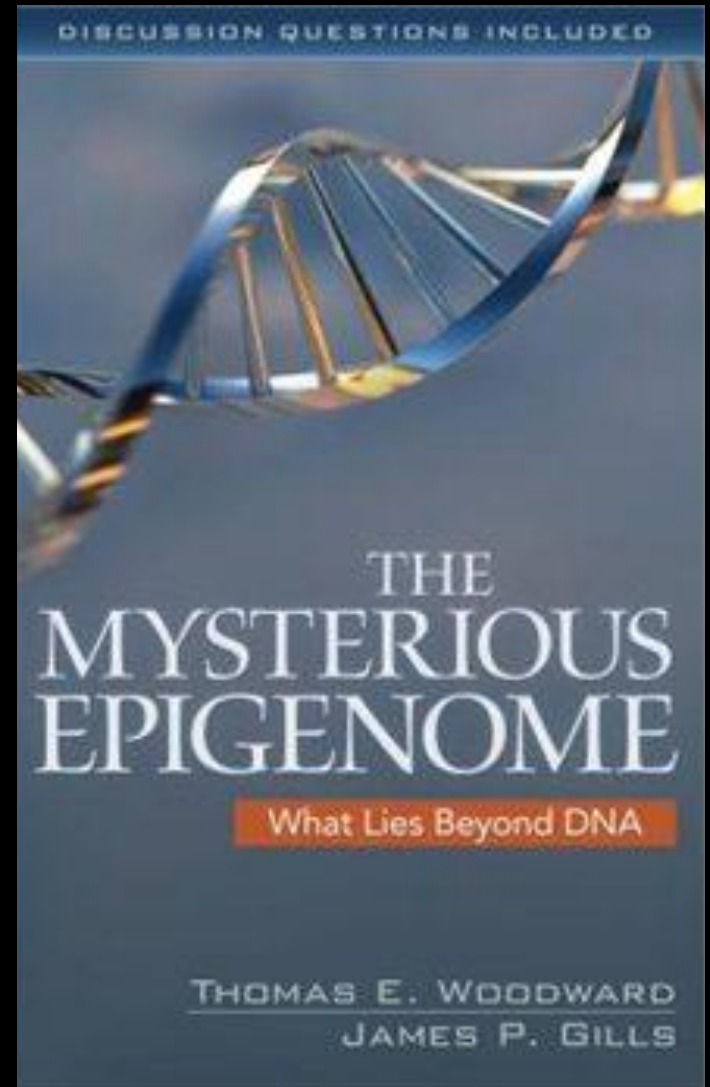


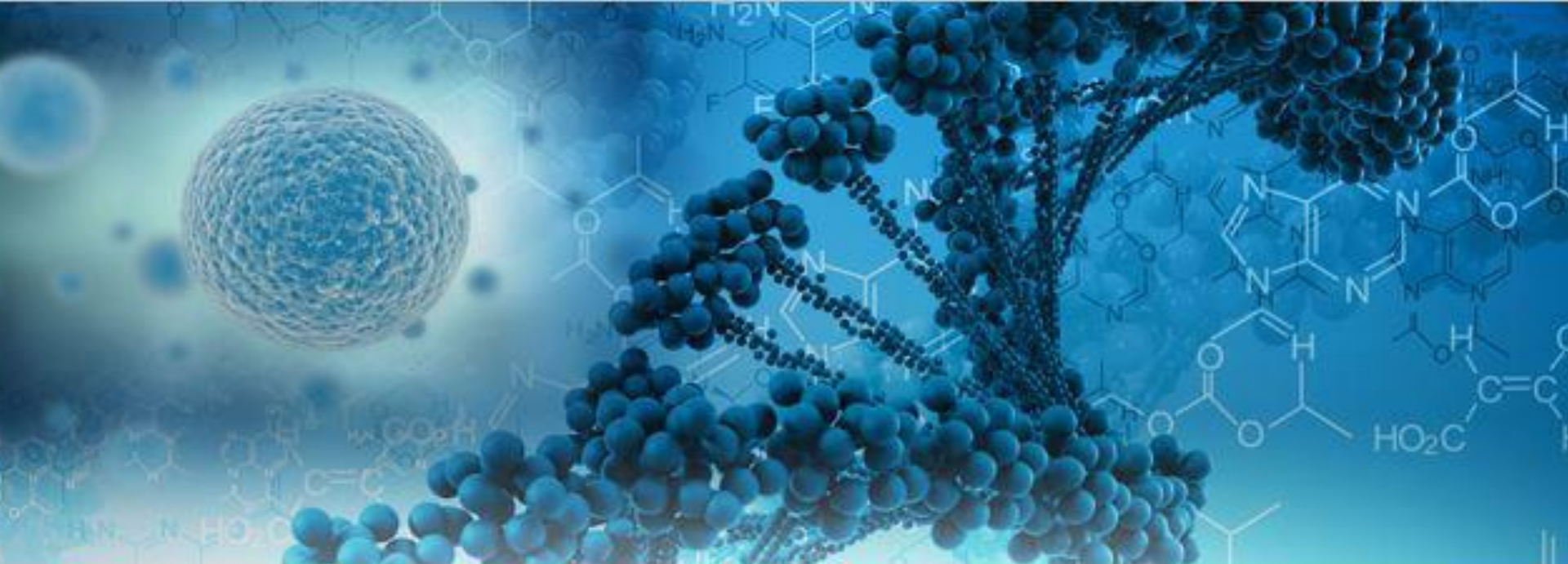
# DNA's DNA

*Den Epigenetiske  
Revolusjon: Hva  
er bakom DNA?*



Revolusjon I  
biologi: Å  
undersøke  
DNA's DNA





**Form din DNA-skjebne  
Undersøk epigenetiske nøkler til å  
forbedre din helse.**

# **DNA: *digital kode***

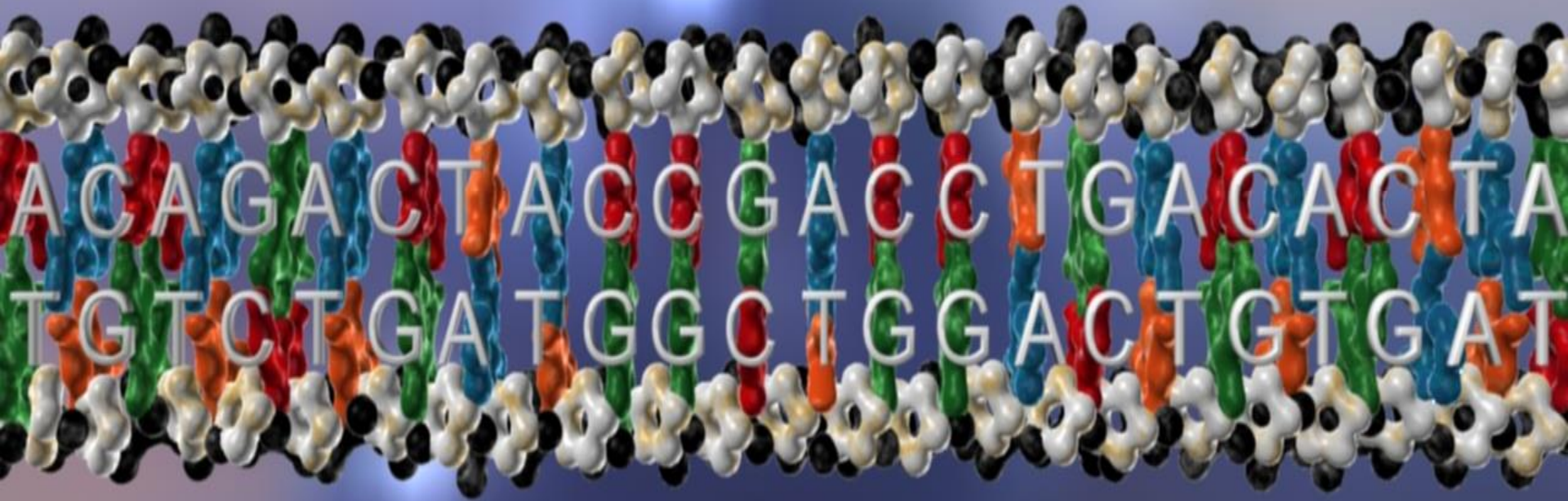
- Digital informasjon i fire-bokstavs alfabet.
- 3.1 milliarder bokstaver i hver celle
- C-nom tilføyer nye dimensioner av informasjon



Nylig  
oppdaget:  
**C-nom**



Søppel-DNA-er det et  
troverdige syn?





A-med-T and C-med-G

Holdt på plass av D and P

Når jeg hviler, kan du se

Metyl tagger plagget inn -i C

Nå vet du om mine: A-T-C-G

Vil du komme og danse med?



