

**VERSAGENE**

UM ÚNICO TESTE. TODOS OS RESULTADOS



# **VERSA ESSENCIAL**



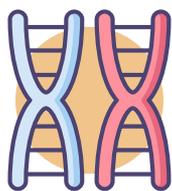
**RESULTADOS  
RELATÓRIO COMPLETO**



### CONHEÇA SEU DNA

#### Conceitos básicos e definições dos termos apresentados no seu relatório

Para que você tire melhor proveito do seu teste genético e não fique com dúvidas na hora de olhar seus relatórios, alguns conceitos básicos são importantes!

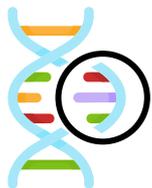


De forma simplificada, você herdou 23 cromossomos do seu pai e 23 cromossomos da sua mãe. Os cromossomos são enumerados de 1 a 22 + o cromossomo sexual, X ou Y.

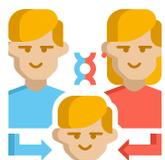
Cada cromossomo no DNA contém sempre os mesmos genes.



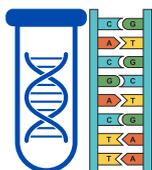
Sendo assim, para todos os genes (exceto os genes dos cromossomos sexuais que seguem regras variáveis), você sempre terá uma cópia herdada do seu pai e uma cópia herdada da sua mãe.



**Gene:** o gene é um segmento da molécula de DNA e é responsável pelas características herdadas geneticamente. Cada gene é composto por uma sequência específica de bases, representadas pelas letras A, T, C e G. E cada gene contém uma “receita” para produzir uma proteína que desempenha uma função específica no organismo.



**Alelos:** os alelos são representados pelas letras do DNA (A, T, C ou G) e você tem 2 alelos em cada posição genética, um alelo materno e um alelo paterno, afinal, você tem 2 cópias de cada gene!



**Polimorfismo ou SNP:** um SNP nada mais é que a troca de uma única letra em um trecho de DNA que compõe um gene! Sendo assim, o polimorfismo é uma variação genética à forma “original” do gene. Essa variação pode ou não ocasionar problemas de saúde, dependendo da localização em que se encontra no DNA! Veja a ilustração na próxima página!



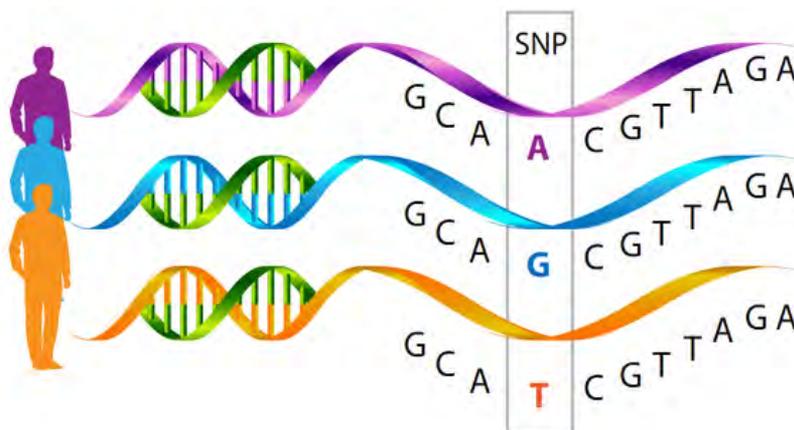
### CONHEÇA SEU DNA

#### Como funciona a troca de bases e as variações genéticas no DNA?

Vamos imaginar que a ilustração abaixo mostra um gene qualquer do seu DNA e na quarta posição do gene, você tem uma letra A.



O que ocorre é que, por mais que os seres humanos sejam semelhantes geneticamente, a diversidade de características é imensa. Essa diversidade acontece, pois nem todos os seres humanos possuem uma letra A na 4ª posição do nosso gene do exemplo!



Como pode ser visto acima, existem outras possibilidades para uma mesma posição no gene. E isso pode acontecer em diversas regiões em um mesmo gene! A troca da letra em uma determinada posição genética é o que chamamos de polimorfismo ou SNP.

Suponhamos que a letra A que você carrega seja correspondente à versão “original” do gene, isso significa que os indivíduos com alelos G ou T do exemplo acima são portadores de variantes genéticas. O efeito na saúde depende da versão do gene que você carrega!

As variantes genéticas são identificadas universalmente com códigos individuais que seguem um padrão de iniciar com as letras rs, como **rs6536991** do gene **UCPI**.

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: GERENCIAMENTO DO PESO CORPORAL**

**Seus resultados**

**031 - PAINEL VERSA | NUTRIÇÃO - COMPOSIÇÃO CORPORAL E RISCO DE OBESIDADE**

A obesidade é uma doença crônica, que se caracteriza principalmente pelo acúmulo excessivo de gordura corporal. O número de pessoas obesas tem crescido rapidamente, tornando a doença um problema de saúde pública. Pessoas obesas têm maior probabilidade de desenvolver doenças como pressão alta, diabetes, problemas nas articulações, dificuldades respiratórias, gota, pedras na vesícula e até algumas formas de câncer.

Pesquisas mostram que cerca de 60% da suscetibilidade à obesidade se deve a diferenças genéticas. A combinação das medidas da circunferência da cintura com o IMC aumenta o componente genético para 77%.

**Genes Analisados**

**FTO, UCP1, MC4R, ADIPOQ, NPY, SH2B1, SLC6A14, FAM71F1,**

**Relação Genética**

A genética desempenha um papel importante no risco de obesidade, influenciando como o corpo armazena e utiliza energia. Variações em genes relacionados ao metabolismo, apetite e regulação de gordura podem aumentar a predisposição para o ganho de peso. Pessoas com certas variantes genéticas podem ter maior dificuldade em controlar o apetite, metabolizar nutrientes de forma eficiente ou queimar calorias. No entanto, a obesidade é resultado de uma interação entre genes e fatores ambientais, como dieta e estilo de vida. Entender essas predisposições genéticas pode ajudar em abordagens mais personalizadas para prevenir e tratar a obesidade.

**Como analisar os resultados?**

Alterações amarelas ou vermelhas no gene FTO podem indicar maior tendência ao acúmulo de gordura. MC4R e NPY estão ligados ao controle da fome e compulsão alimentar. UCP1 atua na termogênese, afetando a queima calórica. ADIPOQ influencia a sensibilidade à insulina e inflamação. Já SH2B1, SLC6A14 e FAM71F1 estão associados à obesidade e ao transporte de nutrientes. Com base no perfil genético, é possível adotar estratégias mais eficazes para o controle e manutenção do peso.



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC6226269/>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC5441178/>  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/18258631/>  
<https://www.einstein.br/doencas-sintomas/obesidade>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC5441178/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: GERENCIAMENTO DO PESO CORPORAL****Seus resultados**

**GENE: FTO**  
**SNP: rs99\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: AA**  
**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Maior risco de obesidade, aumento do IMC, aumento da expressão de FTO.

O gene FTO (Fat Mass and Obesity-Associated) está associado à regulação do metabolismo energético e ao controle do apetite. Variantes desse gene podem influenciar o acúmulo de gordura corporal, o que aumenta a predisposição ao sobrepeso e à obesidade. Ele atua principalmente no controle do comportamento alimentar, afetando a sensação de saciedade e a preferência por alimentos ricos em calorias. Pessoas com certas variantes do FTO podem apresentar maior risco de ganho de peso, especialmente quando expostas a dietas hipercalóricas e estilos de vida sedentários.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Reduza as calorias: em um estudo, uma dieta com baixo teor de gordura e baixa quantidade de calorias funcionou melhor para aqueles que carregavam a variante de risco.

