

Nutribox

Analisi dei polimorfismi più rilevanti per i diversi quadri clinici principalmente associati alla salute e al benessere personale

Pannelli Proposti

PANNELLO GENI ANALIZZATI

Lattosio	<i>LCT</i>
Celiachia	<i>HLA-DQA1, HLA-DQB1</i>
Intolleranze	<i>LCT, HLA-DQA1, HLA-DQB1</i>
Base 3	<i>FTO, MTHFR, VDR</i>
Base 6	<i>MTHFR, VDR, IL6, PPARγ, SOD2</i>
Nutrizione 6	<i>FTO, MTHFR, VDR, LCT, HLA-DQA1, HLA-DQB1</i>

Descrizione delle analisi

- **FTO** Le varianti del gene FTO sono associate a maggior predisposizione all'accumulo di grasso in caso di inattività. Tuttavia, l'attività fisica svolta con regolarità è in grado di compensare questa predisposizione.
- **HLA-DQA1 e DQB1** E' stata dimostrata una forte associazione tra la celiachia e i geni del complesso di istocompatibilità, HLA II (eterodimeri DQ2 e DQ8); il 90% dei celiaci è portatore dell'antigene DQ2, e nella restante parte riscontriamo la positività per il DQ8.
- **IL6** Citochina coinvolta nella formazione degli ateromi, e quindi nell'insorgenza di dislipidemia e ipertensione. Nel promotore del gene è presente il polimorfismo -174 G/C. I portatori dell'allele C sono più a rischio di iperglicemia e diabete di tipo 2.
- **LCT** Normalmente, l'attività dell'enzima lattasi si riduce con la crescita fino ad interrompersi intorno alla pubertà. Tuttavia, una mutazione associata al gene LCT è in grado di mantenere questa attività anche nell'adulto, permettendo così il consumo di latte senza alcun problema.
- **MTHFR** Enzima del metabolismo dell'omocisteina, amminoacido che in quantità elevata, può avere effetti patologici. L'allele T del sito 677 C/T codifica un enzima con ridotta attività associato a malattia cardiovascolare, osteoporosi e sarcopenia.
- **PPARγ** Recettore nucleare che regola il metabolismo lipidico. In riferimento al polimorfismo Pro12Ala, gli individui C/C presentano un minore BMI con una dieta a basso rapporto acidi grassi polinsaturi:saturi.
- **SOD2** Enzima mitocondriale essenziale per l'inattivazione dei radicali liberi generati dal processo di respirazione cellulare. Il polimorfismo Val16Ala influenza la distribuzione intracellulare dell'enzima. L'allele T (Val) è associato a una diminuzione dell'attività enzimatica e, dunque, a un aumento dello stress ossidativo; per gli omozigoti T/T (Val/Val) è necessario potenziare i meccanismi antiossidanti attraverso la dieta.
- **VDR** Il recettore della vit D (VDR) è coinvolto nell'omeostasi del calcio e nella mineralizzazione dell'osso, con un'implicazione nell'assorbimento del calcio. Il polimorfismo TaqI, localizzato nell'esone 9 del gene, consiste in una variazione nucleotidica T/C in posizione 352. L'allele C è associato a una compromissione del metabolismo della vit D con conseguente aumento del rischio di osteoporosi.