration / Technik</b> <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>	<b>Routinenutzungen:</b> Gertraud Erhart Margot Haun <b>Wissenschaftliche Kooperationen:</b> Stefan Coassin Florian Kronenberg	<b>Spezialanwendungen</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Margot Haun (Sequenom Massarray)</li> <li>• Gertraud Erhart (mtDNA)</li> </ul>
<b>Kandidatengen-Sequenzierungen</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Gertraud Erhart</li> </ul>	<b>Genotypisierungen</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Margot Haun (Taqman, iPLEX)</li> </ul>	<b>Real-Time PCR</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Margot Haun</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 Beratung 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 eine 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>Dr. Stefan Coassin</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• E-mail: Stefan.Coassin@i-med.ac.at</li> <li>• Tel. 70576</li> <li>• Zuständig für: <ul style="list-style-type: none"> <li>○ Stellvertretende Leitung</li> <li>○ Wissenschaftliche Anfragen</li> <li>○ Kooperationen</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>○ <b>Einführung in die Nutzung der Core Facility</b></li> <li>○ Wartung und Kalibrierung der Geräte</li> <li>○ Online-Administration der Core Facility</li> <li>○ Kandidatengen-Sequenzierungen</li> <li>○ 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>○ Sequenom MassARRAY Plattform</li> <li>○ Genotypisierungen (Taqman und iPLEX)</li> <li>○ Real-Time PCR</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>	

[\[top\]](#)

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

1. Pechlaner R, Willeit P, [Summerer M](#), Santer P, Egger G, [Kronenberg E](#), Demetz E, Weiss G, Tsimikas S, Witztum JL, Willeit K, Iglseider B, Paulweber B, Kedenko L, [Haun M](#), Meisinger C, Gieger C, Muller-Nurasyid M, Peters A, Willeit J, Kiechl S: Heme oxygenase-1 gene promoter microsatellite polymorphism is associated with progressive atherosclerosis and incident cardiovascular disease. *Arterioscler. Thromb. Vasc. Biol.* 35:229-236, 2015. [\[Pub-Med\]](#)
2. Imboden M, Kumar A, Curjuristic I, Adam M, Thun GA, [Haun M](#), Tsai MY, Pons M, Bettschart R, Turk A, Rochat T, Kunzli N, Schindler C, [Kronenberg F](#), Probst-Hensch NM: Modification of the Association between PM and Lung Function Decline by Cadherin 13 Polymorphisms in the SAPALDIA Cohort: A Genome-Wide Interaction Analysis. *Environ. Health Perspect* (in press). [\[Pub-Med\]](#)
3. [Laschkolnig A](#), [Kollerits B](#), [Lamina C](#), Meisinger C, [Rantner B](#), Stadler M, Peters A, Koenig W, [Stöckl A](#), [Dähnhardt D](#), Böger CA, Krämer BK, Fraedrich G, Strauch K, [Kronenberg E](#): Lipoprotein(a) concentrations, apolipoprotein(a) phenotypes and peripheral arterial disease in three independent cohorts. *Cardiovascular Research* 103:28-36, 2014. [\[Pub-Med\]](#)