# Biologiens nye grenseområde

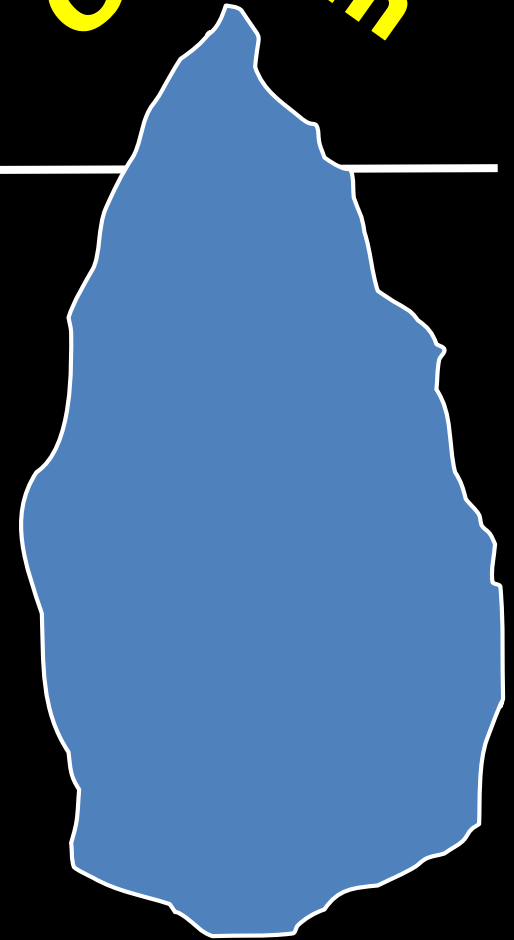
Hyper-kompleks  
dirigent av DNA

=

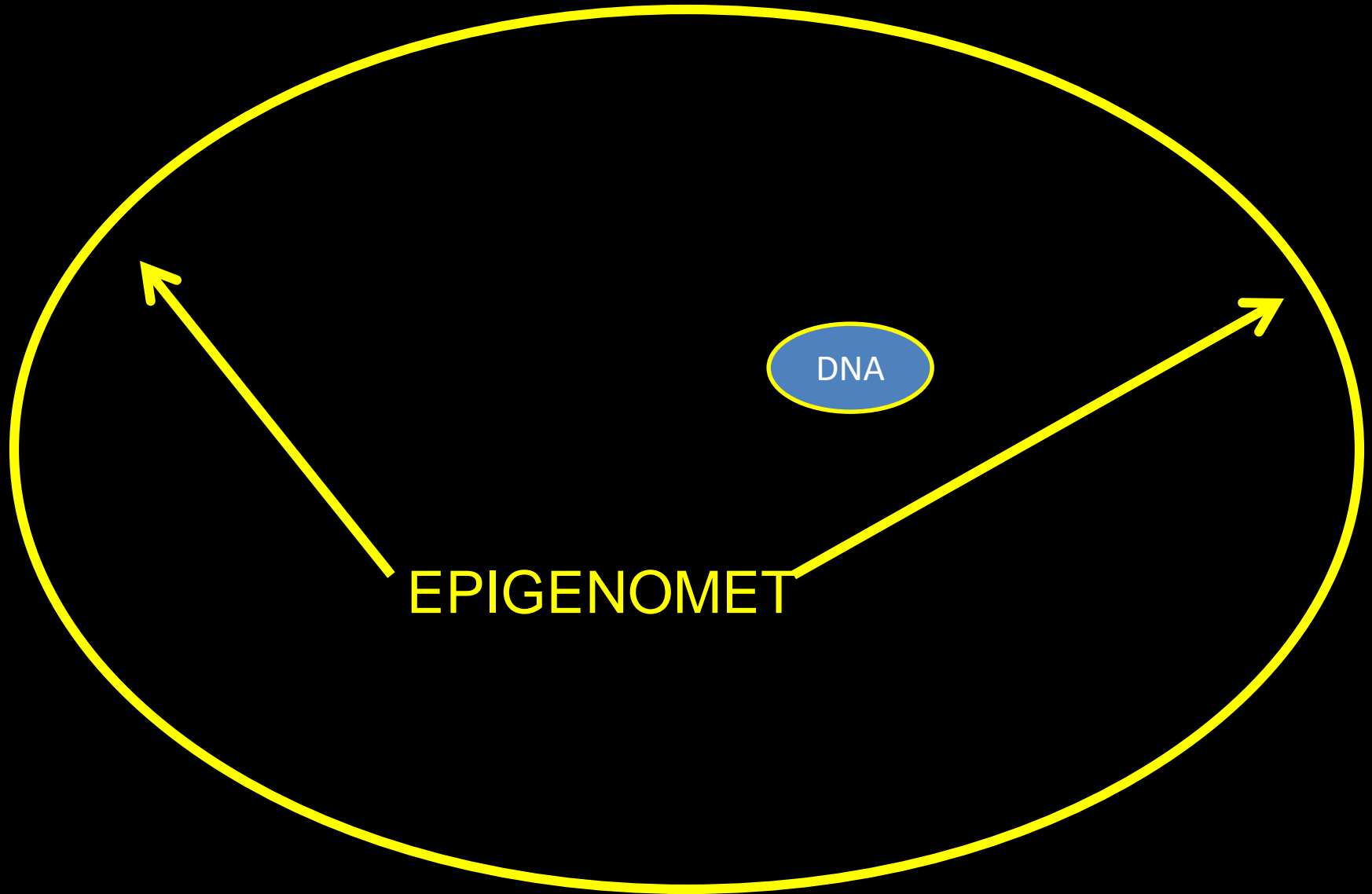
**EPIGENOM**



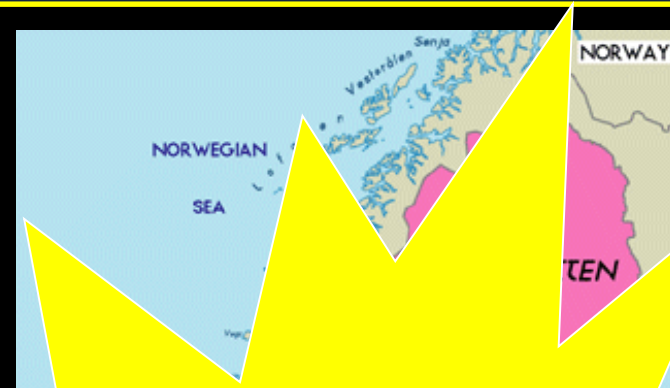
**Genom**



# Time Magazine's grafikk:



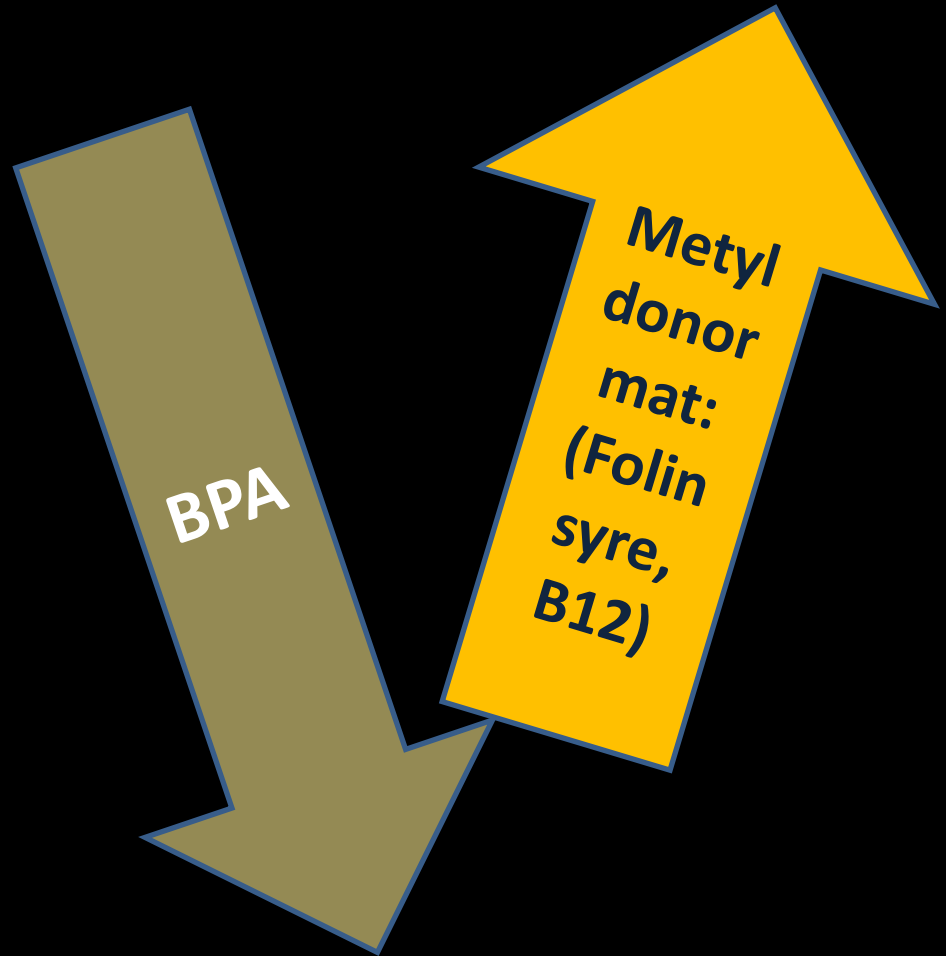
# Lars Bygren's genetiske forskning: Norrbotten, Sweden



Gjennomsnittlig  
levealder  
forkortet 32 år  
epigenetisk



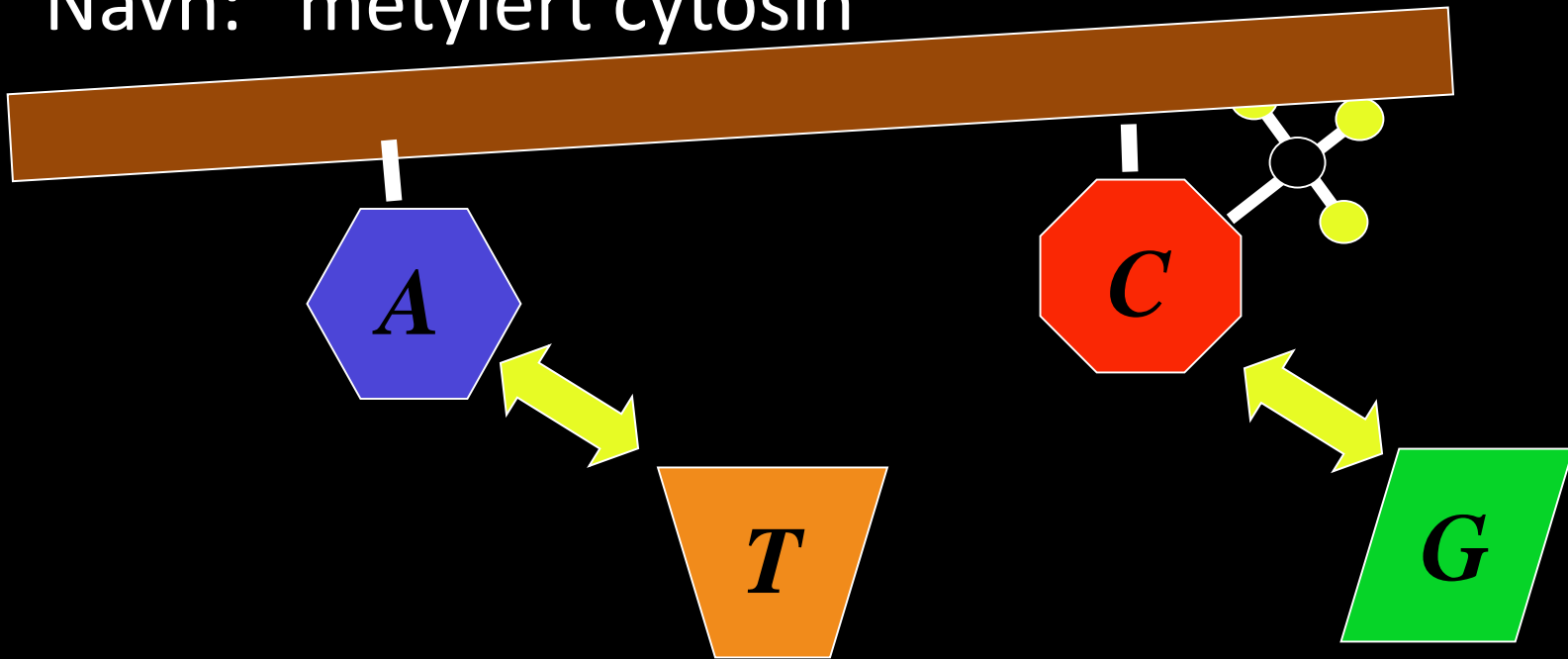
# Randy Jirtle & agouti mus





# Endringer i agouti genet?

- Noen “cytosin” (C) bokstaver i genet har en metyl-tag, som “stilner” genet..
- Navn: “metylert cytosin”

