



Jochen H Weishaupt

Kontakt

Jochen H Weishaupt

Publikationen (11)

Megat S, Mora N, Sanogo J, Roman O, Catanese A, Alami N, Freischmidt A, Mingaj X, De Calbiac H, Muratet F, Dirrig-Grosch S, Dieterle S, Van Bakel N, Müller K, Sieverding K, Weishaupt J, Andersen P, Weber M, Neuwirth C, Margelisch M, Sommacal A, van Eijk K, Veldink J, PROJECT MINE ALS SEQUENCING CONSORTIUM, Lautrette G, Couratier P, Camuzat A, Le Ber I, Grassano M, Chio A, Boeckers T, Ludolph A, Roselli F, Yilmazer-Hanke D, Millecamps S, Kabashi E, Storkebaum E, Sellier C, Dupuis L. Author Correction: Integrative genetic analysis illuminates ALS heritability and identifies risk genes. *Nat Commun* 2023; 14:8026.

Megat S, Mora N, Sanogo J, Roman O, Catanese A, Alami N, Freischmidt A, Mingaj X, De Calbiac H, Muratet F, Dirrig-Grosch S, Dieterle S, Van Bakel N, Müller K, Sieverding K, Weishaupt J, Andersen P, Weber M, Neuwirth C, Margelisch M, Sommacal A, van Eijk K, Veldink J, PROJECT MINE ALS SEQUENCING CONSORTIUM, Lautrette G, Couratier P, Camuzat A, Le Ber I, Grassano M, Chio A, Boeckers T, Ludolph A, Roselli F, Yilmazer-Hanke D, Millecamps S, Kabashi E, Storkebaum E, Sellier C, Dupuis L. Integrative genetic analysis illuminates ALS heritability and identifies risk genes. *Nat Commun* 2023; 14:342.

van Rheenen W, van der Spek R, Bakker M, Van Vugt J, Hop P, Zwamborn R, de Klein N, Westra H, Bakker O, Deelen P, Shireby G, Hannon E, Moisse M, Baird D, Restuadi R, Dolzhenko E, Dekker A, Gawor K, Westeneng H, Tazelaar G, van Eijk K, Kooyman M, Byrne R, Doherty M, Heverin M, Al Khleifat A, Iacoangeli A, Shatunov A, Ticozzi N, Cooper-Knock J, Smith B, Gromicho M, Chandran S, Pal S, Morrison K, Shaw P, Hardy J, Orrell R, Sendtner M, Meyer T, Başak N, van der Kooi A, Ratti A, Fogh I, Gellera C, Lauria G, Corti S, Cereda C, Sproviero D, D'Alfonso S, Sorarù G, Siciliano G, Filosto M, Padovani A, Chio A, Calvo A, Moglia C, Brunetti M, Canosa A, Grassano M, Beghi E, Pupillo E, Logroscino G, Nefussy B, Osmanovic A, Nordin A, Lerner Y, Zabari M, Gotkine M, Baloh R, Bell S, Vourc'h P, Corcia P, Couratier P, Millecamps S, Meininger V, Salachas F, Mora Pardina J, Assialioui A, Rojas-García R, Dion P, Ross J, Ludolph A, Weishaupt J, Brenner D, Freischmidt A, Bensimon G, Brice A, Dürr A, Payan C, Saker-Delye S, Wood N, Topp S, Rademakers R, Tittmann L, Lieb W, Franke A, Ripke S, Braun A, Kraft J, Whiteman D, Olsen C, Uitterlinden A, Hofman A, Rietschel M, Cichon S, Nöthen M, Amouyel P, SLALOM Consortium, PARALS Consortium, SLAGEN Consortium, SLAP Consortium, Traynor B, Singleton A, Mitne Neto M, Cauchi R, Ophoff R, Wiedau-Pazos M, Lomen-Hoerth C, Van Deerlin V, Grosskreutz J, Roediger A, Gaur N, Jörk A, Barthel T, Theele E, Ilse B, Stubendorff B, Witte O, Steinbach R, Hübner C, Graff C, Brylev L, Fominykh V, Demeshonok V, Ataulina A, Rogelj B, Koritnik B, Zidar J, Ravnik-Glavač M, Glavač D, Stević Z, Drory V, Povedano M, Blair I, Kiernan M, Benyamin B, Henderson R, Furlong S, Mathers S, McCombe P, Needham M, Ngo S, Nicholson G, Pamphlett R, Rowe D, Steyn F, Williams K, Mather K, Sachdev P, Henders A, Wallace L, de Carvalho M, Pinto S, Petri S, Weber M, Rouleau G, Silani V, Curtis C, Breen G, Glass J, Brown R, Landers J, Shaw C, Andersen P, Groen E, van Es M, Pasterkamp R, Fan D, Garton F, McRae A, Davey Smith G, Gaunt T, Eberle M, Mill J, McLaughlin R, Hardiman O, Kenna K, Wray N, Tsai E, Runz H, Franke L, Al-Chalabi A, Van Damme P, van den Berg L, Veldink J. Author Correction: Common and rare variant association analyses in amyotrophic lateral sclerosis identify 15 risk loci with distinct genetic architectures and neuron-specific biology. *Nat Genet* 2022; 54:361.