4. Broer L\*, [Raschenberger J\\*](#), Deelen J\*, Mangino M, Codd V, Pietilainen KH, Albrecht E, Amin N, Beekman M, de Craen AJ, Gieger C, Haun M, Henneman P, Herder C, Hovatta I, Laser A, Kedenko L, Koenig W, [Kollerits B](#), Moilanen E, Oostra BA, Paulweber B, Quaye L, Rissanen A, Roden M, Surakka I, Valdes AM, Vuolteenaho K, Thorand B, Van Dijk KW, Kaprio J, Spector TD, Slagboom PE, Samani NJ\*, [Kronenberg F\\*](#), Van Duijn CM\*, Ladwig KH\*: Association of adiponectin and leptin with relative telomere length in seven independent cohorts including 11,448 participants. *Eur. J. Epidemiol.* 29:629-638, 2014. [\[Pub-Med\]](#)
5. Willeit P\*, [Raschenberger J\\*](#), Heydon EE, Tsimikas S, [Haun M](#), Mayr A, Weger S, Witztum JL, Butterworth AS, Willeit J, [Kronenberg F](#), Kiechl S: Leucocyte Telomere Length and Risk of Type 2 Diabetes Mellitus: New Prospective Cohort Study and Literature-Based Meta-Analysis. *PLoS ONE.* 9:e112483, 2014. [\[Pub-Med\]](#)
6. Adam M, Imboden M, Boes E, Schaffner E, Kunzli N, Phuleria HC, [Kronenberg F](#), Gaspoz JM, Carballo D, Probst-Hensch N: Modifying Effect of a Common Polymorphism in the Interleukin-6 Promoter on the Relationship between Long-Term Exposure to Traffic-Related Particulate Matter and Heart Rate Variability. *PLoS ONE* 9:e104978, 2014. [\[Pub-Med\]](#)
7. [Lamina C](#), [Haun M](#), [Coassin S](#), [Kloss-Brandstatter A](#), Gieger C, Peters A, Gallert H, Strauch K, Meitinger T, Kedenko L, Paulweber B, [Kronenberg E](#): A systematic evaluation of short tandem repeats in lipid candidate genes: riding on the SNP-wave. *PLoS ONE* 9:e102113, 2014. [\[Pub-Med\]](#)
8. Pechlaner R, Kiechl S, Willeit P, Demetz E, [Haun M](#), Weger S, Oberhollenzer F, [Kronenberg F](#), Bonora E, Weiss G, Willeit J: Haptoglobin 2-2 genotype is not associated with cardiovascular risk in subjects with elevated glycohemoglobin-results from the Bruneck Study. *J. Am. Heart Assoc.* 3:e000732, 2014. [\[Pub-Med\]](#)
9. Curjuristic I, Imboden M, Adam M, Bettschart RW, Gerbase MW, Kunzli N, Rochat T, Rohrer L, Rothe TB, Schwartz J, Stolz D, Tschopp JM, von EA, [Kronenberg F](#), Probst-Hensch NM: Serum bilirubin is associated with lung function in a Swiss general population sample. *Eur. Respir. J.* 43:1278-1288, 2014. [\[Pub-Med\]](#)



10. Thun GA, Imboden M, Kunzli N, Rochat T, Keidel D, Haun M, Schindler C, [Kronenberg F](#), Probst-Hensch NM: Follow-up on genome-wide main effects: Do polymorphisms modify the air pollution effect on lung function decline in adults? *Environ. Int.* 64:110-115, 2014. [\[Pub-Med\]](#)
11. [Summerer M](#), Horst J, [Erhart G](#), [Weissensteiner H](#), [Schönherr S](#), [Pacher D](#), [Forer L](#), Horst D, Manhart A, Horst B, Sanguansermst T, [Kloss-Brandstätter A](#): Large-scale mitochondrial DNA analysis in Southeast Asia reveals evolutionary effects of cultural isolation in the multi-ethnic population of Myanmar. *BMC. Evol. Biol.* 14:17, 2014. [\[Pub-Med\]](#)
12. [Forer L](#), Lipic T, [Schönherr S](#), [Weissensteiner H](#), Davidovic D, [Kronenberg F](#), Afgan E: Delivering Bioinformatics MapReduce Applications in the Cloud. *Information and Communication Technology, Electronics and Microelectronics (MIPRO), 2014 37th International Convention* 373-377, 2014.