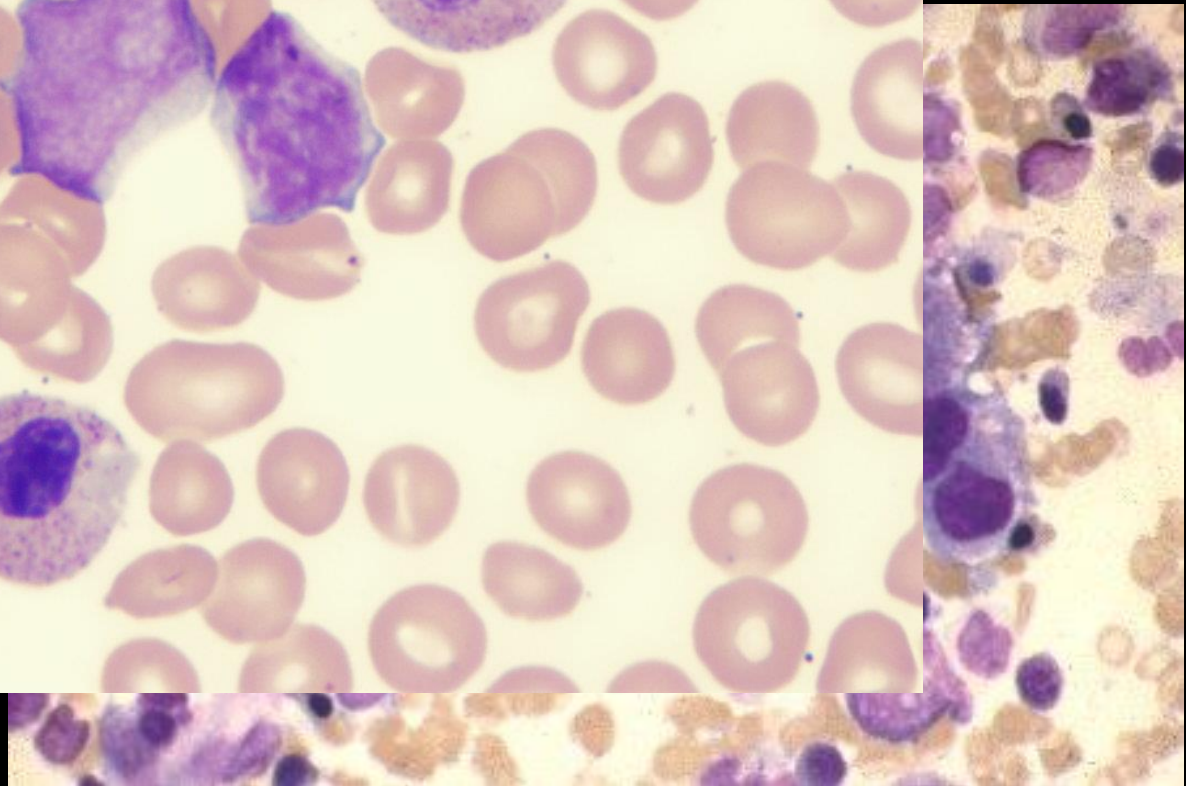
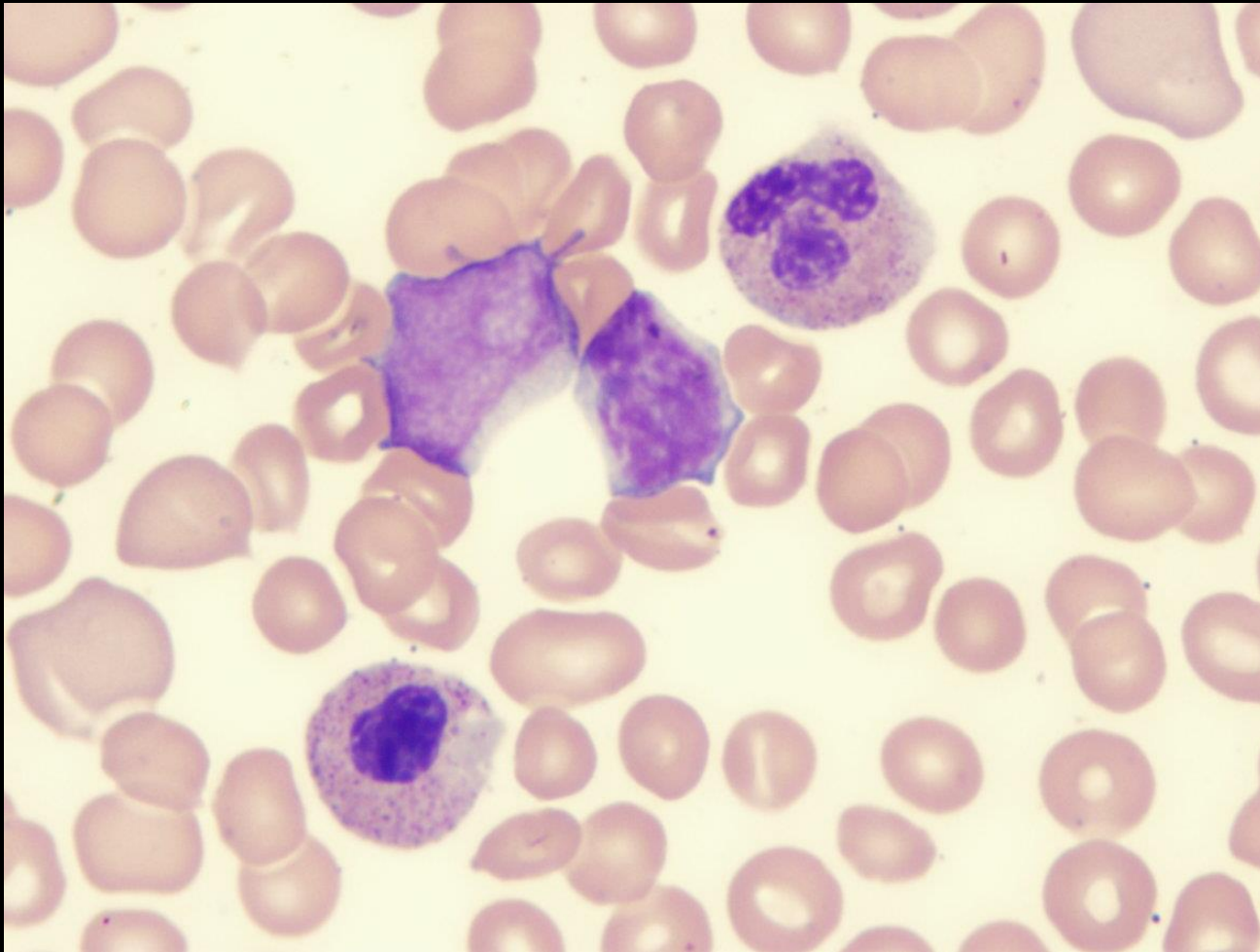


Jean-Pierre Issa:

*Vi benytter  
'diplomati' med  
cellene. Vi sier til  
dem :“ Dere er  
menneske celler.  
Dere skulle ikke  
oppføre dere slik.”*