Estudo de referência: PMID 17658951

**GENE: FTO**  
**SNP: rs1\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: AA**  
**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** IMC mais alto, mas não associado a problemas relacionados à obesidade, a dieta rica em proteínas funciona melhor para perda de peso.

O gene FTO (Fat Mass and Obesity-Associated) está associado à regulação do metabolismo energético e ao controle do apetite. Variantes desse gene podem influenciar o acúmulo de gordura corporal, o que aumenta a predisposição ao sobrepeso e à obesidade. Ele atua principalmente no controle do comportamento alimentar, afetando a sensação de saciedade e a preferência por alimentos ricos em calorias. Pessoas com certas variantes do FTO podem apresentar maior risco de ganho de peso, especialmente quando expostas a dietas hipercalóricas e estilos de vida sedentários.

Estudo de referência: PMID 18379722

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: GERENCIAMENTO DO PESO CORPORAL**

**Seus resultados**

**GENE: FTO**  
**SNP: rs3\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: TT**  
**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Índice de massa corporal (IMC) mais alto, porém sem aumento no risco de diabetes. Tendência de apresentar colesterol HDL mais baixo e LDL mais alto.

O gene FTO (Fat Mass and Obesity-Associated) está associado à regulação do metabolismo energético e ao controle do apetite. Variantes desse gene podem influenciar o acúmulo de gordura corporal, o que aumenta a predisposição ao sobrepeso e à obesidade. Ele atua principalmente no controle do comportamento alimentar, afetando a sensação de saciedade e a preferência por alimentos ricos em calorias. Pessoas com certas variantes do FTO podem apresentar maior risco de ganho de peso, especialmente quando expostas a dietas hipercalóricas e estilos de vida sedentários.

Estudo de referência: PMID 27324062

**GENE: FAM71F1**  
**SNP: rs69\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: GG**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de obesidade familiar.

O gene FAM71F1 é um gene menos estudado, e sua função exata ainda não está completamente elucidada. No entanto, pesquisas indicam que ele pode estar envolvido em processos celulares relacionados ao desenvolvimento e à regulação do ciclo celular. Embora suas funções específicas ainda estejam sendo investigadas, é possível que esse gene desempenhe um papel em funções biológicas importantes que envolvem a manutenção e o desenvolvimento de células em certos tecidos. Mais estudos são necessários para compreender melhor suas implicações na saúde e nas doenças.

Estudo de referência: PMID 18317470

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: GERENCIAMENTO DO PESO CORPORAL

## Seus resultados

**GENE:** UCP1

**SNP:** rs6\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** TT

**CLASSIFICAÇÃO:** Ruim

**RISCO:** Não possui alelos de aumento de gasto energético corporal.  
Risco normal (maior) de obesidade. Gasto energético normal.

O gene UCP1 (Proteína Desacopladora 1) desempenha um papel crucial na regulação da termogênese, o processo pelo qual o corpo gera calor a partir de gordura, especialmente na gordura marrom. Essa proteína, expressa principalmente no tecido adiposo marrom, desacopla a produção de energia nas mitocôndrias, permitindo que a energia seja dissipada como calor em vez de ser armazenada como ATP. O UCP1 ajuda a controlar o equilíbrio energético e o metabolismo, influenciando a capacidade do corpo de queimar gordura, o que o torna relevante para o controle de peso e a resposta ao frio.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Aumente o gasto calórico através de atividades físicas regulares. O exercício regular é essencial para pessoas com o genótipo TT, pois ajuda a controlar o peso e melhora a sensibilidade à insulina, reduzindo o risco de acúmulo de gordura corporal.

Estudo de referência: PMC3526455

**GENE:** UCP1

**SNP:** rs1\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** TC

**CLASSIFICAÇÃO:** Regular

**RISCO:** Risco levemente aumentado de sobrepeso/obesidade.

O gene UCP1 (Proteína Desacopladora 1) desempenha um papel crucial na regulação da termogênese, o processo pelo qual o corpo gera calor a partir de gordura, especialmente na gordura marrom. Essa proteína, expressa principalmente no tecido adiposo marrom, desacopla a produção de energia nas mitocôndrias, permitindo que a energia seja dissipada como calor em vez de ser armazenada como ATP. O UCP1 ajuda a controlar o equilíbrio energético e o metabolismo, influenciando a capacidade do corpo de queimar gordura, o que o torna relevante para o controle de peso e a resposta ao frio.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Exposição ao frio: uma maneira de estimular a gordura marrom é se expor ao frio. Para fazer isso, você pode tentar finalizar o seu banho com 30 segundos de água fria.

Estudo de referência: PMID 19076691

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: GERENCIAMENTO DO PESO CORPORAL**

**Seus resultados**

**GENE: MC4R**

**SNP: rs2\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Risco normal de obesidade. Risco normal de síndrome metabólica. Sem alelos de proteção contra a obesidade.

O gene MC4R (Receptor de Melanocortina 4) está envolvido na regulação do apetite e do equilíbrio energético no corpo. Ele codifica um receptor localizado no cérebro, especificamente no hipotálamo, que desempenha um papel fundamental no controle da saciedade e no gasto energético. Quando ativado, o MC4R sinaliza ao corpo que é hora de parar de comer, ajudando a manter o peso corporal. Variantes genéticas no MC4R podem comprometer essa função, levando a uma maior predisposição ao ganho de peso e à obesidade, pois afetam a sensação de saciedade e o controle do apetite.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Você não possui variantes genéticas que ofereçam proteção natural contra o sobrepeso e a obesidade. Embora isso não represente um risco imediato, seu organismo é mais vulnerável em situações que favoreçam o ganho de peso. Para minimizar isso, é recomendável adotar hábitos saudáveis, incluindo o aumento da ingestão de fibras e ômega-3.

Estudo de referência: PMID 18239646

**GENE: MC4R**

**SNP: rs17\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TC**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Índice de massa corporal (IMC) levemente aumentado. Risco reduzido de ganho de peso com o uso de antipsicóticos.

O gene MC4R (Receptor de Melanocortina 4) está envolvido na regulação do apetite e do equilíbrio energético no corpo. Ele codifica um receptor localizado no cérebro, especificamente no hipotálamo, que desempenha um papel fundamental no controle da saciedade e no gasto energético. Quando ativado, o MC4R sinaliza ao corpo que é hora de parar de comer, ajudando a manter o peso corporal. Variantes genéticas no MC4R podem comprometer essa função, levando a uma maior predisposição ao ganho de peso e à obesidade, pois afetam a sensação de saciedade e o controle do apetite.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Aumentar a ingestão de fibras pode melhorar a saciedade e influenciar positivamente a regulação do apetite por meio da produção de peptídeos intestinais (como o GLP-1), que estão ligados à ativação do sistema da melanocortina.

Estudo de referência: PMID 23874820, 23277235 [antipsicóticos]

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: GERENCIAMENTO DO PESO CORPORAL****Seus resultados**

**GENE: MC4R** **RISCO:** Risco aumentado de obesidade.  
**SNP: rs17\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: GA**  
**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene MC4R (Receptor de Melanocortina 4) está envolvido na regulação do apetite e do equilíbrio energético no corpo. Ele codifica um receptor localizado no cérebro, especificamente no hipotálamo, que desempenha um papel fundamental no controle da saciedade e no gasto energético. Quando ativado, o MC4R sinaliza ao corpo que é hora de parar de comer, ajudando a manter o peso corporal. Variantes genéticas no MC4R podem comprometer essa função, levando a uma maior predisposição ao ganho de peso e à obesidade, pois afetam a sensação de saciedade e o controle do apetite.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Aumente a ingestão de fibras. Fármacos baseados em GLP-1, como o liraglutida, têm mostrado bons resultados no controle do peso, e acredita-se que parte de sua ação envolva a ativação do sistema de melanocortina.