13. [Raschenberger J](#), [Kollerits B](#), Hammerer-Lercher A, Rantner B, Stadler M, [Haun M](#), Klein-Weigel P, Fraedrich G, [Kronenberg F](#): The association of relative telomere length with symptomatic peripheral arterial disease: Results from the CAVASIC Study. *Atherosclerosis* 229:469-474, 2013. [\[Pub-Med\]](#)
14. Dastani Z, Johnson T, [Kronenberg F](#), Nelson CP, Assimes TL, März W, CARDIoGRAM Consortium, ADIPOGen Consortium, Richards JB: The shared allelic architecture of adiponectin levels and coronary artery disease. *Atherosclerosis* 229:145-148, 2013. [\[Pub-Med\]](#)
15. Thun GA, Imboden M, Ferrarotti I, Kumar A, Obeidat M, Zorzetto M, [Haun M](#), Curjuric I, Couto AA, Jackson VE, Albrecht E, Ried JS, Teumer A, Lopez LM, Huffman JE, Enroth S, Bosse Y, Hao K, Timens W, Gyllensten U, Polasek O, Wilson JF, Rudan I, Hayward C, Sandford AJ, Deary IJ, Koch B, Reischl E, Schulz H, Hui J, James AL, Rochat T, Russi EW, Jarvelin MR, Strachan DP, Hall IP, Tobin MD, Dahl M, Fallgaard NS, Nordestgaard BG, [Kronenberg F](#), Luisetti M, Probst-Hensch NM: Causal and Synthetic Associations of Variants in the SERPINA Gene Cluster with Alpha1-antitrypsin Serum Levels. *PLoS. Genet.* 9:e1003585, 2013. [\[Pub-Med\]](#)
16. Weissensteiner H\*, Haun M\*, Schönherr S, Neuner M, Forer L, Specht G, Kloss-Brandstätter A, Kronenberg F, Coassin S: SNPflow: a lightweight application for the processing, storing and automatic quality checking of genotyping assays. *PLoS One.* 8: e59508, 2013. [\[Pub-Med\]](#)
17. Kiechl S, Wittmann J, Giaccari A, Knoflach M, Willeit P, Bozec A, Moschen AR, Muscogiuri G, Sorice GP, Kireva T, Summerer M, Wirtz S, Luther J, Mielenz D, Billmeier U, Egger G, Mayr A, Oberhollenzer F, Kronenberg F, Orthofer M, Penninger JM, Meigs JB, Bonora E, Tilg H, Willeit J, Schett G: Blockade of receptor activator of nuclear factor- $\kappa$ B (RANKL) signaling improves hepatic insulin resistance and prevents development of diabetes mellitus. *Nat. Med.* 19:358-363, 2013. [\[Pub-Med\]](#)
18. de Araujo ME, Erhart G, Buck K, Muller-Holzner E, Hubalek M, Fiegl H, Campa D, Canzian F, Eilber U, Chang-Claude J, Coassin S, Haun M, Kedenko L, Paulweber B, Reitsamer R, Himmel I, Flesch-Janys D, Lamina C, Kronenberg F, Huber LA, Kloss-Brandstätter A: Polymorphisms in the Gene Regions of the Adaptor Complex LAMTOR2/LAMTOR3 and Their Association with Breast Cancer Risk. *PLoS One.* 8:e53768, 2013. [\[Pub-Med\]](#)
19. Murabito JM\*, White CC\*, Kavousi M\*, Sun YY\*, Feitosa MF\*, Nambi V\*, [Lamina C\\*](#), Schillert A\*, [Coassin S](#), Bis JC, Broer L, Crawford DC, Franceschini N, Frikke-Schmidt R, [Haun M](#), Holeywijn S, Huffman JE, Hwang SJ, Kiechl S, Kollerits B, Montasser ME, Nolte IM, Rudock ME, Senft A, Teumer A, van der Harst P, Vitart V, Waite LL, Wood AR, Wassel CL, Absher DM, Allison MA, Amin N, Arnold A, Asselbergs FW, Aulchenko Y, Bandinelli S, Barbalic M, Boban M, Brown-Gentry K, Couper DJ, Criqui MH, Dehghan A, den HM, Dieplinger B, Ding J, Dorr M, Espinola-Klein C, Felix SB, Ferrucci L, Folsom AR, Fraedrich G, Gibson Q, Goodloe R, Gunjaca G, Haltmayer M, Heiss G, Hofman A, Kieback A, Kiemeny LA, Kolcic I, Kullo