# MDS or “MyeloDysplastic Syndrom

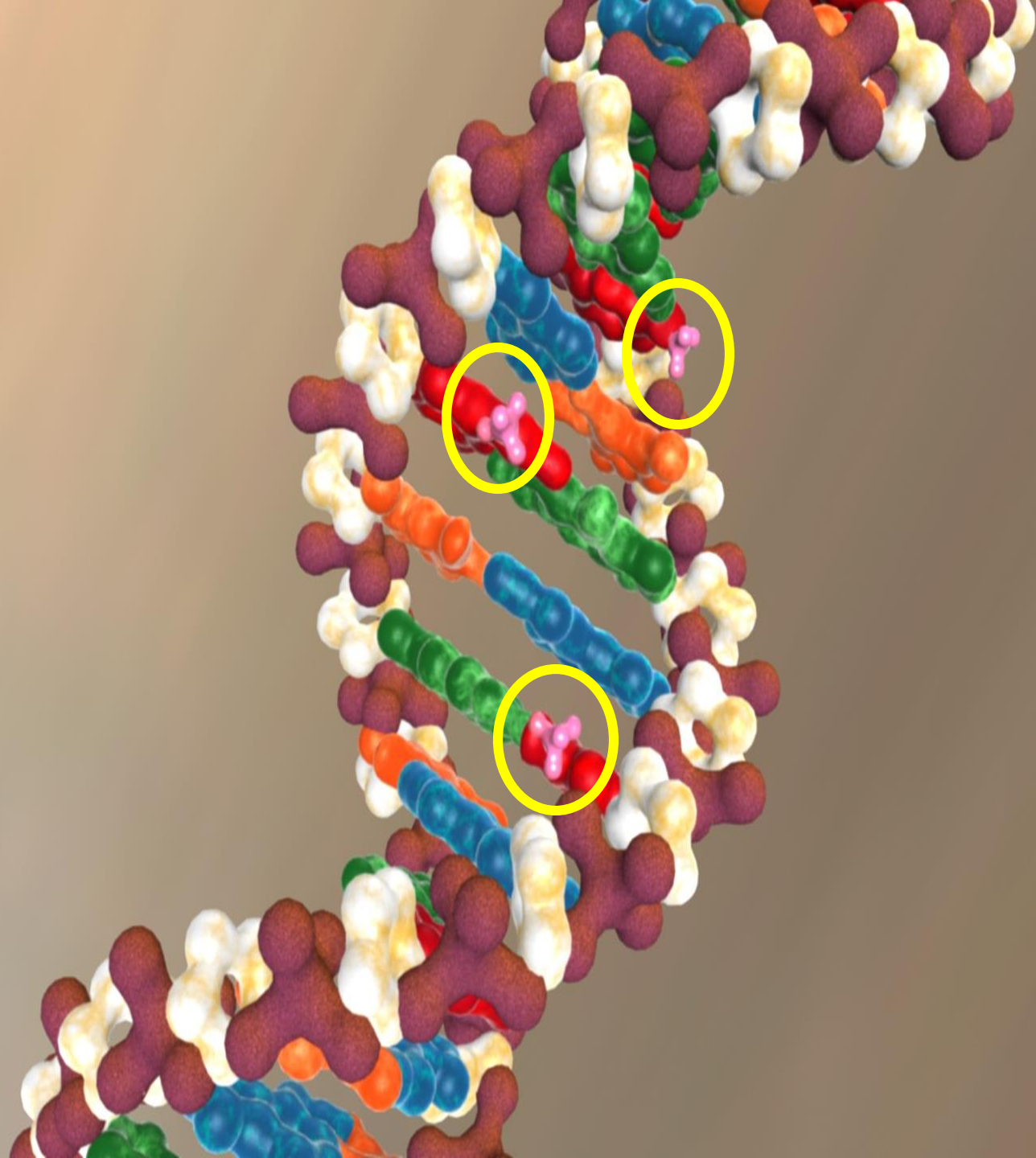


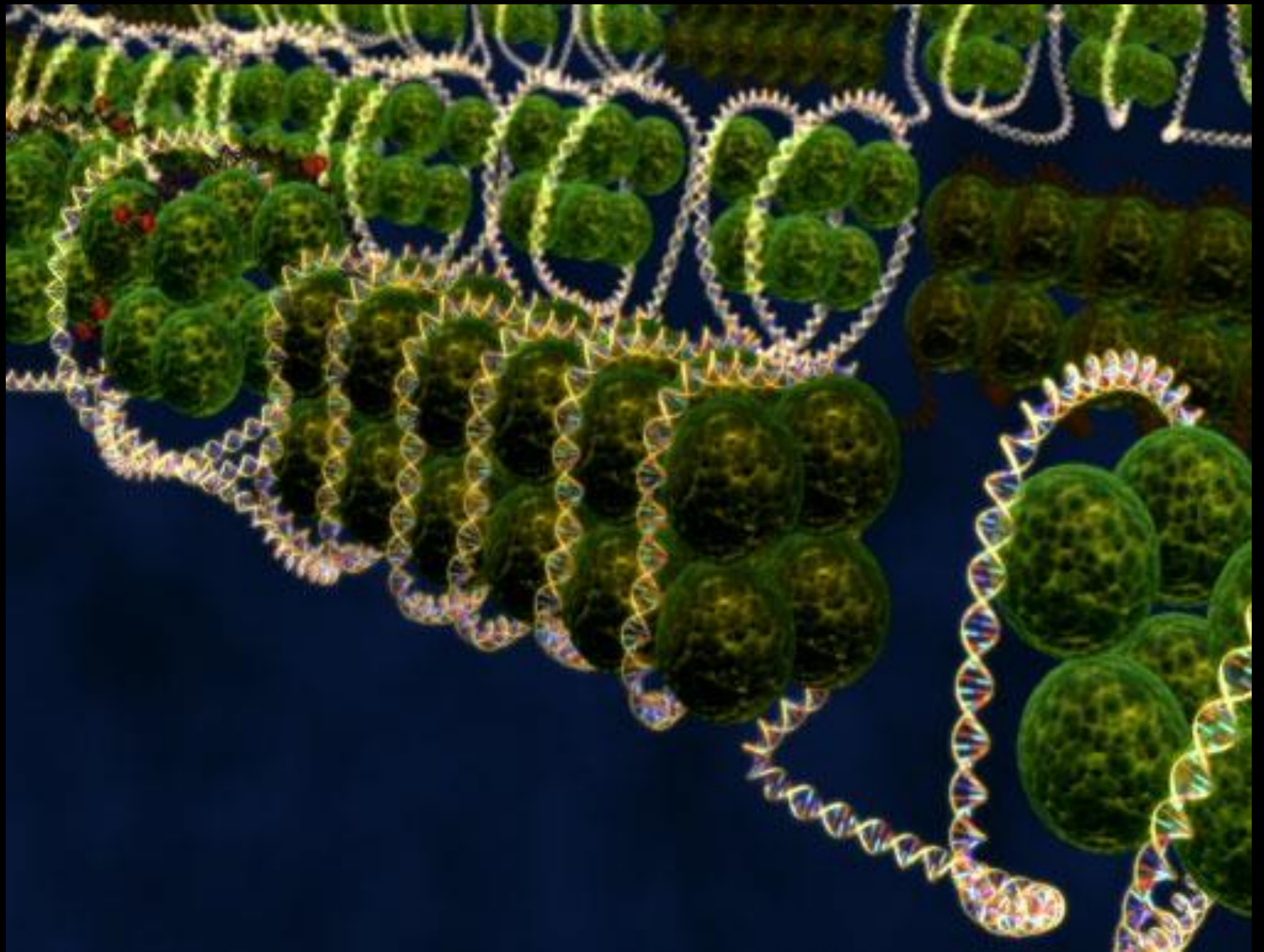


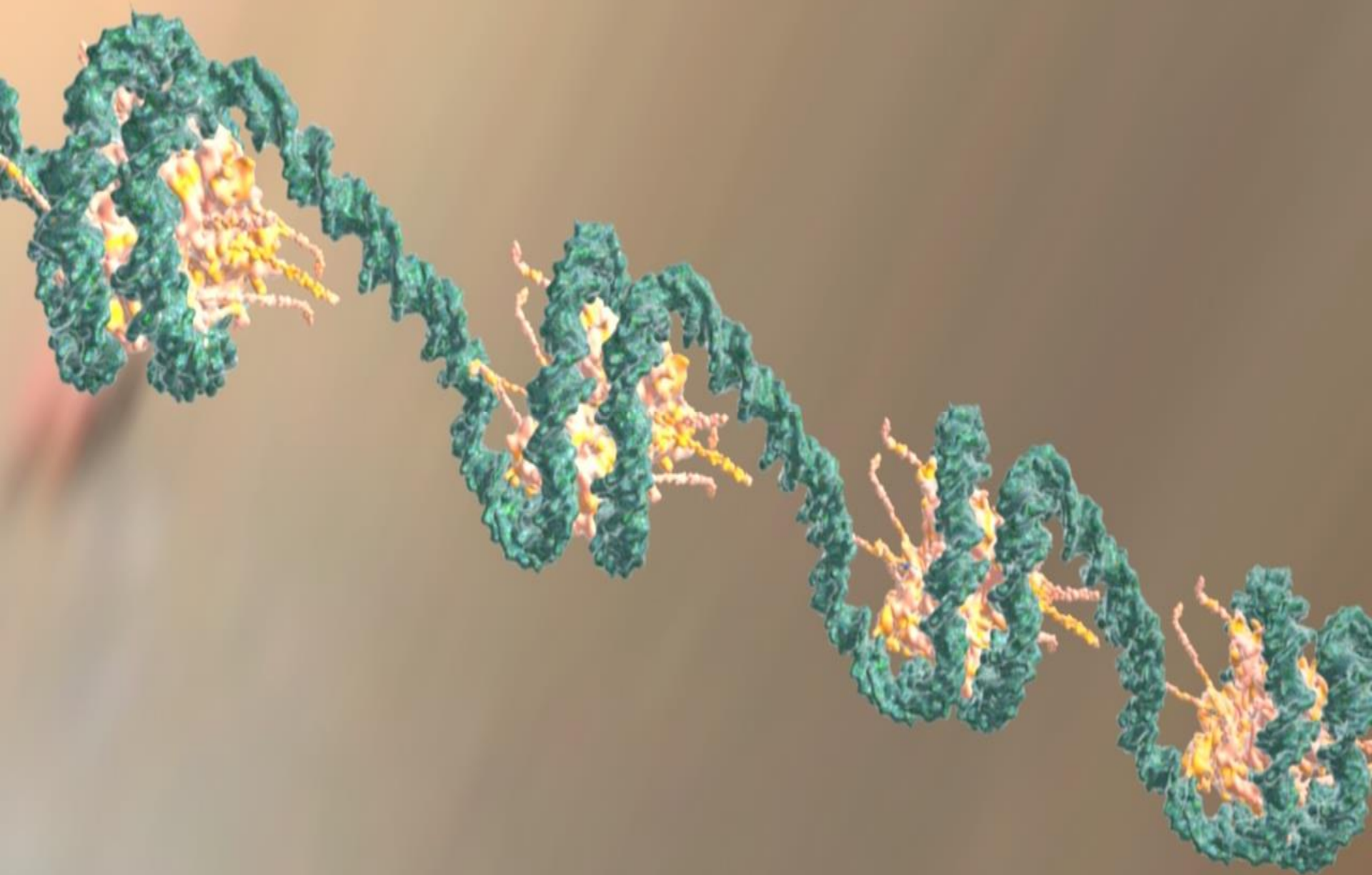
# Hollandsk hungers vinter, November 1944 til våren, 1945