Estudo de referência: PMC2669167

**GENE: MC4R** **RISCO:** Tendência ao IMC aumentado.  
**SNP: rs57\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: CA**  
**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene MC4R (Receptor de Melanocortina 4) está envolvido na regulação do apetite e do equilíbrio energético no corpo. Ele codifica um receptor localizado no cérebro, especificamente no hipotálamo, que desempenha um papel fundamental no controle da saciedade e no gasto energético. Quando ativado, o MC4R sinaliza ao corpo que é hora de parar de comer, ajudando a manter o peso corporal. Variantes genéticas no MC4R podem comprometer essa função, levando a uma maior predisposição ao ganho de peso e à obesidade, pois afetam a sensação de saciedade e o controle do apetite.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Aumente a ingestão ou suplementação de ômega-3. Embora o ômega-3 não atue diretamente no MC4R, sua modulação sobre a leptina pode impactar positivamente a via de melanocortina.

Estudo de referência: PMC3014648

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: GERENCIAMENTO DO PESO CORPORAL**

**Seus resultados**

**GENE: MC4R** **RISCO:** Tendência à circunferência da cintura aumentada.  
**SNP: rs12\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: GA**  
**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene MC4R (Receptor de Melanocortina 4) está envolvido na regulação do apetite e do equilíbrio energético no corpo. Ele codifica um receptor localizado no cérebro, especificamente no hipotálamo, que desempenha um papel fundamental no controle da saciedade e no gasto energético. Quando ativado, o MC4R sinaliza ao corpo que é hora de parar de comer, ajudando a manter o peso corporal. Variantes genéticas no MC4R podem comprometer essa função, levando a uma maior predisposição ao ganho de peso e à obesidade, pois afetam a sensação de saciedade e o controle do apetite.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Embora ainda em fase preliminar de estudos, há algumas evidências que sugerem que as cetonas de framboesa podem aumentar a produção de adiponectina, que regula a quebra de gordura e pode ter um efeito positivo indireto na via de melanocortina.

Estudo de referência: PMID 18454146 [Amostra do estudo: 2.684 indivíduos e 11.955 controles]

**GENE: ADIPOQ** **RISCO:** Níveis mais baixos de adiponectina na maioria das populações.  
**SNP: rs15\*\*\*\*\*** Possivelmente maior risco de resistência à insulina.  
**SEUS ALELOS: GG**  
**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

O gene ADIPOQ é responsável pela produção da adiponectina, um hormônio secretado pelo tecido adiposo que desempenha um papel crucial na regulação do metabolismo da glicose e dos ácidos graxos. A adiponectina melhora a sensibilidade à insulina, auxilia no controle dos níveis de glicose no sangue e promove a quebra de ácidos graxos, ajudando a prevenir doenças como diabetes tipo 2 e doenças cardiovasculares. Variantes no gene ADIPOQ podem influenciar os níveis de adiponectina no corpo, impactando o metabolismo e aumentando o risco de resistência à insulina, obesidade e distúrbios metabólicos.

Estudo de referência: PMID 19543786

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: GERENCIAMENTO DO PESO CORPORAL****Seus resultados**

**GENE: NPY** **RISCO:** Risco normal de obesidade.  
**SNP: rs1\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: TT**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene NPY codifica o neuropeptídeo Y, um dos neurotransmissores mais abundantes no cérebro, que desempenha um papel crucial na regulação do apetite, controle do comportamento alimentar e equilíbrio energético. O NPY estimula o apetite, promovendo o aumento da ingestão de alimentos, especialmente em resposta ao estresse e a baixos níveis de glicose no sangue. Além disso, está envolvido na regulação da ansiedade e do armazenamento de gordura no corpo. Variantes no gene NPY podem influenciar o risco de obesidade e distúrbios alimentares, afetando a maneira como o corpo responde à fome e ao estresse.

Estudo de referência: PMID 16568137

**GENE: SH2B1** **RISCO:** Risco normal de obesidade.  
**SNP: rs73\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: CC**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene SH2B1 codifica uma proteína adaptadora que desempenha um papel importante na sinalização celular, especialmente nas vias que regulam o metabolismo, a homeostase energética e o controle do apetite. Ele está envolvido na amplificação dos sinais de insulina e leptina, hormônios fundamentais para a regulação do peso corporal, do metabolismo da glicose e da ingestão alimentar. Variantes no gene SH2B1 podem afetar essa sinalização, levando a um risco aumentado de obesidade, resistência à insulina e distúrbios metabólicos, devido à desregulação do apetite e do controle do peso.

Estudo de referência: PMID 29126384, 29631267

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: CONTROLE DO APETITE E SACIEDADE

Seus resultados

### **032 - PAINEL VERSA | NUTRIÇÃO - APETITE E COMPULSÃO ALIMENTAR**

A compulsão alimentar é um distúrbio caracterizado pelo consumo excessivo e descontrolado de grandes quantidades de alimentos em um curto período, geralmente acompanhado de sentimentos de culpa e vergonha. Durante os episódios de compulsão, a pessoa tende a comer mesmo sem fome e não consegue parar, buscando alívio emocional ou prazer imediato. Fatores psicológicos, emocionais e biológicos podem contribuir para o desenvolvimento da compulsão alimentar, incluindo desequilíbrios hormonais e predisposições genéticas que afetam o controle do apetite e os mecanismos de recompensa no cérebro. A compulsão alimentar pode levar a problemas de saúde como obesidade, ansiedade e depressão, exigindo tratamento especializado.

## **Genes Analisados**

**LEPR, GHRL, GHSR,**

### **Relação Genética**

A genética pode influenciar o risco de desenvolver compulsão alimentar, afetando mecanismos de controle do apetite, a regulação das emoções e os sistemas de recompensa no cérebro. Variações em genes relacionados aos neurotransmissores, como a dopamina e a serotonina, podem alterar a sensação de prazer e saciedade, levando algumas pessoas a buscar conforto emocional através da comida. Além disso, predisposições genéticas podem tornar certos indivíduos mais vulneráveis a distúrbios de controle dos impulsos, aumentando a probabilidade de episódios de compulsão alimentar. Entender esses fatores genéticos pode ajudar a personalizar abordagens para a prevenção e o tratamento do transtorno.

### **Como analisar os resultados?**

Os genes LEPR, GHRL e GHSR estão envolvidos na sinalização da leptina e grelina, hormônios da saciedade e da fome, respectivamente. Alterações nesses genes podem levar a um aumento do apetite, maior frequência de desejos por comida e menor controle sobre a ingestão alimentar. No relatório, sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de dificuldade no controle alimentar. Nestes casos, priorize refeições com boa saciedade, como aquelas ricas em fibras e proteínas, e evite longos períodos em jejum.



<https://www.urmc.rochester.edu/encyclopedia/content.aspx?contenttypeid=56&contentid=4132>

<https://nutritionj.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12937-018-0427-x>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: CONTROLE DO APETITE E SACIEDADE****Seus resultados**

**GENE: LEPR**  
**SNP: rs11\*\*\*\*\***

**RISCO:** Risco normal de obesidade. Risco normal de compulsão alimentar.

**SEUS ALELOS: AA**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene LEPR codifica o receptor de leptina, um hormônio produzido pelo tecido adiposo que desempenha um papel essencial no controle do apetite e na regulação do metabolismo energético. A leptina sinaliza ao cérebro, especificamente ao hipotálamo, que o corpo possui reservas adequadas de gordura, ajudando a reduzir a ingestão alimentar e aumentar o gasto energético. O receptor de leptina, codificado pelo LEPR, permite que essa comunicação ocorra. Variantes no gene LEPR podem prejudicar essa sinalização, levando à resistência à leptina, o que está associado a aumento do apetite, ganho de peso e risco de obesidade.