IJ, Kritchevsky SB, Lackner KJ, Li X, Lieb W, Lohman K, Meisinger C, Melzer D, Mohler ER, III, Mudnic I, Mueller T, Navis G, Oberhollenzer F, Olin JW, O'Connell J, O'Donnell CJ, Palmas W, Penninx BW, Petersmann A, Polasek O, Psaty BM, [Rantner B](#), Rice K, Rivadeneira F, Rotter JJ, Seldenrijk A, Stadler M, [Summerer M](#), Tanaka T, Tybjaerg-Hansen A, Uitterlinden AG, van Gilst WH, Vermeulen SH, Wild SH, Wild PS, Willeit J, Zeller T, Zemunik T, Zgaga L, Assimes TL, Blankenberg S, Boerwinkle E, Campbell H, Cooke JP, De GJ, Herrington D, Kardia SL, Mitchell BD, Murray A, Munzel T, Newman A, Oostra BA, Rudan I, Shuldiner AR, Snieder H, Van Duijn CM, Volker U, Wright AF, Wichmann HE, Wilson JF, Witteman JC, Liu Y\*, Hayward C\*, Borecki IB\*, Ziegler A\*, North KE\*, Cupples LA\*, [Kronenberg F\\*](#): Association Between Chromosome 9p21 Variants and the Ankle-Brachial Index Identified by a Meta-Analysis of 21 Genome-Wide Association Studies. *Circulation: Cardiovascular Genetics* 5:100-112, 2012. [\[Pub-Med\]](#)
20. [Kloss-Brandstätter A](#), [Erhart G](#), [Lamina C](#), Meister B, [Haun M](#), [Coassin S](#), Seifert M, Klein-Franke A, Paulweber B, Kedenko L, [Kollerits B](#), Swinkels DW, Vermeulen SH, Galesloot TE, [Kronenberg F](#), Weiss G: Candidate Gene Sequencing of SLC11A2 and TMPRSS6 in a Family with Severe Anaemia: Common SNPs, Rare Haplotypes, No Causative Mutation. *PLoS One.* 7:e35015, 2012. [\[Pub-Med\]](#)
21. Dastani Z\*, Hivert MF\*, Timpson N\*, Perry JR\*, Yuan X\*, Scott RA\*, Henneman P\*, Heid IM\*, Kizer JR\*, Lytikainen LP\*, Fuchsberger C\*, Tanaka T, Morris AP, Small K, Isaacs A, Beekman M, [Coassin S](#), Lohman K, Qi L, Kanoni S, Pankow JS, Uh HW, Wu Y, Bidulescu A, Rasmussen-Torvik LJ, Greenwood CM, Ladouceur M, Grimsby J, Manning AK, Liu CT, Koener J, Mooser VE, Vollenweider P, Kapur KA, Chambers J, Wareham NJ, Langenberg C, Frants R, Willems-Vandijk K, Oostra BA, Willems SM, [Lamina C](#), Winkler TW, Psaty BM, Tracy RP, Brody J, Chen I, Viikari J, Kahonen M, Pramstaller PP, Evans DM, St. Pourcain B, Sattar N, Wood AR, Bandinelli S, Carlson OD, Egan JM, Bohringer S, van Heemst D, Kedenko L, Kristiansson K, Nuotio ML, Loo BM, Harris T, Garcia M, Kanaya A, [Haun M](#), Klopp N, Wichmann HE, Deloukas P, Katsareli E, Couper DJ, Duncan BB, Kloppenburg M, Adair LS, Borja JB, Wilson JG, Musani S, Guo X, Johnson T, Semple R, Teslovich TM, Allison MA, Redline S, Buxbaum SG, Mohlke KL, Meulenberg I, Ballantyne CM, Dedoussis GV, Hu FB, Liu Y, Paulweber B, Spector TD, Slagboom PE, Ferrucci L, Jula A, Perola M, Raitakari O, Florez JC, Salomaa V\*, Eriksson JG\*, Frayling TM\*, Hicks AA\*, Lehtimäki T\*, Smith GD\*, Siscovick DS\*, [Kronenberg F\\*](#), van Duijn C\*, Loos RJ\*, Waterworth DM\*, Meigs JB\*, Dupuis J\*, Richards JB\*: Novel Loci for adiponectin levels and their influence on type 2 diabetes and metabolic traits: a multi-ethnic meta-analysis of 45,891 individuals. *PLoS. Genet.* 8:e1002607, 2012. [\[Pub-Med\]](#)