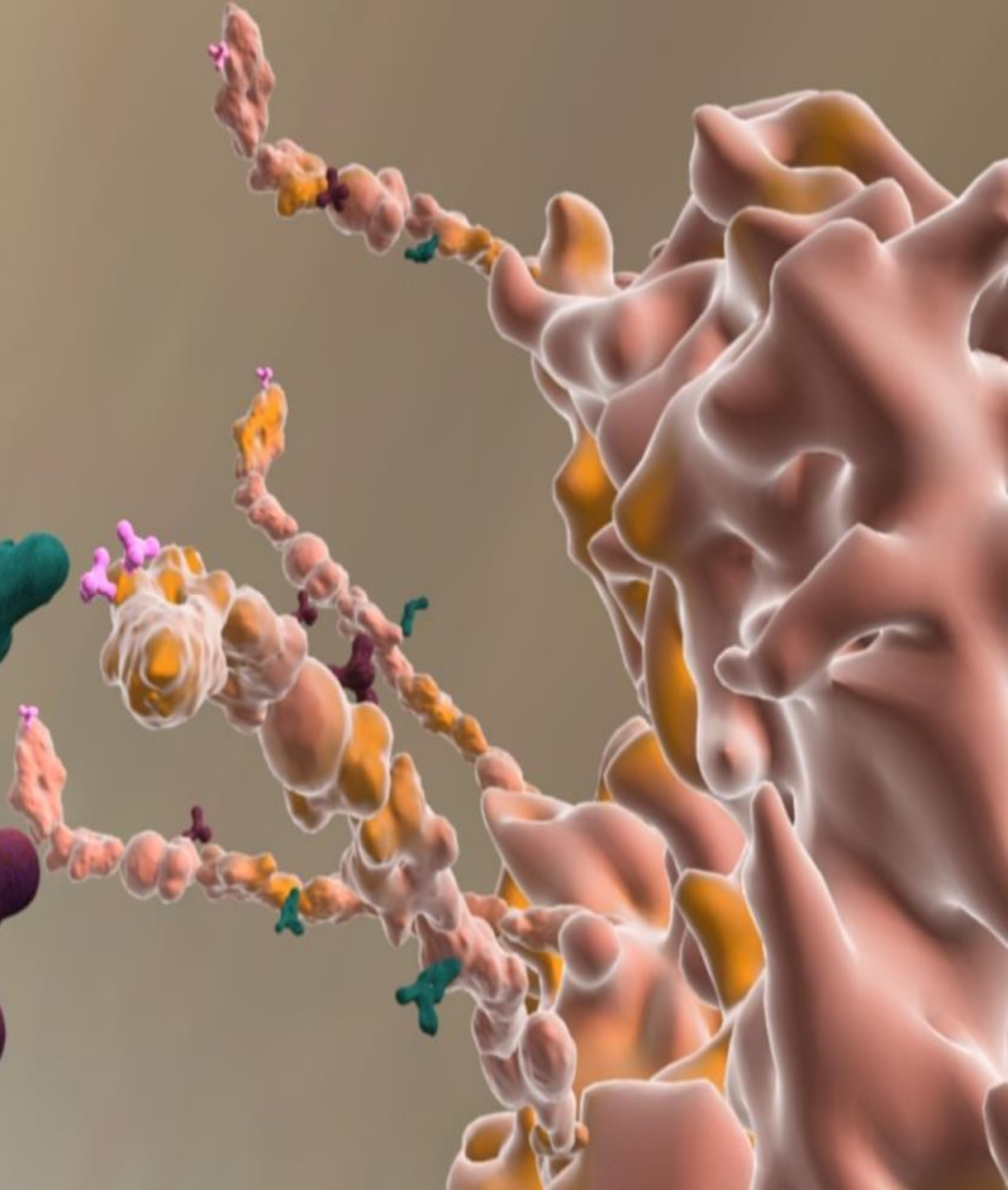
M

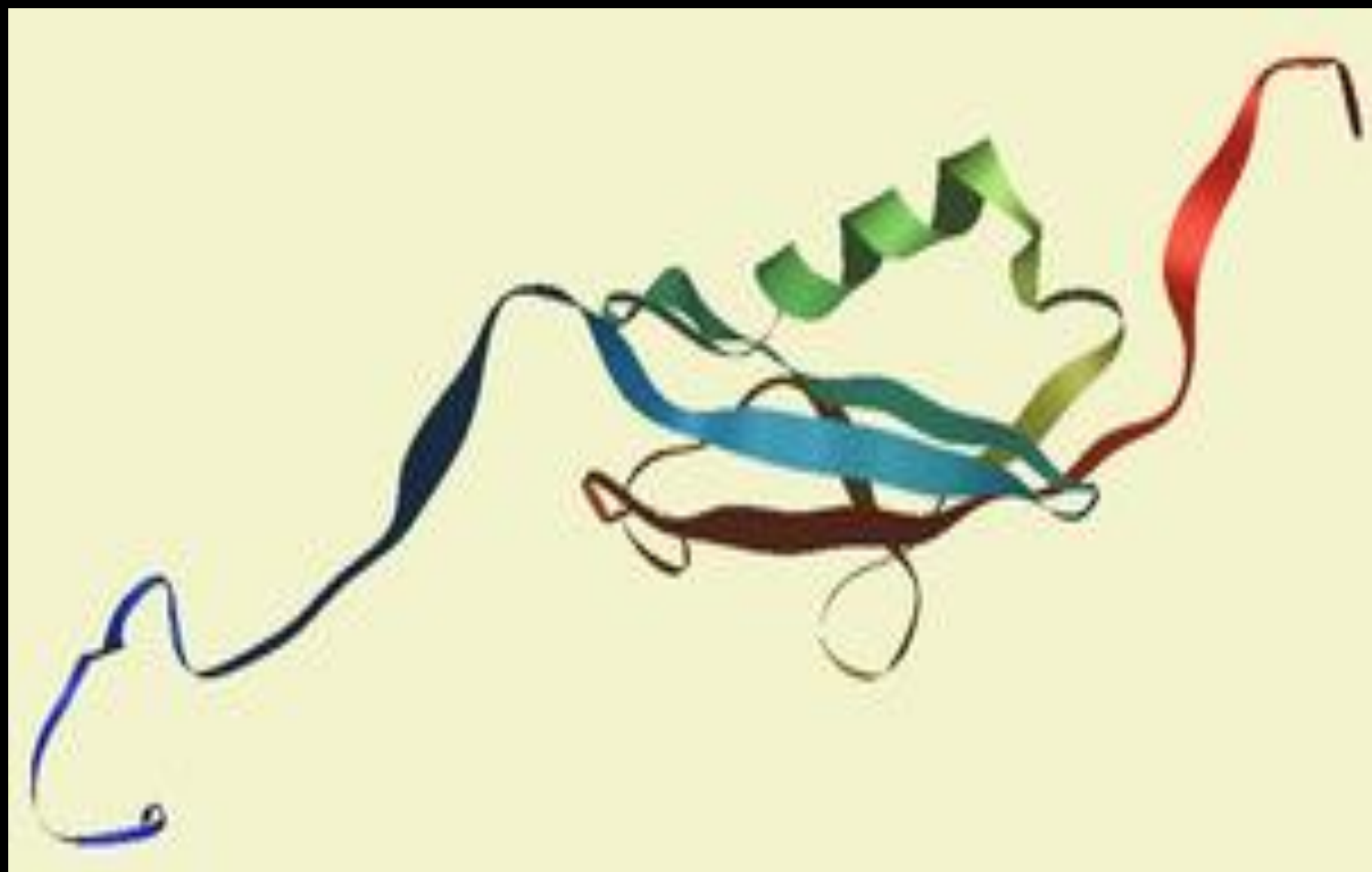


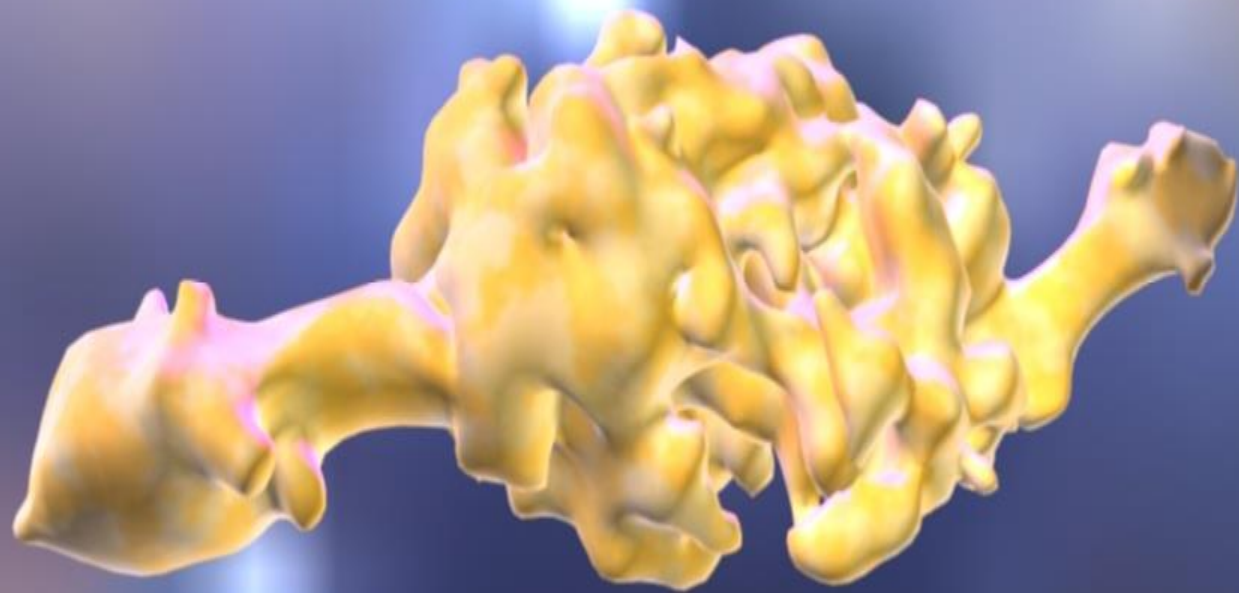
A



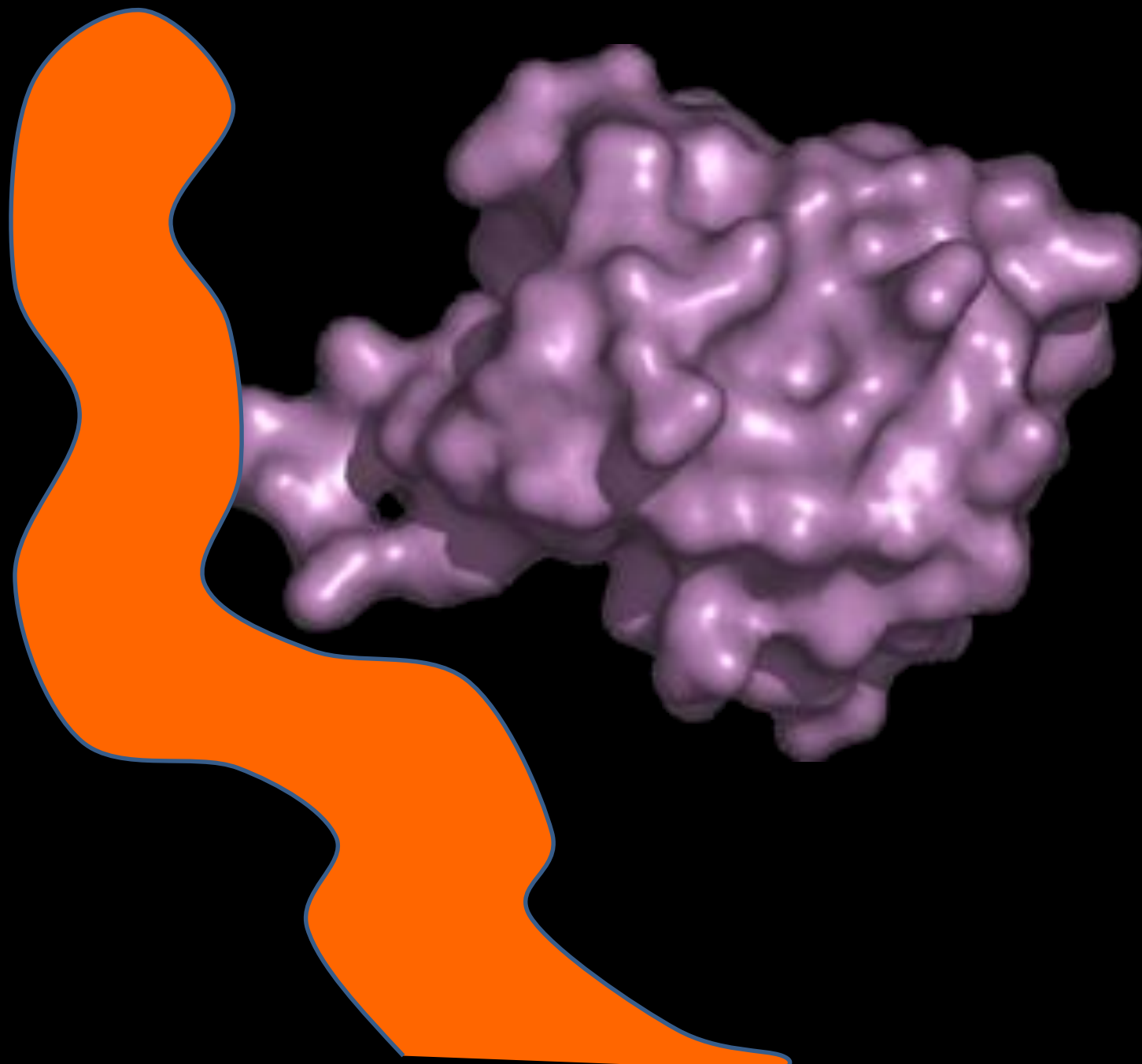
P

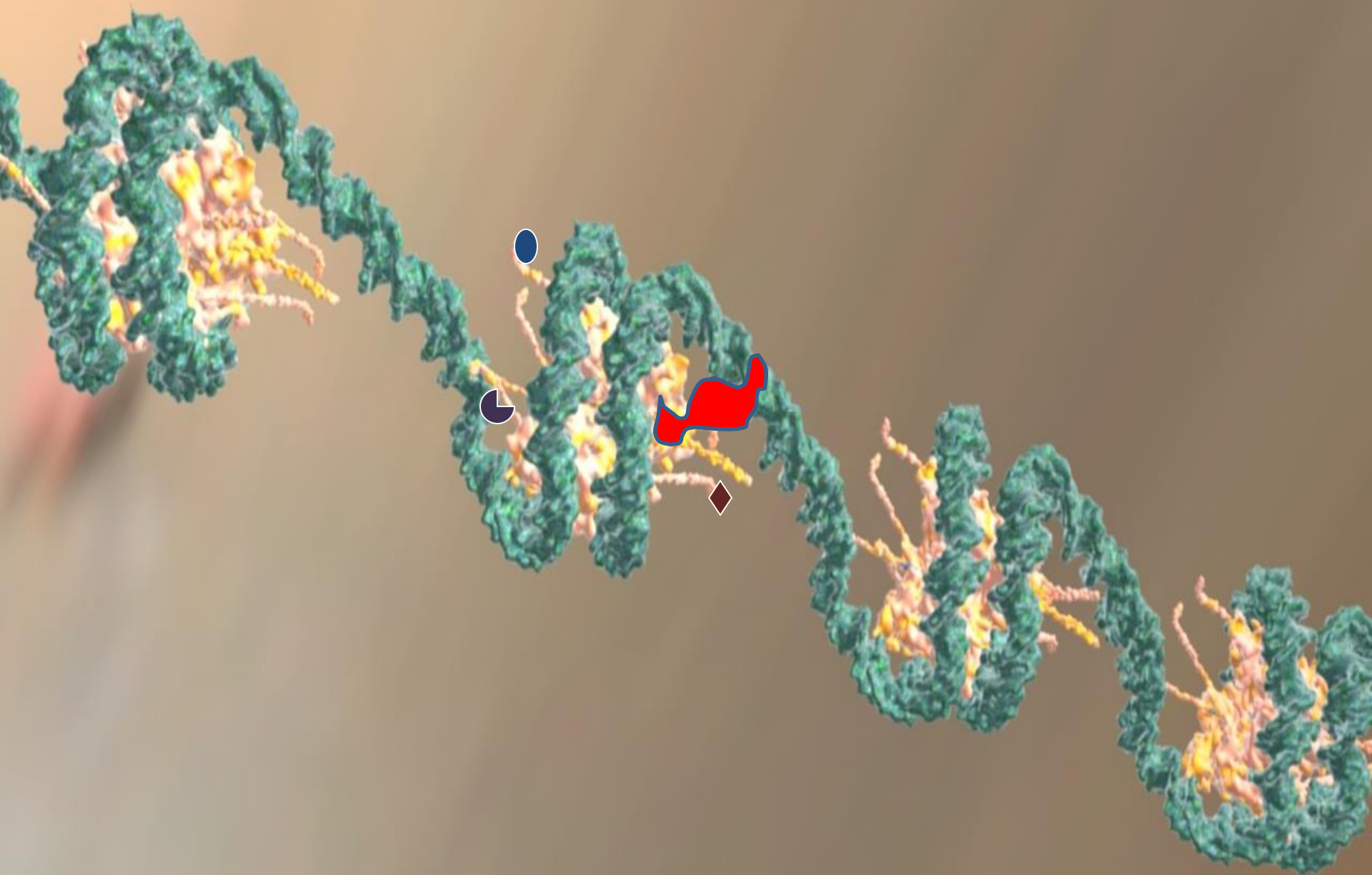


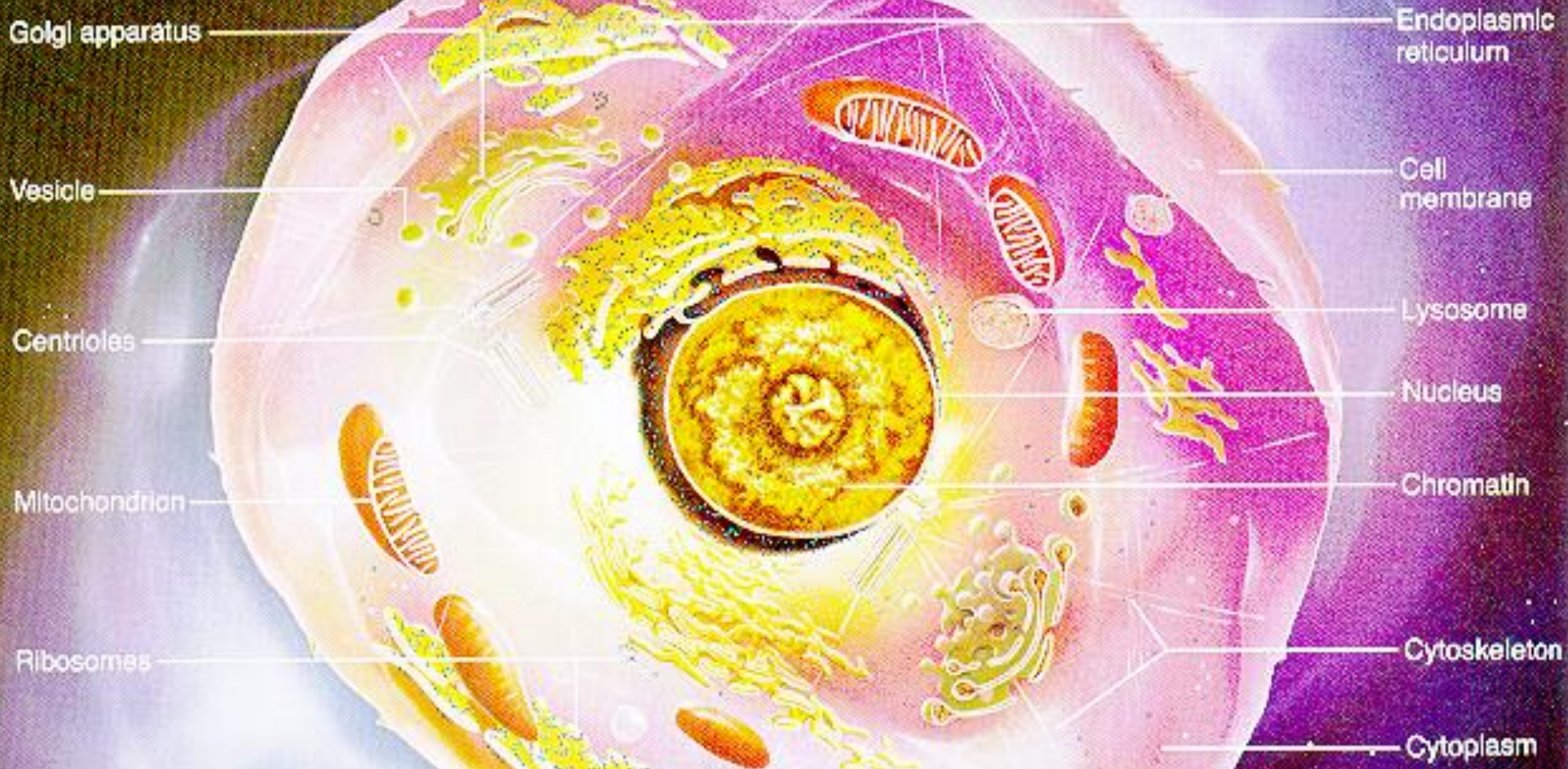




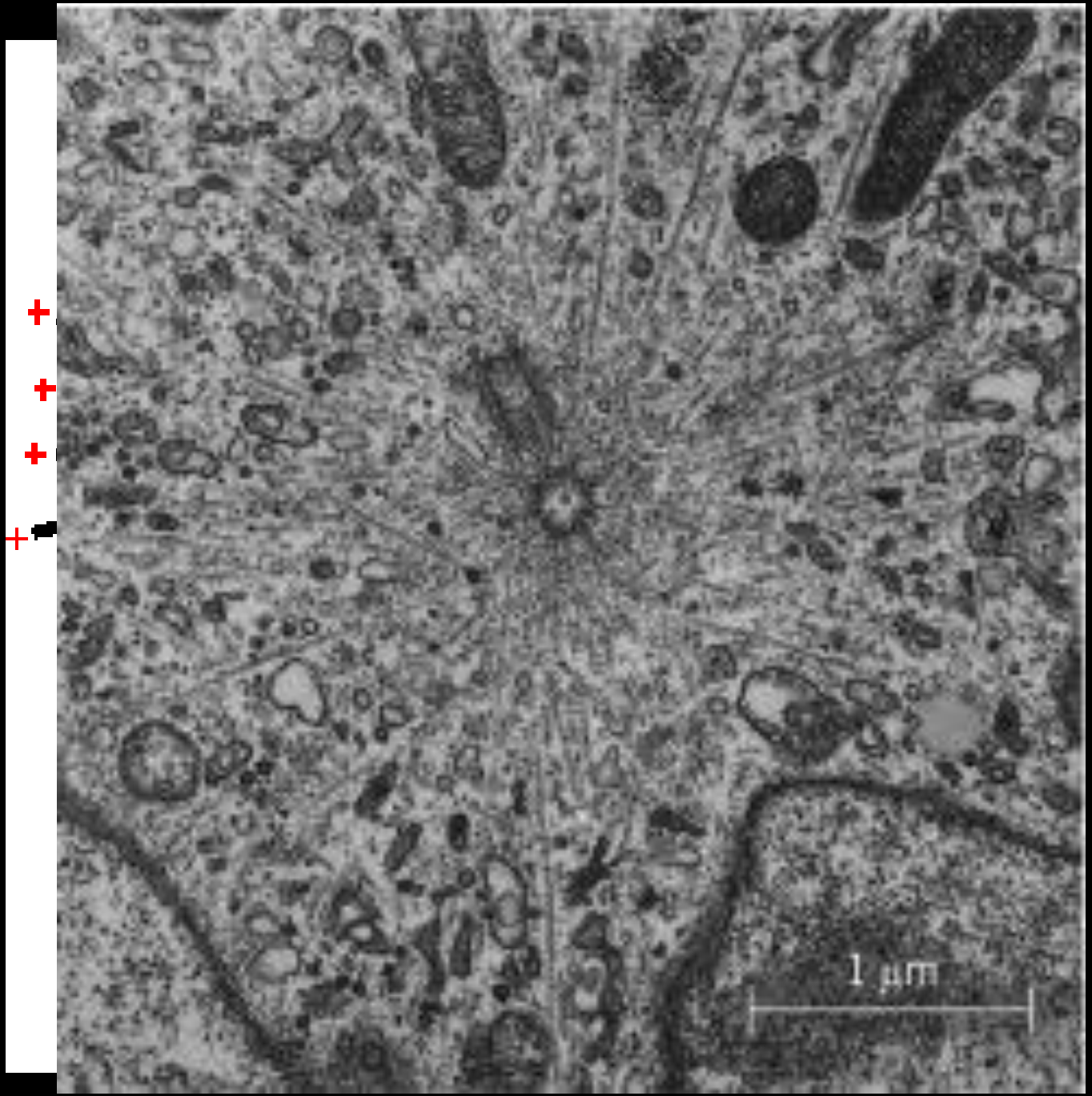








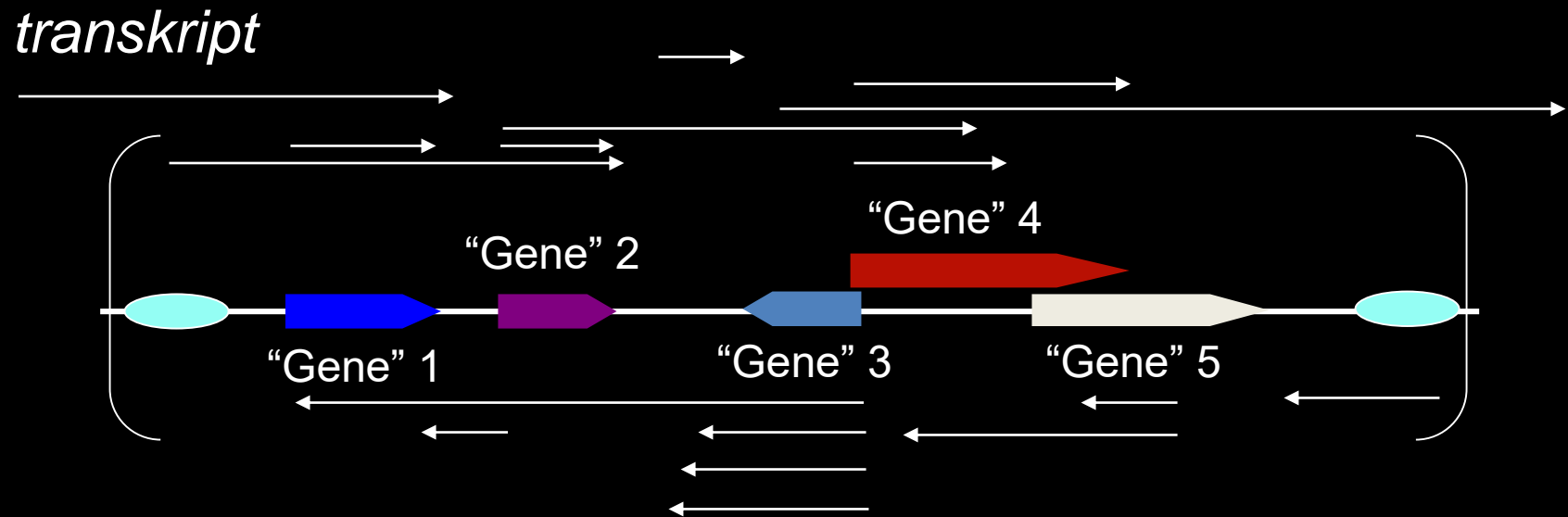