Estudo de referência: PMID 20183928

**GENE: LEPR**  
**SNP: rs11\*\*\*\*\***

**RISCO:** Risco normal de obesidade. Risco normal de compulsão alimentar.

**SEUS ALELOS: AA**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene LEPR codifica o receptor de leptina, um hormônio produzido pelo tecido adiposo que desempenha um papel essencial no controle do apetite e na regulação do metabolismo energético. A leptina sinaliza ao cérebro, especificamente ao hipotálamo, que o corpo possui reservas adequadas de gordura, ajudando a reduzir a ingestão alimentar e aumentar o gasto energético. O receptor de leptina, codificado pelo LEPR, permite que essa comunicação ocorra. Variantes no gene LEPR podem prejudicar essa sinalização, levando à resistência à leptina, o que está associado a aumento do apetite, ganho de peso e risco de obesidade.

Estudo de referência: PMID: 21512510

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: CONTROLE DO APETITE E SACIEDADE**

**Seus resultados**

**GENE: LEPR**  
**SNP: rs2\*\*\*\*\***

**RISCO:** Menor risco de comportamento beliscador, menor risco de obesidade.

**SEUS ALELOS: AA**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene LEPR codifica o receptor de leptina, um hormônio produzido pelo tecido adiposo que desempenha um papel essencial no controle do apetite e na regulação do metabolismo energético. A leptina sinaliza ao cérebro, especificamente ao hipotálamo, que o corpo possui reservas adequadas de gordura, ajudando a reduzir a ingestão alimentar e aumentar o gasto energético. O receptor de leptina, codificado pelo LEPR, permite que essa comunicação ocorra. Variantes no gene LEPR podem prejudicar essa sinalização, levando à resistência à leptina, o que está associado a aumento do apetite, ganho de peso e risco de obesidade.

Estudo de referência: PMID 17192493

**GENE: GHRL**  
**SNP: rs4\*\*\*\*\***

**RISCO:** Risco normal de compulsão alimentar.

**SEUS ALELOS: TT**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene GHRL codifica a grelina, um hormônio produzido principalmente no estômago, que desempenha um papel crucial na regulação do apetite e no equilíbrio energético. A grelina é conhecida como o "hormônio da fome", pois estimula o apetite ao sinalizar ao cérebro que o corpo precisa de alimento, além de promover o armazenamento de gordura. Ela também influencia a liberação do hormônio do crescimento, regulando o metabolismo e o uso de energia. Variantes no gene GHRL podem impactar a regulação do apetite e estão associadas a distúrbios alimentares, obesidade e metabolismo energético.

Estudo de referência: PMID: 19165163

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: CONTROLE DO APETITE E SACIEDADE****Seus resultados****GENE: GHSR****RISCO:** Risco normal de compulsão alimentar.**SNP: rs5\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene GHSR codifica o receptor do hormônio grelina, conhecido como receptor de grelina (GHSR). Esse receptor é essencial na mediação dos efeitos da grelina, o "hormônio da fome", que estimula o apetite e regula o balanço energético. Quando a grelina se liga ao GHSR, isso ativa sinais no cérebro, principalmente no hipotálamo, que aumentam a sensação de fome e promovem o armazenamento de energia na forma de gordura. Além disso, o GHSR está envolvido na liberação do hormônio do crescimento. Variantes nesse gene podem influenciar o controle do apetite, metabolismo e predisposição a obesidade e distúrbios metabólicos.

Estudo de referência: PMID: 19165163

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: METABOLISMO DE GORDURAS

## Seus resultados

### **033 - PAINEL VERSA | NUTRIÇÃO - METABOLISMO LIPÍDICO**

O metabolismo de gorduras é o processo pelo qual o corpo quebra as gorduras ingeridas para gerar energia ou armazená-las. As gorduras são transformadas em ácidos graxos e glicerol no intestino, sendo absorvidas e transportadas pelo sangue até as células. No fígado, essas moléculas podem ser convertidas em energia através de um processo chamado beta-oxidação. Quando a ingestão de gorduras excede as necessidades energéticas, o corpo armazena o excesso em forma de tecido adiposo. Fatores genéticos, hormonais e estilo de vida influenciam a eficiência desse metabolismo, impactando o peso e a saúde geral.

## **Genes Analisados**

**PPARG, ECA, APOA2, TCF7L2, FADS1, FADS2, ACADS,**

### **Relação Genética**

A genética influencia diretamente o metabolismo de gorduras, determinando como o corpo processa e armazena lipídios. Variantes genéticas podem afetar a eficiência da quebra de gorduras em ácidos graxos, o transporte dessas moléculas no sangue e sua conversão em energia no fígado. Pessoas com certas predisposições genéticas podem ter um metabolismo de gorduras mais lento, levando ao acúmulo de tecido adiposo e maior risco de ganho de peso e problemas de saúde como colesterol alto. Entender essas variações genéticas pode ajudar a personalizar dietas e estratégias para otimizar o metabolismo de gorduras e promover uma saúde melhor.

### **Como analisar os resultados?**

O relatório de metabolismo lipídico analisa genes que afetam a forma como seu corpo absorve, utiliza e armazena gorduras. Genes como PPARG, APOA2 e FADS1/FADS2 influenciam a resposta a diferentes tipos de gordura, enquanto TCF7L2 e ECA podem afetar a sensibilidade à insulina e ao colesterol. Já ACADS atua na quebra de ácidos graxos de cadeia curta. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de desequilíbrio no metabolismo de lipídios. Nestes casos, é indicado reduzir o consumo de gorduras saturadas e priorizar fontes saudáveis, como peixes, azeite de oliva e sementes.



<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17171387/>

<https://www.merckmanuals.com/professional/endocrine-and-metabolic-disorders/lipid-disorders/overview-of-lipid-metabolism>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC3075550/>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC4829583/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DE GORDURAS****Seus resultados****GENE: PPARG****SNP: rs18\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Metabolismo normal de gorduras dietéticas. Risco normal de diabetes tipo 2.

O gene PPARG codifica o receptor ativado por proliferador de peroxissoma gama (PPAR-?), um fator de transcrição envolvido na regulação do armazenamento de gordura, metabolismo da glicose e diferenciação de células adiposas. Ele desempenha um papel central no controle da sensibilidade à insulina e na distribuição de gordura corporal, além de influenciar a inflamação. Variantes no gene PPARG podem impactar o risco de desenvolver obesidade, diabetes tipo 2 e outros distúrbios metabólicos, uma vez que afetam a maneira como o corpo armazena gordura e responde à insulina.

Estudo de referência: PMID 22102511

**GENE: ECA****SNP: rs4\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GG****CLASSIFICAÇÃO: Ruim****RISCO:** A dieta rica em gordura saturada pode aumentar a pressão arterial e o risco de doença cardíaca.

O gene ECA (ou ACE, em inglês) codifica a enzima conversora de angiotensina (ECA), uma proteína-chave no sistema renina-angiotensina, responsável pela regulação da pressão arterial e do equilíbrio de líquidos no corpo. A ECA converte a angiotensina I em angiotensina II, um potente vasoconstritor que aumenta a pressão arterial ao contrair os vasos sanguíneos. Além disso, a angiotensina II estimula a liberação de aldosterona, que regula o equilíbrio de sódio e água. Variantes no gene ECA podem influenciar o risco de hipertensão, doenças cardiovasculares e outros distúrbios relacionados à regulação da pressão arterial.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Hibiscus sabdariffa, também conhecido como Rosella ou Sour Tea, é uma bebida tradicional que demonstrou inibir a atividade da ECA e reduzir a pressão arterial.