22. Wassel CL\*, [Lamina C\\*](#), Nambi V\*, [Coassin S\\*](#), Mukamal KJ\*, Ganesh SK, Jacobs DR, Jr., Franceschini N, Papanicolaou GJ, Gibson Q, Yanek LR, van der Harst P, Ferguson JF, Crawford DC, Waite LL, Allison MA, Criqui MH, McDermott MM, Mehra R, Cupples LA, Hwang SJ, Redline S, Kaplan RC, Heiss G, Rotter JJ, Boerwinkle E, Taylor HA, Eraso LH, Haun M, Li M, Meisinger C, O'Connell JR, Shuldiner AR, Tybjaerg-Hansen A, Frikke-Schmidt R, [Kollerits B](#), [Rantner B](#), Dieplinger B, [Stadler M](#), Mueller T, Haltmayer M, Klein-Weigel P, [Summerer M](#), Wichmann HE, Asselbergs FW, Navis G, Leach IM, Brown-Gentry K, Goodloe R, Assimes TL, Becker DM, Cooke JP, Absher DM, Olin JW, Mitchell BD, Reilly MP, Mohler ER III\*, North KE\*, Reiner AP\*, [Kronenberg F\\*](#), Murabito

- JM\*: Genetic determinants of the ankle-brachial index: A meta-analysis of a cardiovascular candidate gene 50K SNP panel in the candidate gene association resource (CARE) consortium. *Atherosclerosis* 222:138-147, 2012. [\[Pub-Med\]](#)
23. Schönherr S\*, Forer L\*, Weißensteiner H, Kronenberg F, Specht G, Kloss-Brandstätter A: Cloudgene: a graphical execution platform for MapReduce programs on private and public clouds. *BMC Bioinformatics* 13:200, 2012. [\[Pub-Med\]](#)
24. Kedenko L\*, Lamina C\*, Kiesslich T, Kapur K, Bergmann S, Waterworth D, Heid IM, Wichmann HE, Kedenko I, Kronenberg F\*, Paulweber B\*: Genetic Polymorphisms of the Main Transcription Factors for Adiponectin Gene Promoter in Regulation of Adiponectin Levels: Association Analysis in Three European Cohorts. *PLoS One*. 7:e52497, 2012. [\[Pub-Med\]](#)
25. Thun GA, Ferrarotti I, Imboden M, Rochat T, Gerbase M, Kronenberg F, Bridevaux P-O, Zemp E, Zorzetto M, Ottaviani S, Russi EW, Luisetti M, Probst-Hensch NM: *SERPINA1* P1Z and P1S heterozygotes and lung function decline in the SAPALDIA Cohort. *PLoS One* 7: e42728, 2012. [\[Pub-Med\]](#)
26. Curjuric I, Imboden M, Nadir R, Kumar A, Schindler C, Haun M, Kronenberg F, Kunzli N, Phuleria H, Postma DS, Russi EW, Rochat T, Demenais F, Probst-Hensch NM: Different genes interact with particulate matter and tobacco smoke exposure in affecting lung function decline in the general population. *PLoS One* 7:e40175, 2012. [\[Pub-Med\]](#)
27. Imboden M, Bouzigon E, Curjuric I, Ramasamy A, Kumar A, Hancock DB, Wilk JB, Vonk JM, Thun GA, Siroux V, Nadif R, Monier F, Gonzalez JR, Wjst M, Heinrich J, Loehr LR, Franceschini N, North KE, Altmuller J, Koppelman GH, Guerra S, Kronenberg F, Lathrop M, Moffatt MF, O'Connor GT, Strachan DP, Postma DS, London SJ, Schindler C, Kogevinas M, Kauffmann F, Jarvis DL, Demenais F, Probst-Hensch NM: Genome-wide association study of lung function decline in adults with and without asthma. *J. Allergy Clin. Immunol.* 129:1218-1228, 2012. [\[Pub-Med\]](#)
28. Pattaro C\*, Köttgen A\*, Teumer A\*, Garnaas M\*, Böger CA\*, Fuchsberger C, Olden M, Chen MH, Tin A, Taliun D, Li M, Gao X, Gorski M, Yang Q, Hundertmark C, Foster MC, O'Seaghdha CM, Glazer N, Isaacs A, Liu CT, Smith AV, O'Connell JR, Struchalin M, Tanaka T, Li G, Johnson AD, Gierman HJ, Feitosa M, Hwang SJ, Atkinson EJ, Lohman K, Cornelis MC, Johansson A, Tonjes A, Dehghan A, Chouraki V, Holliday EG, Sorice R, Kutalik Z, Lehtimäki T, Esko T, Deshmukh H, Ulivi S, Chu AY, Murgia F, Trompet S, Imboden M, Kollerits B, Pisticis B, Harris