van Rheenen W, van der Spek R, Bakker M, Farei-Campagna J, Hop P, Zwamborn R, de Klein N, Westra H, Bakker O, Deelen P, Shireby G, Hannon E, Moisse M, Baird D, Restuadi R, Dolzhenko E, Dekker A, Gawor K, Westeneng H, Tazelaar G, van Eijk K, Kooyman M, Byrne R, Doherty M, Heverin M, Al Khleifat A, Iacoangeli A, Shatunov A, Ticozzi N, Cooper-Knock J, Smith B, Gromicho M, Chandran S, Pal S, Morrison K, Openshaw P, Hardy J, Orrell R, Sendtner M, Meyer T, Başak N, van der Kooi A, Ratti A, Fogh I, Gellera C, Lauria G, Corti S, Cereda C, Sproviero D, D'Alfonso S, Sorarù G, Siciliano G, Filosto M, Padovani A, Chio A, Calvo A, Moglia C, Brunetti M, Canosa A, Grassano M, Beghi E, Pupillo E, Logroscino G, Nefussy B, Osmanovic A, Nordin A, Lerner Y, Zabari M, Gotkine M, Baloh R, Bell S, Vourc'h P, Corcia P, Couratier P, Millecamps S, Meininger V, Salachas F, Mora J, Assialioui A, Rojas-García R, Dion P, Ross J, Ludolph A, Weishaupt J, Brenner D, Freischmidt A, Bensimon G, Brice A, Dürr A, Payan C, Saker-Delye S, Wood N, Topp S, Rademakers R, Tittmann L, Lieb W, Klein-Franke A, Ripke S, Braun A, Kraft J, Whiteman D, Olsen C, Uitterlinden A, Hofman A, Rietschel M, Cichon S, Nöthen M, Amouyel P, SLALOM Consortium, PARALS Consortium, SLAGEN Consortium, SLAP Consortium, Traynor B, Singleton A, Mitne Neto M, Cauchi R, Ophoff R, Wiedau-Pazos M, Lomen-Hoerth C, Van Deerlin V, Grosskreutz J, Roediger A, Gaur N, Jörk A, Barthel T, Theele E, Ilse B, Stubendorff B, Witte O, Steinbach R, Hübner C, Graff C, Brylev L, Fominykh V, Demeshonok V, Ataulina A, Rogelj B, Koritnik B, Zidar J, Ravnik-Glavač M, Glavač D, Stević Z, Drory V, Povedano M, Blair I, Kiernan M, Benyamin B, Henderson R, Furlong S, Mathers S, McCombe P, Needham M, Ngo S, Nicholson G, Pamphlett R, Rowe D, Steyn F, Williams K, Mather K, Sachdev P, Henders A, Wallace L, de Carvalho M, Pinto S, Petri S, Weber M, Rouleau G, Silani V, Curtis C, Breen G, Glass J, Brown R, Landers J, Shaw C, Andersen P, Groen E, van Es M, Pasterkamp R, Fan D, Garton F, McRae A, Davey Smith G, Gaunt T, Eberle M, Mill J, McLaughlin R, Hardiman O, Kenna K, Wray N, Tsai E, Runz H, Franke L, Al-Chalabi A, Van Damme P, van den Berg L, Veldink J. Common and rare variant association analyses in amyotrophic lateral sclerosis identify 15 risk loci with distinct genetic architectures and neuron-specific biology. *Nat Genet* 2021; 53:1636-1648.

