



GENEFOOD PLUS

Sig.re/ra Prova Prova

N° ACCETTAZIONE 123456	DATA DI REFERTAZIONE 21/07/2021	
DATA DI NASCITA 22/03/1983	SESSO F	
PESO (kg): 58	STATURA (cm): 165	BMI: 21.3

Sintesi degli esiti rilevati sulla base delle condizioni genetiche indagate:

AUMENTO DI PESO LIEVE PREDISPOSIZIONE GENETICA
DIABETE DI TIPO 2 LIEVE PREDISPOSIZIONE GENETICA
PATOLOGIE CARDIOVASCOLARI NON EVIDENTE PREDISPOSIZIONE GENETICA
PREDISPOSIZIONE GENETICA ALLE INTOLLERANZE PREDISPOSIZIONE GENETICA ALLA CELIACHIA E METABOLISMO VELOCE DELLA CAFFEINA

N.B. La sintesi sopra riportata non è una diagnosi clinica (le diagnosi cliniche spettano esclusivamente al medico).



PREDISPOSIZIONE GENETICA ALL'AUMENTO DI PESO

La nostra salute è direttamente correlata alla nostra dieta e alle nostre abitudini alimentari. Da un lato, c'è un caratteristico apporto calorico eccessivo che si traduce in aumento di peso e, dall'altro, c'è un'alimentazione non equilibrata con diete drastiche che non hanno il giusto effetto.

In questa sezione apprendrai come il tuo profilo genetico influenza lo **sviluppo del sovrappeso**.

RISCHIO	LIEVE
----------------	--------------

Di seguito l'elenco dei geni e delle varianti genetiche riscontrate:

GENE	ALLELE		GENOTIPO PAZIENTE
	NORMALE	PREDISPONENTE	
FABP2	C	T	CT
Leptin	A	G	GG
ADIPOq	C	T	TT
FTO	A	T	AT
PPARG	C	G	CC
FTO	C	T	CT
APOA2	A	G	GG
LEPR	C	T	CT
TMEM18	C	T	TT
GNPDA2	A	G	AG
BDNF	C	T	CC



PREDISPOSIZIONE GENETICA AL DIABETE DI TIPO 2

Il diabete di tipo 2 (T2D) è la forma di diabete mellito più comune; secondo le stime più attendibili colpirebbe circa il 90% dei diabetici. Il diabete di tipo 2 si verifica quando il corpo produce una quantità insufficiente di insulina per poter funzionare correttamente o quando si verifica la resistenza all'insulina, che descrive il fallimento delle cellule del corpo a reagire con l'insulina.

In questa sezione apprenderai come il tuo profilo genetico influenza la predisposizione ad un **umentato rischio di T2D**.

RISCHIO	LIEVE
----------------	--------------

Di seguito l'elenco dei geni e delle varianti genetiche riscontrate:

GENE	ALLELE		GENOTIPO PAZIENTE
	NORMALE	PREDISPONENTE	
FABP2	C	T	CT
ADIPOq	C	T	TT
FTO	A	T	AT
PPARG	C	G	CC
TCFL2	C	T	CT
GCK	C	T	CT
GCKR	C	T	CC
SLC30A8	C	T	CT
MTNR1B	C	G	CC
FTO	C	T	CT



PREDISPOSIZIONE GENETICA ALLE PATOLOGIE CARDIOVASCOLARI

Le patologie cardiovascolari sono ancora oggi la causa più comune di malattia e mortalità nel mondo occidentale, Italia compresa. È ormai noto, infatti, che la componente della predisposizione genetica dell'individuo allo sviluppo di patologie cardiovascolari è estremamente importante. In questa sezione apprenderai come il tuo profilo genetico influenza la predisposizione ad un aumentato rischio di sviluppare **patologie cardiovascolari**.

RISCHIO

NON EVIDENTE

Di seguito l'elenco dei geni e delle varianti genetiche riscontrate:

GENE	ALLELE		GENOTIPO PAZIENTE
	NORMALE	PREDISPONENTE	
APOE	C	T	CT
APOE	C	T	CC
FABP2	C	T	CT
ADIPOq	C	T	TT
FTO	A	T	AT
PPARG	C	G	CC
MTHFR	G	A	GA
MTHFR	G	T	TT
TCFL2	C	T	CT
GCKR	C	T	CC
MTNR1B	C	G	CC
FTO	C	T	CT
ADRB1	C	G	CC
CETP	C	G	TG
APOA5	A	G	AA



PREDISPOSIZIONE GENETICA ALLE INTOLLERANZE

Il nostro corpo, con l'aiuto di enzimi specifici, metabolizza il lattosio, il glutine, la caffeina, l'alcol, ed i solfiti, il nichel ecc. dopo il loro consumo. Ciò consente loro di essere utilizzati come nutrienti o impedisce che queste sostanze diventino nocive. Se un certo enzima non funziona in modo ottimale può portare a problemi di salute.

L'intolleranza al lattosio è uno dei fenomeni ben noti, dove manca la lattasi, enzima responsabile della degradazione del lattosio, zucchero del latte. Altro ben noto fenomeno è **l'intolleranza al glutine**, presente nei soggetti celiaci, nei quali a seguito dell'ingestione del glutine si scatena una risposta immunitaria con conseguente infiammazione.

Il test genetico valuta la maggiore o minore predisposizione di un individuo a sviluppare la malattia celiaca. Altri importanti processi sono anche il **metabolismo dell'alcol** e della **caffeina**. In questa sezione scoprirai la tua risposta a queste sostanze e, in base al tuo profilo genetico, ti verranno dato le raccomandazioni più appropriate.