TB, Launer LJ, Aspelund T, Eiriksdottir G, Mitchell BD, Boerwinkle E, Schmidt H, Cavalieri M, Rao M, Hu FB, Demirkan A, Oostra BA, de Andrade M, Turner ST, Ding J, Andrews JS, Freedman BI, Koenig W, Illig T, Döring A, Wichmann HE, Kolcic I, Zemunik T, Boban M, Minelli C, Wheeler HE, Igl W, Zaboli G, Wild SH, Wright AF, Campbell H, Ellinghaus D, Nothlings U, Jacobs G, Biffar R, Endlich K, Ernst F, Homuth G, Kroemer HK, Nauck M, Stracke S, Volker U, Volzke H, Kovacs P, Stumvoll M, Magi R, Hofman A, Uitterlinden AG, Rivadeneira F, Aulchenko YS, Polasek O, Hastie N, Vitart V, Helmer C, Wang JJ, Ruggiero D, Bergmann S, Kahonen M, Viikari J, Nikopensius T, Province M, Ketkar S, Colhoun H, Doney A, Robino A, Giulianini F, Kramer BK, Portas L, Ford I, Buckley BM, Adam M, Thun GA, Paulweber B, Haun M, Sala C, Metzger M, Mitchell P, Ciullo M, Kim SK, Vollenweider P, Raitakari O, Metspalu A, Palmer C, Gasparini P, Pirastu M, Jukema JW, Probst-Hensch NM, Kronenberg F, Toniolo D, Gudnason V, Shuldiner AR, Coresh J, Schmidt R, Ferrucci L, Siscovick DS, Van Duijn CM, Borecki I, Kardia SL, Liu Y, Curhan GC, Rudan I, Gyllenstein U, Wilson JF, Franke A, Pramstaller PP, Rettig R, Prokopenko I, Witteman JC, Hayward C, Ridker P, Parsa A, Bochud M, Heid IM, Goessling W, Chasman DI, Kao WH, Fox CS: Genome-wide association and functional follow-up reveals new Loci for kidney function. *PLoS Genet.* 8:e1002584, 2012. [\[Pub-Med\]](#)
29. 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. [\[Pub-Med\]](#)
30. 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, Kivimäki 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* 217:447-451, 2011. [\[Pub-Med\]](#)
31. 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. [\[Pub-Med\]](#)
32. 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 JJ, 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. [\[Pub-Med\]](#)
33. Jacquemont S, Reymond A, Zufferey F, Harewood L, Walters RG, Kutalik Z, Martinet D, Shen Y, Valsesia A, Beckmann ND, Thorleifsson G, Belfiore M, Bouquillon S, Campion D, de LN, de Vries BB, Esko T, Fernandez BA, Fernandez-Aranda F, Fernandez-Real JM, Gratacos M, Guilmatre A, Hoyer J, Jarvelin MR, Frank KR, Kurg A, Le CC, Mannik K, Platt OS, Sanlaville D, Van Haelst MM, Villatoro GS, Walha F, Wu BL, Yu Y, Aboura A, Addor MC, Alembik Y, Antonarakis SE, Arveiler B, Barth M, Bednarek N, Bena F, Bergmann S, Beri M, Bernardini L, Blaumeiser B, Bonneau D, Bottani A, Boute O, Brunner HG, Cailley D, Callier P, Chiesa J, Chrast J, Coin L, Coutton C, Cuisset JM, Cuvellier JC, David A, de FB, Delobel B, Delrue MA, Demeer B, Descamps D, Didelot G, Dieterich K, Disciglio V, Doco-Fenzy M, Drunat S, Duban-Bedu B, Dubourg C, El-Sayed Moustafa JS, Elliott P, Faas BH, Faivre L, Faudet A, Fellmann F, Ferrarini A, Fisher R, Flori E, Forer L, Gaillard D, Gerard M, Gieger C, Gimelli S, Gimelli G, Grabe HJ, Guichet A, Guillin O, Hartikainen AL, Heron D, Hippolyte L, Holder M, Homuth G, Isidor B, Jaillard S, Jaros Z, Jimenez-Murcia S, Joly HG, Jonveaux P, Kaksonen S, Keren B, Kloss-Brandstätter A, Knoers NV, Koolen DA, Kroisel PM, Kronenberg F, Labalme A, Landais E, Lapi E, Layet V, Legallie S, Leheup