



**Institutionen för Neurobiologi,
Vårdvetenskap och Samhälle (NVS)**
Division of Neurogeriatrics
Anna Sandebring, PhD

Demensfonden
Populärvetenskaplig sammanfattning av
forskningsprojekt

En studie av nervcellernas förändrade mekanismer vid Alzheimers sjukdom

På grund av en åldrande befolkning drabbar den vanligaste demenssjukdomen, Alzheimers sjukdom, allt fler människor. När man undersöker hjärnan hos avlidna Alzheimerpatienter kan man se stora förändringar. Dels har hjärnan krympt på grund av att antalet hjärnceller minskat drastiskt, dels har det ansamlats aggregat både inuti och utanför nervcellerna. Aggregaten kallas för nystan och plack och man vet att dessa spelar en viktig roll för nervcellsöd och demens, men ännu vet man inte vad som sätter igång sjukdomsprocessen.

Genom att ta prover från hjärnan kan man analysera vilka proteiner som finns på plats och hur mycket av dem som ligger inuti nervcellerna. Proteinerna är cellens aktörer vilket betyder att de är involverade i hela cellens maskineri. Att analysera proteinerna i hjärnan från en patient med en hjärnsjukdom ger således en bild av vilken del av maskineriet som inte fungerar. Studier av en stor mängd proteiner på samma gång kallas för proteomik och kan involvera mätningar på tusentals protein samtidigt.

I vår studie analyserar vi proteomet i hjärnmaterial från patienter med Alzheimer och jämför med hjärnvävnad från friska. Vi inkluderar hjärnregioner med olika mängd plack och nystan för att kunna jämföra vilka proteiner som är förändrade i de särskilt drabbade hjärnregionerna. En sådan region är hippocampus som spelar en viktig roll för minnets funktioner. De proteiner som skiljer sig åt mellan mer och mindre drabbade regioner kan spela en viktig roll i sjukdomsförloppet och kommer att studeras närmare. För att göra studien specifik för nervceller separerar vi dem från omkringliggande hjärnvävnad. Där använder vi oss av en metod med vilken vi skär ut hjärnceller med en tunn laserstråle. Utskurna celler samlas i ett rör och analyseras sedan med mass spektrometri som är en metod där man mäter mängden och typen av proteiner. Resultaten bearbetas därefter med hjälp av dataprogram för att identifiera mekanismer och måltavlor för läkemedelsutveckling.

Genom att studera nervcellernas proteiner utan att bygga studien på förutfattade hypoteser, har vi möjligheten att identifiera helt nya komponenter som kan vara verksamma i Alzheimers sjukdom. Dessutom kommer vi att använda den mänskliga hjärnan som grund, inte djurmodeller eller cellsystem, så våra resultat blir direkt relevanta för Alzheimers sjukdom.