***“...Forbløffende kompleksitet..”***



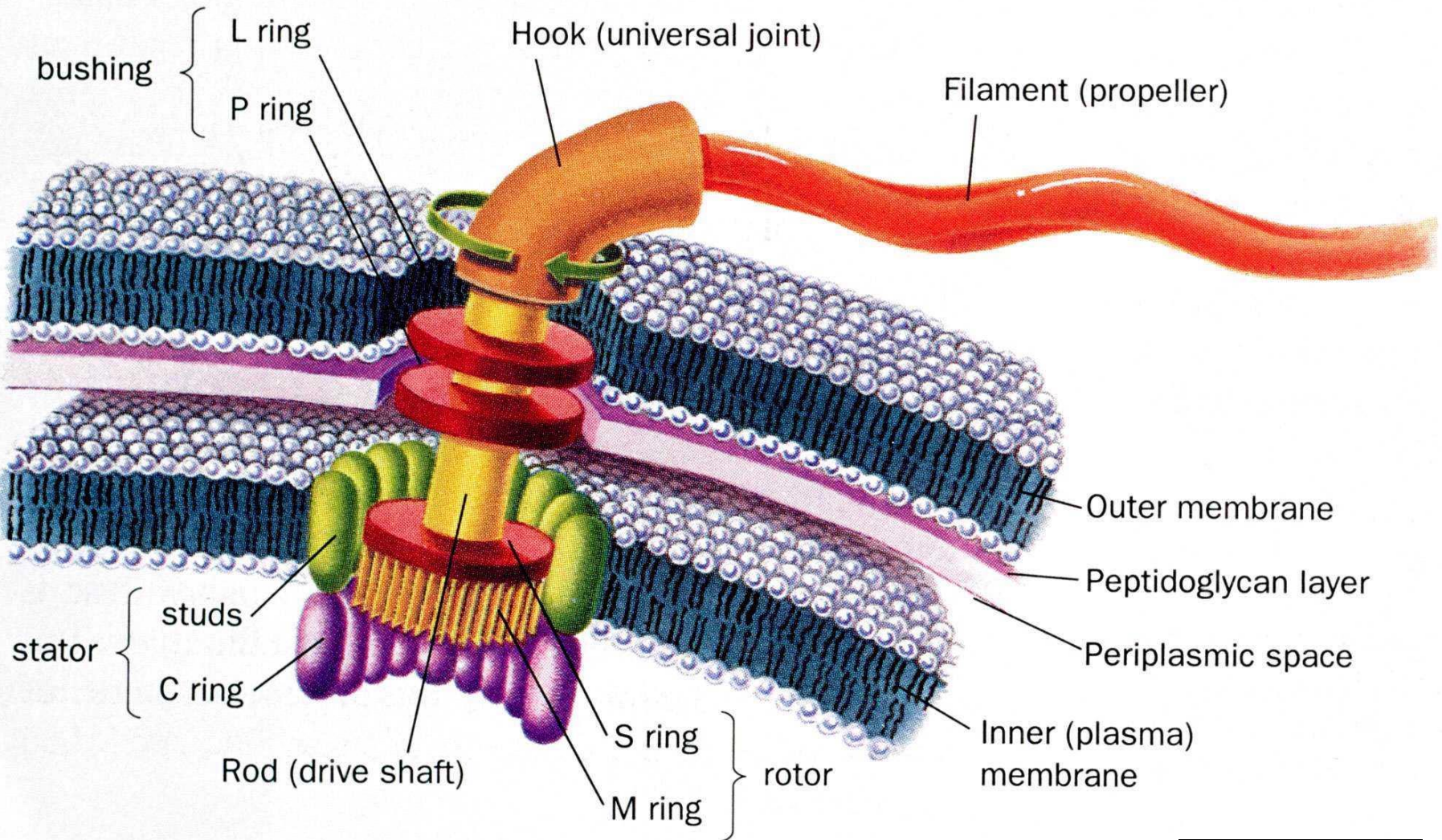
## Vil Epigenetikk lede til nytenkning av evolusjonær biologi?

- Komplikasjon #1: DNA/genet fokus til neo-darwinismens mutasjons-seleksjons mekanisme.
- Komplikasjon #2: oppvåkning av neo-Lamarckist ideer (se “Evolution in Four Dimensions” by Jablonka and Lamb)