Estudo de referência: PMID 28096099 [Aumento de 15% nas concentrações de ECA na dieta rica em gorduras]

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DE GORDURAS****Seus resultados****GENE: APOA2****RISCO:** Risco normal de obesidade e/ou hipercolesterolemia.**SNP: rs5\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: AA****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene APOA2 codifica a apolipoproteína A-II, uma proteína que desempenha um papel importante no metabolismo dos lipídios e na regulação dos níveis de colesterol no sangue. A APOA2 está presente nas partículas de lipoproteínas de alta densidade (HDL), também conhecidas como "colesterol bom", e influencia o transporte e a remoção de gorduras. Variantes no gene APOA2 podem afetar a maneira como o corpo metaboliza gorduras e sua resposta à dieta, influenciando o risco de obesidade, níveis de colesterol e doenças cardiovasculares. Ele também pode impactar a resposta do organismo a diferentes tipos de gorduras na dieta.

Estudo de referência: PMID 24382995

**GENE: TCF7L2****RISCO:** Risco normal de síndrome metabólica.**SNP: rs7\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene TCF7L2 codifica o fator de transcrição 7-like 2, uma proteína que desempenha um papel crucial na regulação da secreção de insulina e no metabolismo da glicose. Ele está envolvido na via de sinalização Wnt, que influencia a expressão de genes relacionados ao controle dos níveis de açúcar no sangue. Variantes no gene TCF7L2 são fortemente associadas ao aumento do risco de diabetes tipo 2, pois podem prejudicar a capacidade do pâncreas de liberar insulina de forma eficiente, levando à resistência à insulina e ao descontrole glicêmico. Esse gene é um dos principais fatores de risco genético para o desenvolvimento do diabetes tipo 2.

Estudo de referência: PMID 22916254, 21543200

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DE GORDURAS**

**Seus resultados**

**GENE: FADS1**

**SNP: rs1\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CT**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Menor atividade da enzima FADS1. Maior benefício da ingestão de EPA/DHA para reduzir os níveis elevados de triglicerídeos.

O gene FADS1 codifica a enzima delta-5 dessaturase, que desempenha um papel essencial no metabolismo dos ácidos graxos poli-insaturados. Essa enzima é responsável pela conversão de ácidos graxos essenciais, como o ácido linoleico e o ácido alfa-linolênico, em ácidos graxos de cadeia longa, como o ácido araquidônico e o ácido eicosapentaenoico (EPA), que são importantes para a função celular, a inflamação e a saúde cardiovascular. Variantes no gene FADS1 podem influenciar a eficiência dessa conversão, impactando os níveis de ácidos graxos no corpo e o risco de condições inflamatórias, doenças cardíacas e metabólicas.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Você pode ter dificuldade em converter o ácido alfa-linolênico (ALA), encontrado em fontes vegetais de ômega-3, em EPA e DHA, que são mais bioativos. É recomendável consumir diretamente fontes ricas em EPA e DHA, como peixes gordurosos (salmão, sardinha, atum, cavala), suplementos de óleo de peixe ou óleo de krill, óleo de algas (para vegetarianos e veganos).

Estudo de referência: PMID 20427696

**GENE: FADS2**

**SNP: rs1\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AG**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Possivelmente atividade reduzida de FADS2. QI aumentado em 4 pontos, quando amamentado na infância.

O gene FADS2 codifica a enzima delta-6 dessaturase, que é essencial para a conversão de ácidos graxos essenciais, como o ácido linoleico (ômega-6) e o ácido alfa-linolênico (ômega-3), em ácidos graxos poli-insaturados de cadeia longa, como o ácido araquidônico (AA) e o ácido docosaexaenoico (DHA). Esses ácidos graxos são cruciais para a saúde celular, função cerebral, regulação da inflamação e desenvolvimento do sistema nervoso. Variantes no gene FADS2 podem afetar a eficiência dessa conversão, influenciando os níveis de ácidos graxos no organismo e o risco de doenças inflamatórias, cardiovasculares e metabólicas.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Você pode ter dificuldade em converter o ácido alfa-linolênico (ALA), encontrado em fontes vegetais de ômega-3, em EPA e DHA, que são mais bioativos. É recomendável consumir diretamente fontes ricas em EPA e DHA, como peixes gordurosos (salmão, sardinha, atum, cavala), suplementos de óleo de peixe ou óleo de krill, óleo de algas (para vegetarianos e veganos).

Estudo de referência: PMID 21829377

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DE GORDURAS****Seus resultados****GENE: ACADS****SNP: rs18\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Negativo para deficiência de acil-CoA desidrogenase de cadeia curta.

O gene ACADS codifica a enzima acil-CoA desidrogenase de cadeia curta, que desempenha um papel fundamental na oxidação de ácidos graxos de cadeia curta nas mitocôndrias. Essa enzima é essencial para o metabolismo energético, pois permite que o corpo utilize ácidos graxos como fonte de energia, especialmente durante períodos de jejum. Deficiências no gene ACADS podem levar a distúrbios metabólicos, como a deficiência de acil-CoA desidrogenase de cadeia curta (SCAD), que pode resultar em acúmulo de ácidos graxos não metabolizados, causando fraqueza muscular, hipoglicemia e outros problemas metabólicos.

Estudo de referência: OMIM606885

**GENE: ACADS****SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Negativo para deficiência de acil-CoA desidrogenase de cadeia curta.

O gene ACADS codifica a enzima acil-CoA desidrogenase de cadeia curta, que desempenha um papel fundamental na oxidação de ácidos graxos de cadeia curta nas mitocôndrias. Essa enzima é essencial para o metabolismo energético, pois permite que o corpo utilize ácidos graxos como fonte de energia, especialmente durante períodos de jejum. Deficiências no gene ACADS podem levar a distúrbios metabólicos, como a deficiência de acil-CoA desidrogenase de cadeia curta (SCAD), que pode resultar em acúmulo de ácidos graxos não metabolizados, causando fraqueza muscular, hipoglicemia e outros problemas metabólicos.

Estudo de referência: OMIM606885

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DE GORDURAS****Seus resultados****GENE: ACADS****SNP: rs61\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Negativo para deficiência de acil-CoA desidrogenase de cadeia curta.

O gene ACADS codifica a enzima acil-CoA desidrogenase de cadeia curta, que desempenha um papel fundamental na oxidação de ácidos graxos de cadeia curta nas mitocôndrias. Essa enzima é essencial para o metabolismo energético, pois permite que o corpo utilize ácidos graxos como fonte de energia, especialmente durante períodos de jejum. Deficiências no gene ACADS podem levar a distúrbios metabólicos, como a deficiência de acil-CoA desidrogenase de cadeia curta (SCAD), que pode resultar em acúmulo de ácidos graxos não metabolizados, causando fraqueza muscular, hipoglicemia e outros problemas metabólicos.

Estudo de referência: OMIM606885

**GENE: ACADS****SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Negativo para deficiência de acil-CoA desidrogenase de cadeia curta.

O gene ACADS codifica a enzima acil-CoA desidrogenase de cadeia curta, que desempenha um papel fundamental na oxidação de ácidos graxos de cadeia curta nas mitocôndrias. Essa enzima é essencial para o metabolismo energético, pois permite que o corpo utilize ácidos graxos como fonte de energia, especialmente durante períodos de jejum. Deficiências no gene ACADS podem levar a distúrbios metabólicos, como a deficiência de acil-CoA desidrogenase de cadeia curta (SCAD), que pode resultar em acúmulo de ácidos graxos não metabolizados, causando fraqueza muscular, hipoglicemia e outros problemas metabólicos.