IL TUO RISULTATO: PREDISPOSIZIONE GENETICA ALLA CELIACHIA (DQ2+INETEROZOZIOSI) E VARIANTE PREDISPONENTE AD UN METABOLISMO VELOCE DELLA CAFFEINA.

GENE	ALLELE			MICRONUTRIENTE
	NORMALE	PREDISPONENTE	PAZIENTE	
ALDH2	G	A	GG	Alcol
ALDOB	G	T	GG	Fruttosio
ALDOB	C	G	CC	Fruttosio
LCT (MCM6)	A	G	AG	Lattosio
CBS_a	G	A	GG	Solfiti
CBS_b	G	A	GG	Solfiti
TNF/LTA	A	G	GG	Nichel
FLG	WT	del	WT/WT	Nichel
CYP1A2	C	A	AA	Caffeina
HLADQB1	Normale	Rischio	Rischio	Glutine
HLADQA1	Normale	Rischio	Rischio	Glutine



INFORMAZIONI ESSENZIALI A COMPLETAMENTO DEL TEST

Il test contempla uno studio mirato alle sole variazioni genetiche sulla cui corresponsabilità nell'insorgenza di patologie complesse (es. Obesità, Diabete di tipo 2, patologie cardiovascolari) vi è a sostegno una estesa letteratura scientifica. Questo test rappresenta un utilissimo strumento ai fini del tuo benessere. Va però sottolineato che **non rappresenta una diagnosi clinica, pertanto non sostituisce il parere del medico**. I risultati devono essere valutati ed approvati alla luce della storia anamnestica personale su **verifica del medico curante**.

N.B. L'elenco degli alimenti riportati è redatto in base al tuo profilo genetico e agli errori del metabolismo individuati.

Il test effettuato prende in considerazione le intolleranze ma non le allergie.

Bibliografia

- Liù CC, Liu CC, Kanekiyo T, Xu H, Bu G (February 2013). "Apolipoprotein E and Alzheimer disease: risk, mechanisms and therapy". *Nature Reviews. Neurology*.9(2): 106-18.
- Dana Simona Chita, Anca Tudor, Ruxandra Christodorescu et al *MTHFR Gene Polymorphisms Prevalence and Cardiovascular Risk Factors Involved in Cardioembolic Stroke Type and Severity*. *Brain Sci*. 2020 Aug; 10(8): 476.
- A.Georgopoulos, H. Bloomfield, D. Collins et al., "Codon 54 polymorphism of the fatty acid binding protein (FABP) 2 gene is associated with increased cardiovascular risk in the dyslipidemic diabetic participants of the Veterans Affairs HDL intervention trial (VA-HIT)," *Atherosclerosis*, vol. 194, no. 1, pp. 169-174, 2007.
- Chun-Jian Qiu , Xiao-Zheng Ye, Xiao-Juan Yu, Xiao-Ren Peng, Tong-Fuan Li. *Association between FABP2 Ala54Thr polymorphisms and type 2 diabetes mellitus risk: a HuGE Review and Meta-Analysis* *J Cell Mol Med*. 2014;18(1):30-5
- Dayana RodriguesFarias, Nadya Helena Alves-Santos, Ilana Eshriqui et al. *Leptin gene polymorphism (rs7799039; G2548A) is associated with changes in serum lipid concentrations during pregnancy: a prospective cohort study*. *Eur J Nutr*. 2020 Aug;59(5):1999-2009.
- Crider et al. (2011). *MTHFR 677C->T genotype is associated with folate and homocysteine concentrations in a large, population-based, double-blind trial of folic acid supplementation*. *Am J Clin Nutr*. 93(4):1365-1372
- Chibo Liu , Sihua Ma, Junqin Pan. *The F2 gene rs9939609 polymorphism predicts risk of cardiovascular disease: a systematic review and meta-analysis*. *PLoS One*. 2013 Aug 19;8(8):e71901
- Warodomweng et al. (2009). *ADIPOQ polymorphisms, monounsaturated fatty acids, and obesity risk: the GOLDN study*. *Obesity* 17(3): 510-517
- Hivert et al. (2008). *Common variants in the adiponectin gene (ADIPOQ) associated with plasma adiponectin levels, type 2 diabetes, and diabetes-related quantitative traits: the Birmingham Offspring Study*. *Diabetes* 57(12): 3353-3359
- Mahley RW. *Apolipoprotein E from cardiovascular disease to neurodegenerative disorders*. *J Mol Med (Berl)*. 2016 Jul;94(7):739-46.
- Iwai C, Akita H, Kanazawa K, Shiga N, Terashima M, Matsuda Y, Takai E, Miyamoto Y, Shimizu M, Kajiya T, Hayashi T, Yokoyama M. *Arg389Gly polymorphism of the human beta1-adrenergic receptor in patients with nonfatal acute myocardial infarction*. *Am Heart J*. 2003 Jul;146(1):106-9.
- Willer et al. (2009). *Six new loci associated with body mass index highlight a neuronal influence on body weight regulation*. *Nat Genet* 41(1): 25-34

RISCHIO:	ALTO (elevato numero di varianti genetiche predisponenti)	MEDIO (numero medio di varianti genetiche predisponenti)	LIEVE (basso numero di varianti genetiche predisponenti)	NON EVIDENTE (numero NON SIGNIFICATIVO di varianti genetiche predisponenti)
-----------------	---	--	--	---