B, Leube B, Lewis S, Lucas J, Macdermot KD, Magnusson P, Marshall C, Mathieu-Dramard M, McCarthy MI, Meitinger T, Antonietta MM, Merla G, Moerman A, Mooser V, Morice-Picard F, Mucciolo M, Nauck M, Coumba NN, Nordgren A, Pasquier L, Petit F, Pfundt R, Plessis G, Rajcan-Separovic E, Paolo RG, Rauch A, Ravazzolo R, Reis A, Renieri A, Richart C, Ried JS, Rieubland C, Roberts W, Roetzer KM, Rooryck C, Rossi M, Saemundsen E, Satre V, Schurmann C, Sigurdsson E, Stavropoulos DJ, Stefansson H, Tengstrom C, Thorsteinsdottir U, Tinahones FJ, Touraine R, Vallee L, van BE, Van

- der Aa N, Vincent-Delorme C, Visvikis-Siest S, Vollenweider P, Volzke H, Vulto-van Silfhout AT, Waeber G, Wallgren-Pettersson C, Witwicki RM, Zwolinski S, Andrieux J, Estivill X, Gusella JF, Gustafsson O, Metspalu A, Scherer SW, Stefansson K, Blakemore AI, Beckmann JS, Froguel P: Mirror extreme BMI phenotypes associated with gene dosage at the chromosome 16p11.2 locus. *Nature* 478:97-102, 2011. [\[Pub-Med\]](#)
34. Böger CA, Gorski M, Li M, Hoffmann MM, Huang C, Yang Q, Teumer A, Krane V, O'Seaghdha CM, Kutalik Z, Wichmann HE, Haak T, [Boes E](#), [Coassin S](#), Coresh J, [Kollerits B](#), [Haun M](#), Paulweber B, Kottgen A, Li G, Shlipak MG, Powe N, Hwang SJ, Dehghan A, Rivadeneira F, Uitterlinden A, Hofman A, Beckmann JS, Kramer BK, Witteman J, Bochud M, Siscovick D, Rettig R, [Kronenberg F](#), Wanner C, Thadhani RI, Heid IM, Fox CS, Kao WH: Association of eGFR-Related Loci Identified by GWAS with Incident CKD and ESRD. *PLoS Genetics* 7:e1002292, 2011. [\[Pub-Med\]](#)
35. Soler Artigas M, Loth DW, Wain LV, Gharib SA, Obeidat M, Tang W, Zhai G, Zhao JH, Smith AV, Huffman JE, Albrecht E, Jackson CM, Evans DM, Cadby G, Fornage M, Manichaikul A, Lopez LM, Johnson T, Aldrich MC, Aspelund T, Barroso I, Campbell H, Cassano PA, Couper DJ, Eiriksdottir G, Franceschini N, Garcia M, Gieger C, Gislason GK, Grkovic I, Hammond CJ, Hancock DB, Harris TB, Ramasamy A, Heckbert SR, Heliovaara M, Homuth G, Hysi PG, James AL, Jankovic S, Joubert BR, Karrasch S, Klopp N, Koch B, Kritchevsky SB, Launer LJ, Liu Y, Loehr LR, Lohman K, Loos RJ, Lumley T, Al Balushi KA, Ang WQ, Barr RG, Beilby J, Blakey JD, Boban M, Boraska V, Brisman J, Britton JR, Brusselle GG, Cooper C, Curjuric I, Dahgam S, Deary IJ, Ebrahim S, Eijgelsheim M, Francks C, Gaysina D, Granell R, Gu X, Hankinson JL, Hardy R, Harris SE, Henderson J, Henry A, Hingorani AD, Hofman A, Holt PG, Hui J, Hunter ML, Imboden M, Jameson KA, Kerr SM, Kolcic I, [Kronenberg F](#), Liu JZ, Marchini J, McKeever T, Morris AD, Olin AC, Porteous DJ, Postma DS, Rich SS, Ring SM, Rivadeneira F, Rochat T, Sayer AA, Sayers I, Sly PD, Smith GD, Sood A, Starr JM, Uitterlinden AG, Vonk JM, Wannamethee SG, Whincup PH, Wijmenga C, Williams OD, Wong A, Mangino M, Marciante KD, McArdle WL, Meibohm B, Morrison AC, North KE, Omenaas E, Palmer LJ, Pietilainen KH, Pin I, Pola Sbreve EO, Pouta A, Psaty BM, Hartikainen AL, Rantanen T, Ripatti S, Rotter JJ, Rudan I, Rudnicka AR, Schulz H, Shin SY, Spector TD, Surakka I, Vitart V, Volzke H, Wareham NJ, Warrington NM, Wichmann HE, Wild SH, Wilk JB, Wjst M, Wright AF, Zgaga L, Zemunik T, Pennell CE, Nyberg F, Kuh D, Holloway JW, Boezen HM, Lawlor DA, Morris RW, Probst-Hensch N, Kaprio J, Wilson JF, Hayward C, Kahonen M, Heinrich J, Musk AW, Jarvis DL, Glaser S, Jarvelin MR, Ch Stricker BH, Elliott P, O'Connor GT, Strachan DP, London SJ, Hall IP, Gudnason V, Tobin MD: Genome-wide association and large-scale follow up identifies 16 new loci influencing lung function. *Nature Genetics* 43:1082-1090, 2011. [\[Pub-Med\]](#)