- Komplikasjon #3: Hvert hoved-system for “tagging” utøver overveldende kompleksitet & fortreffelig design

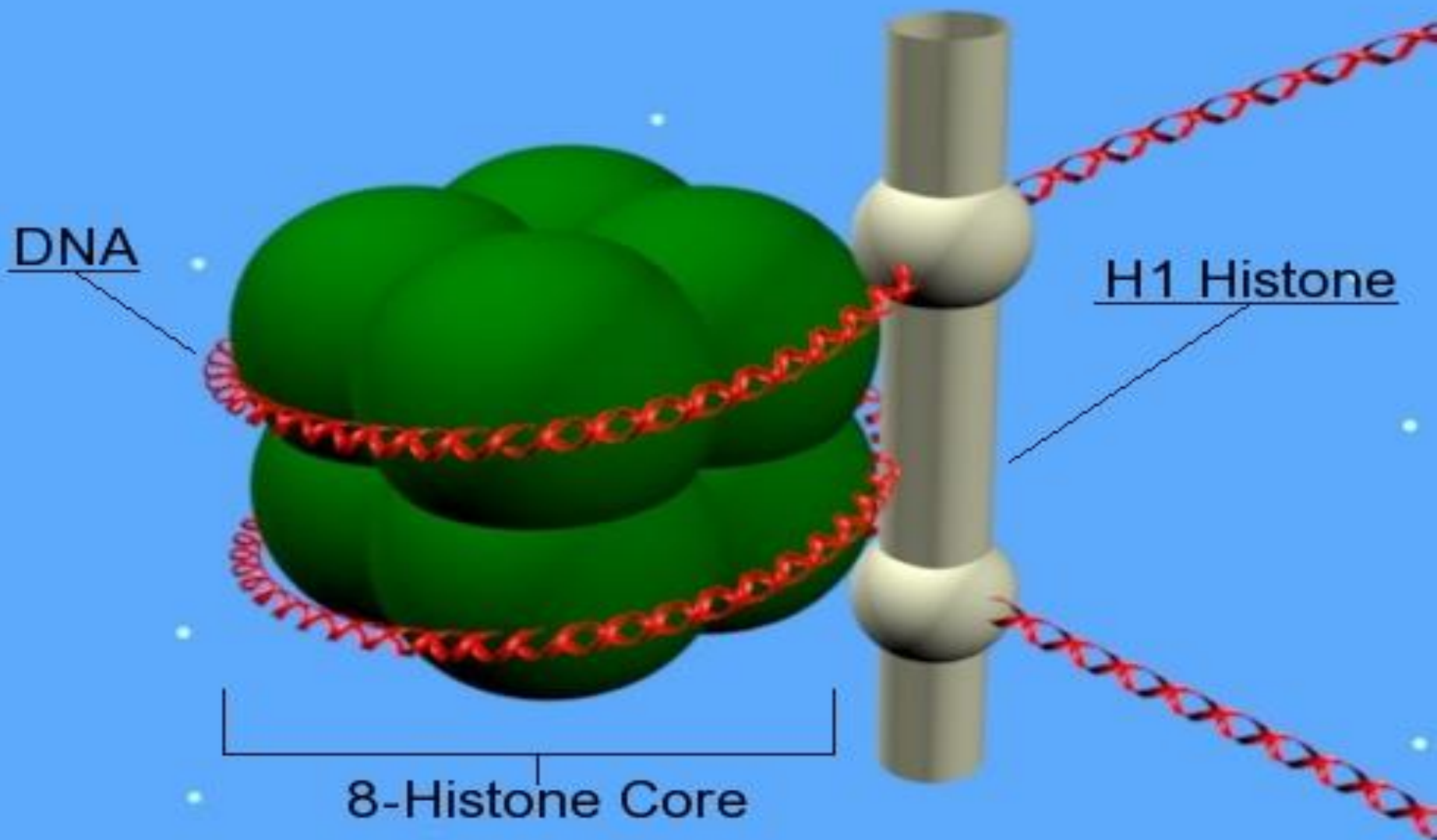
**Oppdagelsen i 2004-2007 var også oppsiktsvekkende: å utføre RNA kopier begynte ofte i ett “gen” og sluttet i et annet, og intraff både i DNA strenger og i “ikke-gen” regioner**



