

รูปแบบ Abstract (บทคัดย่อ)

Project Code : MRG5980090

(รหัสโครงการ)

Project Title : Patterns and possible roles of altered Alu methylation in type 2 DM

(ชื่อโครงการ)

Investigator : อ.ดร.จิรพรรณ ทองสร้อย

มหาวิทยาลัยวลัยลักษณ์

(ชื่อนักวิจัย)

E-mail Address : ju_jirapan@hotmail.com

Project Period : 2 พฤษภาคม 2559 - 30 เมษายน 2561

(ระยะเวลาโครงการ)

Abstract

Cellular senescence due to genomic instability is believed to be one of the mechanisms causing health problems in diabetes mellitus (DM). Low methylation levels of Alu elements or Alu hypomethylation, an epigenomic event causing genomic instability, were commonly found in aging people and patients with aging phenotypes, such as osteoporosis. Thus, We investigate Alu methylation levels of white blood cells of type 2 DM, pre-DM, and control. The DM group possess the lowest Alu methylation ($P < 0.001$, $P < 0.0001$ adjusted age). In the DM group, Alu hypomethylation is directly correlated with high fasting blood sugar, HbA1C, and blood pressure. Genome-wide

hypomethylation may be one of the underlining mechanisms causing genomic instability in type 2 DM. Moreover, Alu methylation levels may be a useful biomarker for monitoring cellular senescence in type 2 DM patients.

บทคัดย่อ

โรคเบาหวานชนิดที่ 2 กำลังเป็นปัญหาสาธารณสุขที่ทวีความรุนแรงขึ้นทั่วโลก ในปัจจุบัน DNA methylation เป็นลักษณะพื้นฐานของการถ่ายทอดแบบเหนือพันธุกรรม (epigenetic) พบว่ามีความสำคัญต่อหลายขบวนการของการเกิดโรคหลายชนิดและส่งผลให้เกิดความเสื่อมถอยภายในร่างกาย คณะผู้ทำการศึกษาจึงทำการตรวจวัดระดับการเปลี่ยนแปลงของ DNA methylation ในการเกิดเบาหวานชนิดที่ 2 โดยใช้วิธี ALU-Combined Bisulfite Restriction Analysis (COBRA-Alu) ตรวจวัดระดับของ Alu methylation ในประชากรกลุ่มทดลอง จากการทดลองพบว่าเมื่อใช้ระดับของ FBG แบ่งกลุ่มการทดลอง สามารถวัดการเพิ่มขึ้นของ hypomethylation อย่างมีนัยสำคัญในผู้ป่วยเบาหวานชนิดที่ 2 เมื่อเปรียบเทียบกับคนปกติ ($P < 0.001$, $P < 0.0001$ adjusted age) ซึ่งได้ผลที่สอดคล้องกันเมื่อใช้ค่าของ HbA1C เป็นเกณฑ์ในการแบ่งกลุ่มการทดลอง พบว่าสามารถตรวจวัดการเพิ่มขึ้นของ hypomethylation ได้เช่นเดียวกันกับการทดลองที่ใช้ค่า FBG เป็นเกณฑ์ในการแบ่งกลุ่มจากผลการทดลองสามารถบ่งชี้ได้ว่าการตรวจวัดปริมาณของ Alu hypomethylation มีความจำเพาะกับโรคเบาหวานชนิดที่ 2 อันอาจจะสามารถนำมาใช้ในการตรวจคัดกรองกลุ่มเสี่ยงและผู้ป่วยเบาหวานชนิดที่ 2 ได้ต่อไปในอนาคต

Keywords : DNA methylation, Diabetes mellitus, Genomic instability, Alu, Senescence

(คำหลัก)