German ALS network MND-NET, Weis J, Dorst J, Volk A, Borck G, Sperfeld A, de Carvalho M, Klopstock T, Sendtner M, Otto M, Schuster J, Weishaupt J, Andersen P, Ludolph A, Meitinger T, Freischmidt A, Danzer K, Braak H, Del Tredici K, Jablonka S, Kubisch C, Zeller D, Weydt P, Grosskreutz J, Meyer T, Petri S, Grehl T, Müller K, Yilmaz R, Rosenbohm A, Ruf W, Neuwirth C, Hübers A, Günther K, Knehr A, Jordan B, Schrank B, Claeys K, Pinto S, Weber M, Brenner D. Reply: Adult-onset distal spinal muscular atrophy: a new phenotype associated with KIF5A mutations. *Brain* 2019; 142:e67.

Weishaupt J, Weis J, Dorst J, Volk A, Borck G, Sperfeld A, de Carvalho M, Klopstock T, Sendtner M, Otto M, Schuster J, Andersen P, Ludolph A, Strom T, Meitinger T, Freischmidt A, Danzer K, Braak H, Del Tredici K, Jablonka S, Kubisch C, German ALS network MND-NET, Ruf W, Weydt P, Grosskreutz J, Meyer T, Petri S, Grehl T, Müller K, Yilmaz R, Neuwirth C, Weber M, Zeller D, Hübers A, Günther K, Knehr A, Jordan B, Schrank B, Claeys K, Pinto S, Brenner D. Hot-spot KIF5A mutations cause familial ALS. *Brain* 2018

Nordin A, Burkhardt C, Neuwirth C, Holmøy T, Morita M, Tysnes O, Benatar M, Wu J, Lange D, Bisgård C, Asgari N, Tarvainen I, Brännström T, Weber M, Schweikert K, Grehl T, Akimoto C, Wuolikainen A, Alstermark H, Forsberg K, Baumann P, Pinto S, de Carvalho M, Hübers A, Nordin F, Ludolph A, Weishaupt J, Meyer T, Andersen P. Sequence variations in C9orf72 downstream of the hexanucleotide repeat region and its effect on repeat-primed PCR interpretation: a large multinational screening study. *Amyotroph Lateral Scler Frontotemporal Degener* 2016; 18:256-264.

