

## Fra medisinsk genetikk

*Michael 2008;5:368.*

Professor Dag Undlien, Institutt for medisinsk genetikk på Ullevål sykehus forklarte om de muligheter som teknologiske fremskritt med hensyn til sterkt øket kapasitet og senket pris på sekvenseringsfronten ga i form av såkalt SNP (single nucleotid polymorphisms). Det vil si at man kan følge genforandringer som ikke behøver å være annet enn markører for interessante genområder hos en rekke individer med en og samme sykdom eller tilstand.

Et nytt område som sikkert vil vise seg fruktbart i kartleggingen av store folkesykdommer, er ikke bare strukturell variasjon, men også variasjon i antallet av kopier at en enkelt gensekvens. Siden man til tross for stor innsats og rigorøst innsamlete materialer ikke har funnet enkeltgener som er ansvarlig for store folkesykdommer som høyt blodtrykk, schizofreni eller manisk-depressiv sinnssykdom, må man tenke nytt.

Studier av epigenetisk variasjon eller den miljømessige variasjon/påvirkning av våre gener har også vist seg å være et fruktbart felt.

Overlege Asbjørg Stray Pedersen fortalte fra sin nylig avholdte prøveforelesning om «genom wide screening» – en teknikk der man kan screene for opptil en million genforandringer spredd over hele genomet samtidig. Denne såkalte microarray- eller chips-teknologien forutsetter en klar problemstilling og et klinisk homogent materiale for å bli fruktbar, men det er mulig å identifisere genområder med kandidatgener på kromosomene.

Ofte har dette vist seg fruktbart for å kunne finne nye metabolske stier (pathways) og sykdomsmekanismer. Dette vil igjen kunne føre til nye terapeutiske angrepspunkter.

Mange stilte gode spørsmål, til tross for områdets vanskelighetsgrad.

Det var 14 møtedeltakere i Selskabets faste møtelokale, auditoriet i Domus & Medicus i Stensberggaten på det gamle Rikshospitalsområdet i Oslo.

*Arvid Heiberg*