Estudo de referência: OMIM606885

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: METABOLISMO DE CARBOIDRATOS**

**Seus resultados**

## **034 - PAINEL VERSA | NUTRIÇÃO - METABOLISMO DE CARBOIDRATOS**

O metabolismo de carboidratos é o processo pelo qual o corpo converte carboidratos em glicose, sua principal fonte de energia. Após a ingestão, os carboidratos são quebrados em açúcares simples e absorvidos pelo intestino, entrando na corrente sanguínea. A glicose é então utilizada pelas células como combustível ou armazenada no fígado e músculos em forma de glicogênio para uso posterior. A insulina, um hormônio produzido pelo pâncreas, regula a quantidade de glicose no sangue, facilitando sua entrada nas células. Um metabolismo eficiente de carboidratos é essencial para manter níveis adequados de energia e prevenir doenças como o diabetes.

## **Genes Analisados**

**GIPR, CLTCL1, IRS1, MTNR1B, AMY1, SLC2A2,**

### **Relação Genética**

A genética influencia o metabolismo de carboidratos ao afetar como o corpo processa e utiliza a glicose. Certas variantes genéticas podem impactar a produção de insulina, a sensibilidade das células a esse hormônio ou a eficiência na conversão de carboidratos em energia. Pessoas com predisposições genéticas específicas podem ter maior risco de desenvolver resistência à insulina, diabetes tipo 2 ou dificuldade em controlar os níveis de glicose no sangue. Conhecer essas variações genéticas permite ajustar a dieta e o estilo de vida de forma personalizada, ajudando a otimizar o metabolismo de carboidratos e reduzir riscos metabólicos.

### **Como analisar os resultados?**

O relatório de metabolismo de carboidratos avalia genes que influenciam a digestão, absorção e resposta à glicose. GIPR, IRS1 e MTNR1B estão ligados à liberação de insulina e controle da glicemia. CLTCL1 e SLC2A2 afetam o transporte de glicose para as células, enquanto AMY1 está relacionado à digestão do amido. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de desequilíbrios glicêmicos e dificuldade no controle da glicose. Nesses casos, é recomendado reduzir açúcares simples, controlar o consumo de carboidratos refinados e preferir alimentos com baixo índice glicêmico, como grãos integrais, vegetais e leguminosas.



<https://www.sanarmed.com/resumo-de-catabolismo-carboidratos-proteinas-lipideos-e-mais>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DE CARBOIDRATOS****Seus resultados**

**GENE:** CLTCL1  
**SNP:** rs10\*\*\*\*\*  
**SEUS ALELOS:** TC  
**CLASSIFICAÇÃO:** Regular

**RISCO:** Uma cópia do alelo do 'agricultor' e uma cópia do alelo do caçador-coletor. Resposta ao carboidrato levemente prejudicada.

O gene CLTCL1 codifica uma proteína chamada clatrina pesada 1-like, que está envolvida na formação de vesículas revestidas de clatrina dentro das células. Essas vesículas desempenham um papel fundamental no transporte intracelular de proteínas e outros materiais entre diferentes compartimentos celulares, como o movimento de moléculas entre a membrana plasmática e o interior da célula. A CLTCL1 é essencial para processos como a endocitose, que é a captura de substâncias do ambiente externo para o interior da célula. Alterações nesse gene podem afetar o transporte celular e influenciar várias funções celulares importantes.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Esta variante, por si só, não aumenta o risco de diabetes tipo 2 ou síndrome metabólica, porém é importante que você esteja atento aos carboidratos da dieta. Evite exageros e controle o açúcar consumido ao longo do dia!

Estudo de referência: PMID 31159924

**GENE:** IRS1  
**SNP:** rs2943641  
**SEUS ALELOS:** CC  
**CLASSIFICAÇÃO:** Ruim

**RISCO:** Maior risco de diabetes tipo 2, porém os níveis de glicose em jejum são mais baixos em pessoas saudáveis.

O gene IRS1 codifica a proteína substrato do receptor de insulina 1, que desempenha um papel central na sinalização da insulina. Após a insulina se ligar ao seu receptor nas células, a proteína IRS1 é ativada, desencadeando uma série de eventos que regulam a captação de glicose, o metabolismo de lipídios e a síntese de proteínas. Essa via de sinalização é crucial para manter os níveis normais de glicose no sangue e regular o metabolismo energético. Variantes no gene IRS1 podem prejudicar essa sinalização, levando à resistência à insulina e aumentando o risco de desenvolver diabetes tipo 2 e outras condições metabólicas.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Adequar a sua alimentação pode ajudar para a melhor resposta de controle de peso e redução de risco de diabetes tipo 2.

Estudo de referência: PMID 19734900

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DE CARBOIDRATOS****Seus resultados**

**GENE: SLC2A2**                      **RISCO:** Consumo normal de açúcar.  
**SNP: rs5\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: GG**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene SLC2A2 codifica o transportador de glicose 2 (GLUT2), uma proteína responsável pelo transporte de glicose, frutose e galactose através das membranas celulares, principalmente em órgãos como o fígado, pâncreas, intestinos e rins. O GLUT2 desempenha um papel crucial na regulação dos níveis de glicose no sangue, permitindo que as células pancreáticas detectem a glicose e ajustem a secreção de insulina. Além disso, ele facilita a absorção de glicose pelos hepatócitos e sua liberação no sangue quando necessário. Variantes no gene SLC2A2 podem afetar o metabolismo da glicose, influenciando o risco de diabetes e distúrbios glicêmicos.

Estudo de referência: PMID 18349384

**GENE: MTNR1B**                      **RISCO:** Aumento dos níveis de glicose em jejum quando há o consumo  
**SNP: rs10\*\*\*\*\***                      de carboidratos à noite, risco ligeiramente aumentado de  
**SEUS ALELOS: GG**                      diabetes tipo 2.  
**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

O gene MTNR1B codifica o receptor de melatonina tipo 1B, que desempenha um papel importante na regulação do ritmo circadiano e no metabolismo da glicose. Esse receptor está envolvido na resposta celular à melatonina, o hormônio que controla o ciclo de sono e vigília. Além disso, o MTNR1B tem um papel na regulação da secreção de insulina no pâncreas, influenciando os níveis de glicose no sangue. Variantes no gene MTNR1B estão associadas a um aumento do risco de desenvolver diabetes tipo 2, uma vez que podem alterar a sensibilidade das células à insulina e o controle da glicose, especialmente em relação aos ritmos circadianos.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Jante mais cedo: simplesmente jantar mais cedo e não lanchar à noite demonstrou, em estudos, efeito positivo no impacto dessa variante. Outro estudo descobriu que os portadores do alelo G tiveram uma maior duração da produção de melatonina (cerca de 41 minutos), sendo assim, é possível que acordar cedo e tomar café da manhã imediatamente não seja ideal para essa variante genética.

Estudo de referência: PMID: 28084098

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DE CARBOIDRATOS****Seus resultados****GENE: GIPR****SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Ruim****RISCO:** Tolerância reduzida para dieta com alto carboidrato. Risco de obesidade ligeiramente aumentado.