# Bakterie-flagellen (skisse)

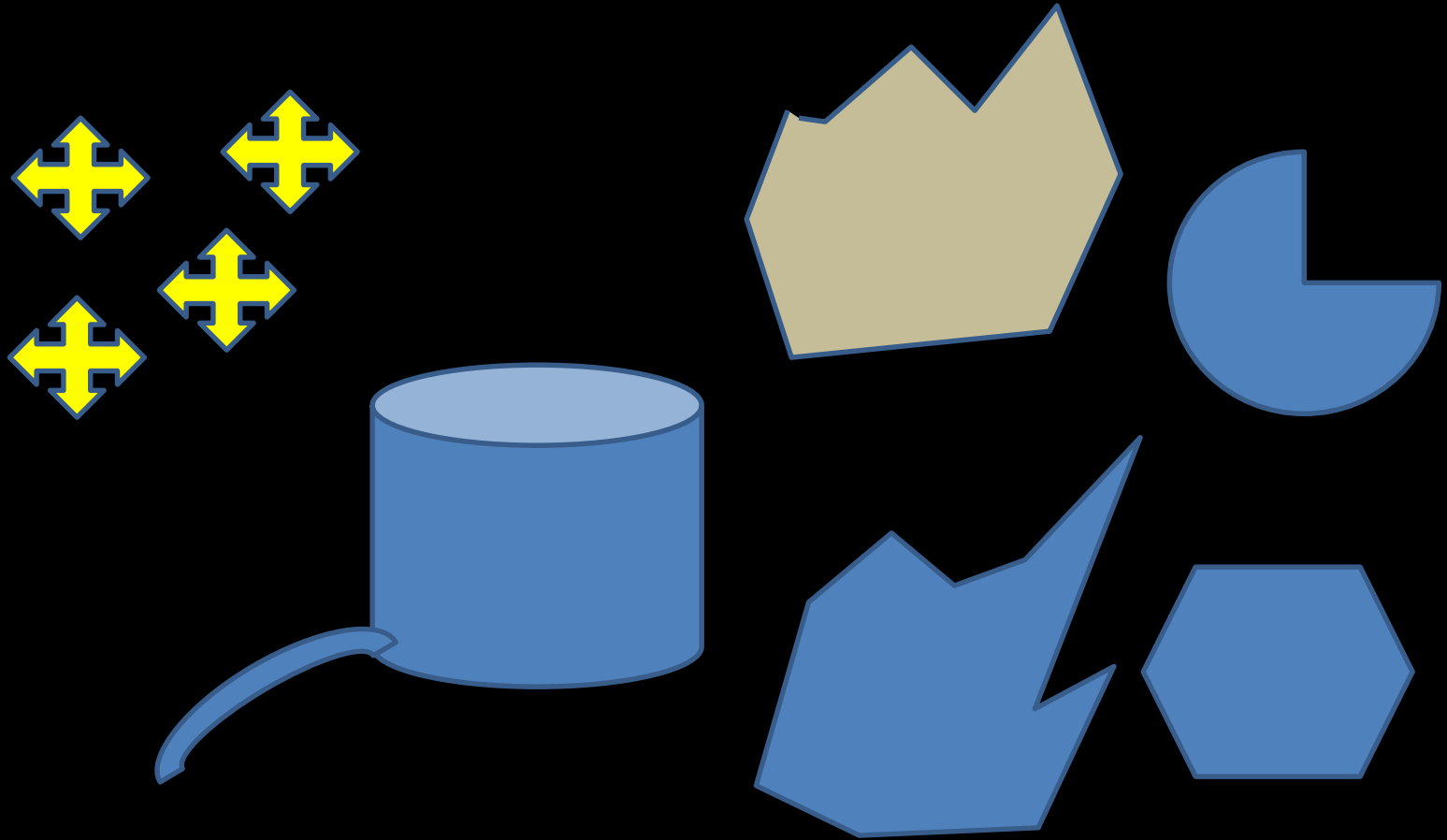


# Nucleosome

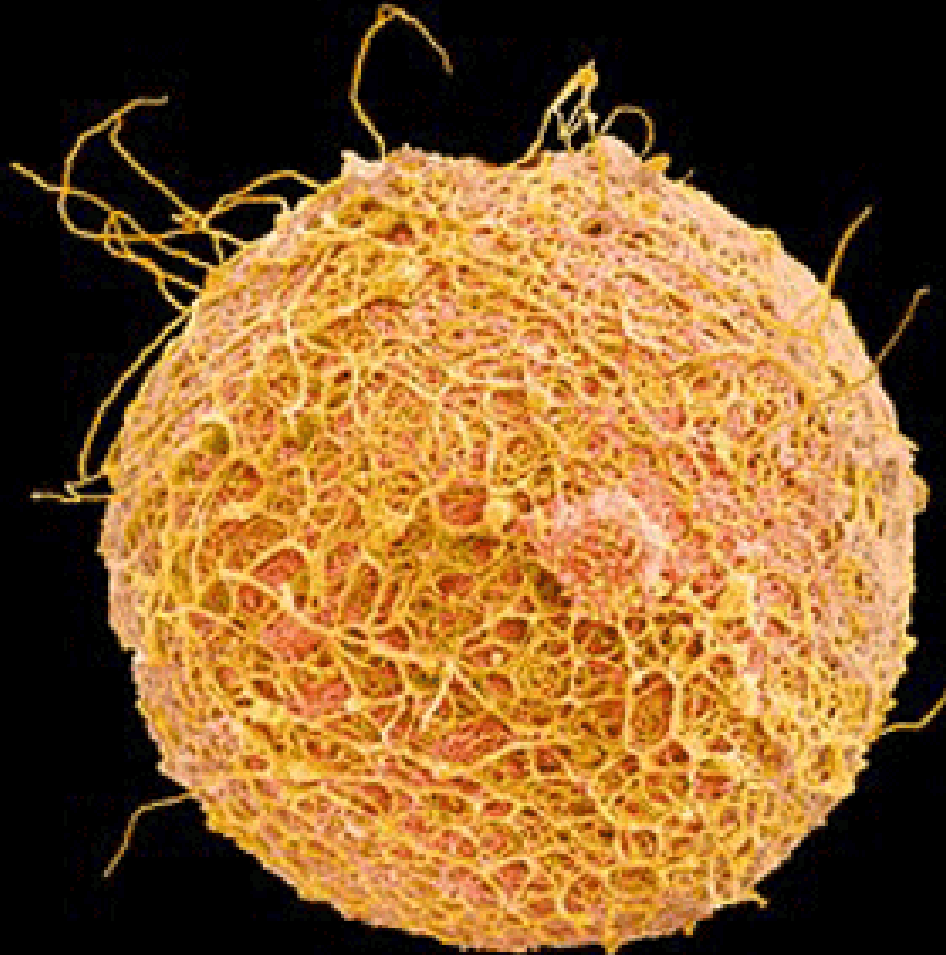




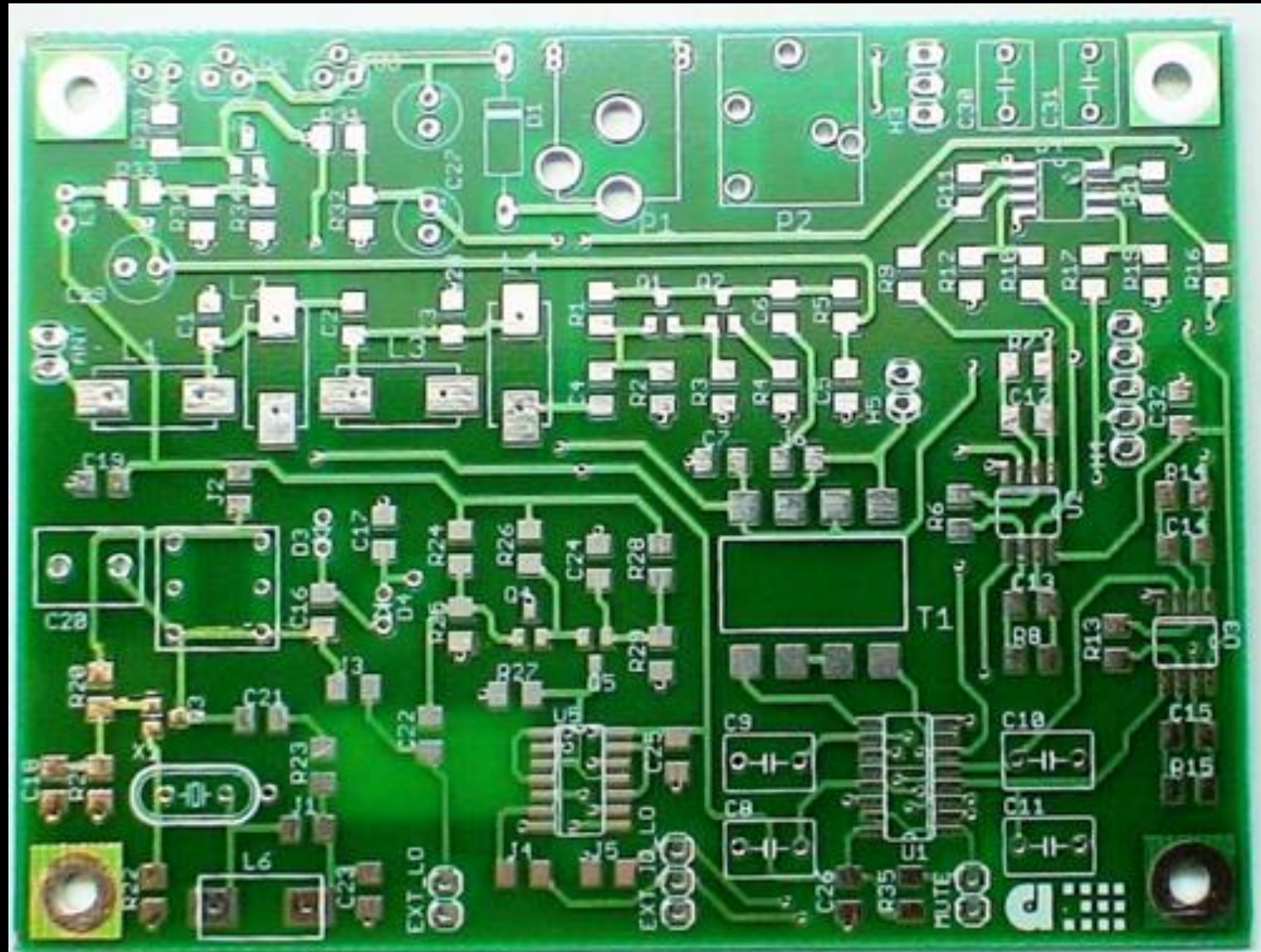
# Kompleksitet ved metyl-tagging av histoner:



Zygote koden... totaliteten av hvert biomolekyl i  
en 3-Dim. oppstilling, med grunnlag i dGRN:



# dGRN = Developmental Gene Regulatory Network



# **Konklusjon:**

**Den epigenetiske revolusjon  
åpner for nye kanaler til å  
forbedre helse, og forstå  
beskjedene som biologien  
sender vår vei.**

**Cloos, et al., “Erasing the Methyl Tag,” *Gener & utvikling***

**Kreft-sammenheng: Her ser vi gjennom framtredende biokjemiske og biologiske funksjoner ved histon demetylering og diskuterer deres potensielle involvering i menneskelige sykdommer, inklusive kreft.**

*ABSTRAKT: (Duc T. Do, Ph.D.) Kreft er et verdensvidt helseproblem. Kreft er en heterogen sykdom som karakteriseres ved tap av cellulær kontroll gjennom akkumulering av genetiske and epigenetiske endringer. Genetiske endringer er forårsaket av endringer i DNA, inklusive det som bidrar til avvikende cellulære funksjoner. Epigenetiske endringer, er imidlertid arvelige endringer i gen- uttrykk, uten endring i DNA sekvensen.*

*For tiden er det 4 epigenetiske agenter (vorinostat, romidepsin, azacitidine, decitabine) som er godkjent av FDA (Food og Drug Administration) for behandling av blod-sykdommer, spesielt hudkreft, T-celle lymfocytter og MDS. Hematologiske sykdommer er krefttyper som påvirker blod, benmarg og lymfeknuter. Disse kreftformene utgjør ca. 9% av nye kreftdiagnoser i USA. Denne artikkelen utgjør en begrepsmessig oversikt over bruken av epigenetiske agenter i inngrep og behandling av ondartede blodkreft-typer.*

## Hvor kompleks?

Nylige oppdagelser har vist at histon-demylering deltar i store multi-protein komplekser og samarbeider med histon deacetylasen, histone metyltransferaser, og kjerne mottakere for å kontrollere utviklings og transkripsjonsprogram.