Zhang K, Arcuti S, Brunetti M, Moglia C, Calvo A, Ratti A, Tiloca C, Gellera C, Pensato V, Mazzini L, Capozzo R, Zecca C, Blair I, Stuit R, Muller B, Filosto M, Padovani A, Riva N, Penco S, Lunetta C, Sorarù G, Bertolin C, Blauw H, Curtis C, Hofman A, Estrada K, Rivadeneira F, Uitterlinden A, Dartigues J, Tzourio C, Amouyel P, van der Kooij A, de Visser M, D'Alfonso S, Comi G, Del Bo R, Cereda C, Pansarasa O, Smith B, Shaw C, Weber M, Goris A, Nöthen M, McCann E, Veldink J, Corcia P, Andersen P, Hardiman O, Landers J, Glass J, Brown R, Pers T, Franke L, Van Damme P, Vourc'h P, Silani V, van den Berg L, Al-Chalabi A, Breen G, Lewis C, Pasterkamp R, van Es M, de Bakker P, Visscher P, Wray N, Robberecht W, Weishaupt J, Stubendorff B, Prell T, Ringer T, Witte O, Grosskreutz J, Kiernan M, Pamphlett R, Rowe D, Nicholson G, Kurth I, Hübner C, Ludolph A, Powell J, Logroscino G, Tortelli R, Pupillo E, Beghi E, Chio A, Casale F, Leigh P, Fifita J, Chandran S, Koritnik B, Ravnik-Glavač M, Vrabec K, Rogelj B, Lin K, Ticozzi N, Vajda A, Menelaou A, Medic J, Zidar J, Leonardis L, Polak M, Rojas-García R, Mora J, Pinto S, de Carvalho M, Meininger V, Salachas F, Millecamps S, Grošelj L, Brands W, Schellevis R, Robinson M, de Jong S, Vösa U, van der Spek R, Pulit S, Diekstra F, McLaughlin R, Dekker A, Shatunov A, Yang J, Fogh I, Harschnitz O, van Eijk K, Kenna K, Jones A, Sproviero W, Blokhuis A, Koppers M, Tazelaar G, van Doormaal P, van Rheenen W, Colville S, Cichon S, Maurel C, Andres C, Radivojkov-Blagojevic M, Lichtner P, Meitinger T, Parman Y, Hamzeiy H, Tunca C, Basak A, Bensimon G, Landwehrmeyer B, Rietschel M, Franke A, Lieb W, Tittmann L, Wood N, Dürr A, Saker-Delye S, Payan C, Brice A, McCluskey L, Elman L, Topp S, Malaspina A, Fratta P, Sidle K, Pittman A, Orrell R, Hardy J, Shaw P, Morrison K, Petri S, Abdulla S, Trojanowski J, Van Deerlin V, Lomen-Hoerth C, Wiedau-Pazos M, Staats K, Ophoff R, Meyer T, Sendtner M, Drepper C, Swingle R. Genome-wide association analyses identify new risk variants and the genetic architecture of amyotrophic lateral sclerosis. *Nat Genet* 2016; 48:1043-8.

Brenner D, Danzer K, Volk A, Meitinger T, Strom T, Otto M, Kassubek J, Ludolph A, Andersen P, Wahlqvist M, Borck G, Müller K, Wieland T, Weydt P, Böhm S, Lule D, Hübers A, Neuwirth C, Weber M, Weishaupt J. NEK1 mutations in familial amyotrophic lateral sclerosis. *Brain* 2016

Diekstra F, Meininger V, Shatunov A, Shaw C, Leigh P, Shaw P, Morrison K, Fogh I, Chio A, Traynor B, Czell D, Weber M, Heutink P, de Bakker P, Silani V, Robberecht W, van den Berg L, Melki J, Van Damme P, Van Deerlin V, van Swieten J, Al-Chalabi A, Ludolph A, Weishaupt J, Hardiman O, Landers J, Brown R, van Es M, Pasterkamp R, Koppers M, Andersen P, Estrada K, Rivadeneira F, Hofman A, Uitterlinden A, Veldink J. C9orf72 and UNC13A are shared risk loci for amyotrophic lateral sclerosis and frontotemporal dementia: a genome-wide meta-analysis. *Ann Neurol* 2014; 76:120-33.

Rosenbohm A, Ludolph A, Weishaupt J, Andersen P, Weber M, Huppertz H, Kubisch C, Volk A, Marroquin N, Weydt P, Kassubek J, ALS Schwaben Register Group. Can lesions to the motor cortex induce amyotrophic lateral sclerosis?. *J Neurol* 2013; 261:283-90.

Projekte (0)

Keine Resultate gefunden.

Kantonsspital St.Gallen

Rorschacher Strasse 95

CH-9007 St.Gallen

T: +41 71 494 11 11

support.forschung@kssg.ch