36. Massoner P, Ladurner RM, Heidegger I, [Kloss-Brandstätter A](#), [Summerer M](#), Reichhart E, Schafer G, Klocker H: Expression of the IGF Axis Is Decreased in Local Prostate Cancer but Enhanced after Benign Prostate Epithelial Differentiation and TGF-beta Treatment. *American Journal of Pathology* 179:2905-2919, 2011. [\[Pub-Med\]](#)
37. [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. [\[Pub-Med\]](#)
38. [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. [\[Pub-Med\]](#)
39. 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. [\[Pub-Med\]](#)
40. 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. [\[Pub-Med\]](#)
41. [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. [\[Pub-Med\]](#)
42. 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. [\[Pub-Med\]](#)
43. Kottgen 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 F](#), Tönjes A, Hayward C, Aspelund T, Eiriksdottir G, Launer L, Harris TB, Rappaport 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, Zabolni 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, Kardia 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. [\[Pub-Med\]](#)
44. 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 F](#), 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. [\[Pub-Med\]](#)
45. [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. [\[Pub-Med\]](#)

46. [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. [\[Pub-Med\]](#)
47. 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. [\[Pub-Med\]](#)
48. Heid IM, [Boes E](#), Müller AM, [Kollerits B](#), Lamina C, [Coassin S](#), Gieger C, Döring A, Klopp N, Frikke-Schmidt R, Tybjærg-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. [\[Pub-Med\]](#)
49. Döring A\*, Gieger C\*, Mehta D, Gohlke H, Prokisch H, [Coassin S](#), Fischer G, Henke K, Klopp N, [Kronenberg F](#), Paulweber B, Pfeufer A, Roszkopf 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. [\[Pub-Med\]](#)
50. [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. [\[Pub-Med\]](#)
51. Heid IM, [Boes E](#), Müller AM, [Kollerits B](#), Lamina C, [Coassin S](#), Gieger C, Döring A, Klopp N, Frikke-Schmidt R, Tybjærg-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. [\[Pub-Med\]](#)
52. [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. [\[Pub-Med\]](#)
53. [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. [\[Pub-Med\]](#)
54. [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. [\[Pub-Med\]](#)
55. 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. [\[Pub-Med\]](#)
56. [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. [\[Pub-Med\]](#)
57. [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. [\[Pub-Med\]](#)
58. 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