

Genetiske og molekulære markører for sund aldring og lang levetid

Gruppeledere Jonas Mengel-From og Qihua Tan

Gruppens kerneforskningsområder

Genetik-gruppen er en del af forskningsenheden for Epidemiologi, Biostatistik og Biodemografi (EBB) ved Det Sundhedsvidenskabelige Fakultet. Vi arbejder overordnet set med at undersøge genetiske og molekulære mekanismer, der har betydning for hvor længe og hvor godt, vi lever. Som primært fokusområde har vi den sunde aldring, karakteriseret ved et langt liv med et godt fysisk og mentalt helbred. Vores forskning foregår i høj grad i samarbejde med forskere fra vores egen enhed og fra andre forskningsenheder på SDU samt med nationale og internationale samarbejdspartnere.

Blandt nogle af de emner, vi forsker i, er:

- * Gener involveret i blandt andet Alzheimers har vist sig at være involveret i, hvor længe vi lever og for variationen i den mentale funktionsevne blandt ældre. Studier fra gruppen har blandt andet vist, at en bestemt variant af APOE-genet også i danskere er associeret med forkortet levetid og en ringere mental funktion.
- * Den epigenetiske profil ændres med alderen og har betydning for levetiden. Et eksempel er DNA methyleringsalder, som er en biomarkør for biologisk alder. Studier fra gruppen har blandt andet vist, at methyleringsalderen i danskere er associeret med øget dødelighed, når den er højere end den kronologiske alder. Et andet eksempel er den normale mosaik-tilstand af X-inaktivering, der er unik for kvinder. Her har gruppen som de første vist, at graden af skævhed i X-inaktivering har betydning for livslængden.
- * Cellernes energifabrik, mitokondrierne, ændres med alderen. Studier fra gruppen har været først til at vise, at antallet af mitokondrie-DNA kopier har betydning for, hvor længe man lever. Desuden har det betydning for variationen i både fysisk og mental funktion.
- * Evnen til at reparere skader på DNA'et forringes med alderen. En følge af dette kan være et øget antal copy number variationer (CNV'er), hvor dele af genomet findes i flere eller færre kopier end de normale to. Studier fra gruppen har blandt andet vist, at et øget antal CNV'er har betydning for dødelighed blandt de allerældste danskere.

Vi råder over en hel del omics-datasæt (genetiske, epigenetiske og genekspressions-datasæt), hvilket betyder, at mange af vores projekter omhandler biostatistisk og bioinformatisk analyse af eksisterende data, om end vi også har projekter, der involverer laboratoriearbejde.

I vores forskning bruger vi biologisk materiale, primært blod, fra de større og mindre undersøgelser af ældre danskere og tvillinger, der gennemføres ved EBB.

Vi anvender en bred vifte af genetiske metoder og teknikker:

- Genome-wide associations-studier af genetiske data (GWAS), DNA methylerings-data (EWAS) og genekspressions-data (TWAS)
- Genome-wide studier af copy number variationer (CNV'er)
- Identifikation af DNA-varianter i kandidat-gener og -pathways med qPCR
- Identifikation af mitokondrie-DNA-forskelle med qPCR
- DNA-sekventering
- Analyse af X-inaktivering med fragment-analyse
- miRNA-analyser

Tidligere studerende i gruppen har alle arbejdet med nogle af disse metoder og teknikker, og nogle har også været involveret i udviklingsprojekter med fokus på inddragelse af nye genetiske, epigenetiske og molekulære metoder, lige som vi har haft samarbejde med andre grupper omkring studier i forskellige dyremodeller.



Er du interesseret i at skrive projekt i gruppen, så kontakt :
jmengel-from@health.sdu.dk eller
qtan@health.sdu.dk