O gene GIPR codifica o receptor do peptídeo inibidor gástrico (GIP), um hormônio envolvido no controle da liberação de insulina após a ingestão de alimentos, especialmente ricos em carboidratos e gorduras. O GIPR desempenha um papel importante na regulação do metabolismo da glicose e na resposta do corpo à alimentação, facilitando a secreção de insulina para controlar os níveis de açúcar no sangue. Variantes no gene GIPR podem influenciar a sensibilidade à insulina, o metabolismo lipídico e o risco de desenvolver condições como obesidade e diabetes tipo 2.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Mantenha-se ativo: o exercício moderado a intenso faz com que os receptores GLUT4 se transloquem para a membrana celular nas células musculares. Isso aumenta a absorção de glicose nas células musculares e, assim, reduz os níveis de glicose no sangue.

Estudo de referência: PMID 22237064

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE RESISTÊNCIA À INSULINA E DIABETES TIPO 2**

**Seus resultados**

### **034.1 - PAINEL VERSA | NUTRIÇÃO - RISCO DE DIABETES TIPO 2**

O diabetes tipo 2 é uma doença crônica caracterizada pela resistência à insulina, o hormônio que regula a entrada de glicose nas células, ou pela incapacidade do pâncreas de produzir insulina suficiente. Isso resulta em níveis elevados de açúcar no sangue, que podem levar a complicações como doenças cardíacas, danos nos rins, nos nervos e na visão. Fatores como obesidade, sedentarismo e alimentação desequilibrada contribuem para o desenvolvimento da doença, embora a predisposição genética também desempenhe um papel importante. O controle do diabetes tipo 2 envolve mudanças no estilo de vida, como dieta e atividade física, além de medicamentos para regular os níveis de glicose.

## **Genes Analisados**

**TCF7L2, IRS1, MTNR1B, HHEX, KCNJ11,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel significativo no risco de desenvolver diabetes tipo 2. Variações em vários genes, como o TCF7L2, estão associadas à resistência à insulina e à regulação deficiente dos níveis de glicose no sangue. Pessoas com predisposição genética podem ter maior dificuldade em metabolizar carboidratos, mesmo com um estilo de vida saudável. No entanto, fatores ambientais, como dieta e atividade física, interagem com essas predisposições, podendo acelerar ou retardar o aparecimento da doença. Conhecer as predisposições genéticas ajuda a personalizar estratégias de prevenção e tratamento do diabetes tipo 2.

### **Como analisar os resultados?**

O painel de risco de resistência à insulina e diabetes tipo 2 avalia genes que regulam a ação da insulina e o controle da glicose no sangue. TCF7L2, IRS1, MTNR1B, HHEX e KCNJ11 estão associados à produção e à sensibilidade à insulina. Alterações nesses genes podem indicar predisposição ao aumento da glicemia e ao desenvolvimento do diabetes tipo 2. No relatório, sinalizações amarelas ou vermelhas representam maior risco e merecem atenção. Nesses casos, é fundamental manter uma alimentação com baixo índice glicêmico, praticar exercícios regularmente e monitorar a glicose com mais frequência para prevenção efetiva.



<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/18469204/>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC6123056/>  
<https://www.endocrino.org.br>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE RESISTÊNCIA À INSULINA E DIABETES TIPO 2****Seus resultados****GENE: KCNJ11****SNP: rs5\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Risco normal de diabetes tipo 2. Resposta reduzida ao tratamento com sulfonilureias.

O gene KCNJ11 codifica uma subunidade do canal de potássio dependente de ATP (K<sub>ATP</sub>), que é crucial para a regulação da liberação de insulina nas células beta do pâncreas. Esse canal ajuda a controlar o fluxo de potássio nas células, influenciando a despolarização da membrana celular e a subsequente liberação de insulina em resposta aos níveis de glicose no sangue. Variantes no gene KCNJ11 podem prejudicar o funcionamento desse canal, levando a uma secreção inadequada de insulina e aumentando o risco de diabetes tipo 2 e outras formas de diabetes, como a diabetes neonatal.

Estudo de referência: PMID: 34849419, 25477898, 25725792

**GENE: IRS1****SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Ruim****RISCO:** Maior risco de diabetes tipo 2, porém os níveis de glicose em jejum são mais baixos em pessoas saudáveis.

O gene IRS1 codifica a proteína substrato do receptor de insulina 1, que desempenha um papel central na sinalização da insulina. Após a insulina se ligar ao seu receptor nas células, a proteína IRS1 é ativada, desencadeando uma série de eventos que regulam a captação de glicose, o metabolismo de lipídios e a síntese de proteínas. Essa via de sinalização é crucial para manter os níveis normais de glicose no sangue e regular o metabolismo energético. Variantes no gene IRS1 podem prejudicar essa sinalização, levando à resistência à insulina e aumentando o risco de desenvolver diabetes tipo 2 e outras condições metabólicas.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Adequar a sua alimentação pode ajudar para a melhor resposta de controle de peso e redução de risco de diabetes tipo 2.

Estudo de referência: PMID 19734900

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE RESISTÊNCIA À INSULINA E DIABETES TIPO 2****Seus resultados****GENE: TCF7L2****RISCO:** Risco normal de síndrome metabólica.**SNP: rs7\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene TCF7L2 codifica o fator de transcrição 7-like 2, uma proteína que desempenha um papel crucial na regulação da secreção de insulina e no metabolismo da glicose. Ele está envolvido na via de sinalização Wnt, que influencia a expressão de genes relacionados ao controle dos níveis de açúcar no sangue. Variantes no gene TCF7L2 são fortemente associadas ao aumento do risco de diabetes tipo 2, pois podem prejudicar a capacidade do pâncreas de liberar insulina de forma eficiente, levando à resistência à insulina e ao descontrole glicêmico. Esse gene é um dos principais fatores de risco genético para o desenvolvimento do diabetes tipo 2.

Estudo de referência: PMID 22916254, 21543200

**GENE: TCF7L2****RISCO:** Risco aumentado de diabetes tipo 2.**SNP: rs12\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GT****CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene TCF7L2 codifica o fator de transcrição 7-like 2, uma proteína que desempenha um papel crucial na regulação da secreção de insulina e no metabolismo da glicose. Ele está envolvido na via de sinalização Wnt, que influencia a expressão de genes relacionados ao controle dos níveis de açúcar no sangue. Variantes no gene TCF7L2 são fortemente associadas ao aumento do risco de diabetes tipo 2, pois podem prejudicar a capacidade do pâncreas de liberar insulina de forma eficiente, levando à resistência à insulina e ao descontrole glicêmico. Esse gene é um dos principais fatores de risco genético para o desenvolvimento do diabetes tipo 2.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

O índice glicêmico é importante: um estudo descobriu que aqueles com variantes de risco em TCF7L2 tinham chances muito aumentadas de diabetes tipo 2 (mais do que o dobro do risco) ao seguirem uma dieta com alto índice glicêmico. Alguns suplementos podem ser úteis no controle glicêmico e na melhoria da sensibilidade à insulina, ajudando a mitigar os riscos associados à variante: magnésio, ácido alfa lipoico, cromo e berberina.

Estudo de referência: PMID: 19033397, 17003360, 18972257

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE RESISTÊNCIA À INSULINA E DIABETES TIPO 2**

**Seus resultados**

**GENE: HHEX**

**RISCO:** Risco muito aumentado (3,2 vezes) de diabetes tipo 2.

**SNP: rs7\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

O gene HHEX (homeobox hematopoietically expressed) codifica um fator de transcrição envolvido na regulação do desenvolvimento de vários tecidos, incluindo o pâncreas, o fígado e as células hematopoéticas. No pâncreas, o HHEX desempenha um papel crucial na formação das células beta, que são responsáveis pela produção de insulina, e na regulação do metabolismo da glicose. Variantes no gene HHEX estão associadas ao aumento do risco de diabetes tipo 2, uma vez que podem afetar a função das células beta e a secreção adequada de insulina, prejudicando o controle glicêmico.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Dieta de baixo índice glicêmico: a menor secreção de insulina em pessoas que carregam os genes HHEX torna importante seguir uma dieta com baixo índice glicêmico. Legumes e alimentos integrais geralmente requerem menor liberação de insulina, em comparação com alimentos processados. A chave para os portadores das variantes HHEX pode ser descobrir quais os alimentos elevam os níveis de glicose (por meio de testes frequentes ou um monitor contínuo de glicose no sangue) e evitar esses alimentos.

