



Svenska Tvillingregistret

Tjänstekatalog och prislista

Svenska Tvillingregistret är en KI core facility som erbjuder möjligheter att genomföra olika typer av tvillingstudier.



**Karolinska
Institutet**

Vårt uppdrag

Svenska Tvillingregistrets (STR) uppdrag är att tillhandahålla en longitudinell forskningsresurs för epidemiologiska och molekylära tvillingstudier. STR är öppet för ansökningar från svenska och internationella forskare. För utländska forskare krävs samarbete (medsökande) med svenskt lärosäte. En del av driftskostnaderna för STR tas ut via avgifter för tillgång till resursen i enlighet med praxis för KI core-facilities.

Bakgrund

STR har sin hemvist på Karolinska Institutet sedan 1959. Det inrättades ursprungligen för att studera miljöns betydelse för utveckling av hjärt-kärlsjukdomar och cancer. Sedan dess har dock intresset bräddats till nästan alla vanliga sjukdomar och hälsoproblem. Vi har kontaktat alla nu levande tvillingar och är världens största tvillingregister. Ett stort antal vetenskapliga artiklar har publicerats på data från STR, i genomsnitt rör det sig om ca 100 per år.

Data

Rikstäckande enkätundersökningar och telefonintervjuer har gjorts för olika födelsekohorter sedan 1960-talet. Dessa handlar främst om självrapporterad hälsa och olika exponeringar. Ytterligare information om sjukdomar erhålls genom länknings till svenska hälsoregister. DNA från 50 000 tvillingar och serum för 12000 tvillingar finns lagrade på KI Biobank och är i mån av tillgång tillgängliga för nya mätningar/analyser. Genomvid genotypning (GWAS) av närmare 50 000 deltagare har genomförts och genotyperna kan användas för samanalysering mot olika utfall och egenskaper. För mer detaljerad information om vilka data som finns för vilka kohorter, se www.ki.se/forskning/for-forskare-str.

Studiedesigner

Studiedesigner som efterfrågas och används idag innefattar både klassiska epidemiologiska undersökningar för utvärdering av riskfaktorer för sjuklighet och död samt även genetiska associationsstudier, heritabilitetsstudier (klassisk tvillingdesign samt molekylärt baserade), epigenetik, proteomik och andra så kallade ”omics”-ansatser.

Hur gör man för att tillgång till STR data och resurser?

En expertgrupp träffas 4 gånger per år för att ta beslut för vilka projekt som får genomföras. Godkännande kräver en projektbeskrivning som visar på sund vetenskaplig metodik och att tvillingar inte kontaktas i onödan. Tillgång till data och resurser kräver vidare ett etikgodkännande från Etikprövningsmyndigheten och att avgift till STR betalas enligt gällande tariff (se prislista på sista sidan).

Olika typer av projekt

Heritabilitet

Genom att undersöka hur många par som är konkordanta/diskordanta för sjukdom bland enäggs och tvåäggstvillingar kan man uppskatta den relativa betydelsen av arv (heritabilitet) och miljö för olika sjukdomar och tillstånd. Detta kan även göras för kvantitativa mätningar såsom nivåer av biomarkörer i serum. Motsvarande uppskattning av genetikens betydelse kan även göras molekylärt med hjälp av genomvida genotypningar.

Orsaker till samsjuklighet

Bi- och multivariata tvillinganalyser kan upplysa om varför vissa sjukdomar hänger ihop (samsjuklighet). Frågan kan även belysas genom att använda tillgängliga genomvida genotypningar.

Association inom tvillingpar

Genom att jämföra om ett samband som observerats i populationen också finns inom tvillingpar är det möjligt att undersöka i vilken utsträckning associationen beror på genetik, t.ex. så kallade co-twin control designer.

Diskordanta enäggstvillingar

Eftersom enäggstvillingar delar all sin ärvda arvs massa så kan inte ärftlig genetik variation förklara skillnader mellan enäggstvillingar (t ex när en är sjuk medan den andre är frisk). Diskordanta enäggstvillingar är därför informativa för effekter/mekanismer som beror på miljöfaktorer såsom de novo mutationer, epigenetik, nivåer av metaboliter eller proteiner.



Vad kan STR hjälpa till med?

Rådgivning - studieupplägg och design

Vi hjälper till med erfarenheter från tidigare studier.

Finns det tvillingar och data som är intressanta för min forskningsfråga?

Vi kan ta fram tabeller över antal par med viss fenotyp eller exponering.

- Konkordans/diskordans tabeller (över zygositet och kön)
- Tillgång till data/genotyper/prov för dessa par

Analyskompetens tvillingmodeller

- Vi kan hjälpa till med kvantitativ genetisk metodik såsom strukturella ekvationsmodeller (t ex OpenMX, SAS, STATA, R)

Genotyper

- Genomvida genotypningar (GWAS) finns tillgängliga för närmare 50 000 tvillingar. Tre olika Illumina plattformar har använts, HumanCoreExome (550K), OmniExpress (700K) och Global Screening Array (650K).

Biologiska mätningar, biomarkörer

- För ca 12000 äldre tvillingar så har vi mätt blodtryck, längd, vikt, bmi, midje- och höftmått samt viktiga blodmarkörer: total kolesterol, HDL, LDL, Triglycerider, CRP, Glukos, HbA1C, ApoA1, ApoB och Hemoglobin.

Nya kontakter – insamling av nya data

- Urval
- Namn och adresser

Prislista 2023

Gäller från 2023-01-01

Tjänst	Per	Pris
Sökning konkordans/diskordans över kön och zygositet, tillgänglighet av data	timme	750kr
Ansökningsavgift	st	5000kr
Administrativ kostnad för datauttag vid ny ansökan	st	20 000kr
Administrativ kostnad för datauttag vid tilläggsansökan eller uppdatering av äldre godkänd ansökan	st	7 500kr
Krävande data-uttag	timme	750kr
DNA-prov*	µg	125kr
Serumprov*	µl	12,50kr
GWAS TwinGene (Omni Express N=10 000)	fenotyp	} 50 000kr
GWAS/exome chip (HumanCoreExome N=18 000)	fenotyp	
GWAS/GSA (Illumin N=18 000)	fenotyp	
Statistisk eller vetenskaplig konsultation	timme	1000kr
Adresser och namn för nya kontakter**	adress	10kr

* I mån av tillgång. Minimumkostnad per uttag 25 000kr, därutöver utifrån önskade volymer. Vid stora uttag kan rabatter diskuteras. För uttag som gäller mätningar i hela material och som därmed kan berika STR som infrastruktur bestäms kostnad från fall till fall.

**Minimumkostnad per projekt är 10 000kr. För kontakter som gäller mätningar i hela årskohorter och som därmed kan berika STR som infrastruktur bestäms kostnad från fall till fall.