Estudo de referência: PMID: 18039816

**GENE: HHEX**

**RISCO:** Risco muito aumentado de diabetes tipo 2.

**SNP: rs1\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

O gene HHEX (homeobox hematopoietically expressed) codifica um fator de transcrição envolvido na regulação do desenvolvimento de vários tecidos, incluindo o pâncreas, o fígado e as células hematopoéticas. No pâncreas, o HHEX desempenha um papel crucial na formação das células beta, que são responsáveis pela produção de insulina, e na regulação do metabolismo da glicose. Variantes no gene HHEX estão associadas ao aumento do risco de diabetes tipo 2, uma vez que podem afetar a função das células beta e a secreção adequada de insulina, prejudicando o controle glicêmico.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Dieta de baixo índice glicêmico: a menor secreção de insulina em pessoas que carregam os genes HHEX torna importante seguir uma dieta com baixo índice glicêmico. Legumes e alimentos integrais geralmente requerem menor liberação de insulina, em comparação com alimentos processados. A chave para os portadores das variantes HHEX pode ser descobrir quais os alimentos elevam os níveis de glicose (por meio de testes frequentes ou um monitor contínuo de glicose no sangue) e evitar esses alimentos.

Estudo de referência: PMID: 21059810 [Meta-análise de 22 estudos com 36.695 casos de DM2 e 51.800 controles]

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: RISCO DE RESISTÊNCIA À INSULINA E DIABETES TIPO 2

Seus resultados

**GENE: MTNR1B**

**SNP: rs10\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Aumento dos níveis de glicose em jejum quando há o consumo de carboidratos à noite, risco ligeiramente aumentado de diabetes tipo 2.

O gene MTNR1B codifica o receptor de melatonina tipo 1B, que desempenha um papel importante na regulação do ritmo circadiano e no metabolismo da glicose. Esse receptor está envolvido na resposta celular à melatonina, o hormônio que controla o ciclo de sono e vigília. Além disso, o MTNR1B tem um papel na regulação da secreção de insulina no pâncreas, influenciando os níveis de glicose no sangue. Variantes no gene MTNR1B estão associadas a um aumento do risco de desenvolver diabetes tipo 2, uma vez que podem alterar a sensibilidade das células à insulina e o controle da glicose, especialmente em relação aos ritmos circadianos.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Jante mais cedo: simplesmente jantar mais cedo e não lanchar à noite demonstrou, em estudos, efeito positivo no impacto dessa variante. Outro estudo descobriu que os portadores do alelo G tiveram uma maior duração da produção de melatonina (cerca de 41 minutos), sendo assim, é possível que acordar cedo e tomar café da manhã imediatamente não seja ideal para essa variante genética.

Estudo de referência: PMID: 28084098

Nome: Modelo Versa Essencial  
 Data de Nascimento: 10/10/10  
 ID da Amostra: 123456  
 Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: RISCO DE ESTEATOSE HEPÁTICA NÃO ALCOÓLICA**

**Seus resultados**

## **034.2 - PAINEL VERSA | NUTRIÇÃO - ESTEATOSE HEPÁTICA**

A esteatose hepática, ou fígado gorduroso, é uma condição caracterizada pelo acúmulo excessivo de gordura nas células do fígado. Isso pode ocorrer devido a fatores como obesidade, resistência à insulina, consumo excessivo de álcool ou uma dieta rica em gorduras e açúcares. Embora seja frequentemente assintomática, a esteatose hepática pode evoluir para inflamação (esteato-hepatite), fibrose e, em casos graves, cirrose. O tratamento inclui mudanças no estilo de vida, como perda de peso, alimentação equilibrada e controle de condições associadas, como diabetes. A detecção precoce é essencial para prevenir complicações mais sérias.

## **Genes Analisados**

**PNPLA3, TM6SF2, HSD17B13, MBOAT7, CYP2E1, NCAN,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel importante no desenvolvimento da esteatose hepática. Variantes em genes como o PNPLA3 e TM6SF2 estão associadas a um maior risco de acúmulo de gordura no fígado, independentemente de fatores como obesidade ou dieta. Essas variantes genéticas podem alterar o metabolismo de lipídios no fígado, aumentando a predisposição à esteatose hepática e sua progressão para inflamação e fibrose. Pessoas com essas predisposições genéticas podem ser mais suscetíveis à doença, mesmo com fatores de risco moderados, o que ressalta a importância da detecção precoce e de abordagens personalizadas para prevenção e tratamento.

### **Como analisar os resultados?**

O painel de esteatose hepática analisa genes ligados ao acúmulo de gordura no fígado e ao risco de inflamação hepática. PNPLA3, TM6SF2, HSD17B13, MBOAT7, CYP2E1 e NCAN influenciam desde a deposição de lipídios até a proteção contra danos hepáticos. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco para desenvolvimento de esteatose, especialmente quando associadas a fatores como sobrepeso e dieta rica em gorduras. Além desses genes, variantes nos genes HFE (relacionado à hemocromatose) e SERPINA1 (deficiência de alfa-1 antitripsina) também podem impactar negativamente a saúde hepática e devem ser considerados na análise.



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC4607907/>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/21381068/>

<https://www.nature.com/articles/jhg201417>

<https://www.msmanuals.com/pt-br/profissional/dist%C3%BArbios-hep%C3%A1ticos-e-biliares/abordagem-ao-paciente-com-doen%C3%A7a-hep%C3%A1tica/esteato-hepatite-n%C3%A3o-alco%C3%B3lica>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE ESTEATOSE HEPÁTICA NÃO ALCOÓLICA****Seus resultados****GENE: PNPLA3****SNP: rs7\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CG****CLASSIFICAÇÃO: Regular****RISCO:** Aumento da gordura hepática. Risco aumentado de esteatose hepática não alcoólica.

O gene PNPLA3 (patatin-like phospholipase domain-containing protein 3) codifica uma enzima envolvida no metabolismo de lipídios no fígado, regulando a quebra e o armazenamento de gordura. A PNPLA3 desempenha um papel importante na mobilização de triglicerídeos e na manutenção da saúde hepática. Variantes nesse gene, como a mutação I148M, estão fortemente associadas ao acúmulo de gordura no fígado, aumentando o risco de condições como esteatose hepática não alcoólica (fígado gorduroso) e doenças hepáticas mais graves, como a cirrose. Alterações no PNPLA3 afetam a eficiência do metabolismo lipídico no fígado, influenciando a predisposição a distúrbios metabólicos.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Faça exames regularmente e converse com o seu médico sobre como evitar o acúmulo de gordura no fígado.

Estudo de referência: PMID: 19224197, 26494964, 21381068

**GENE: TM6SF2****SNP: rs5\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Risco normal de esteatose hepática.

O gene TM6SF2 codifica uma proteína que desempenha um papel importante no metabolismo hepático de lipídios, particularmente no transporte e processamento de triglicerídeos no fígado. Essa proteína ajuda a regular a secreção de lipoproteínas ricas em triglicerídeos no sangue. Variantes no gene TM6SF2, como a mutação E167K, estão associadas ao acúmulo de gordura no fígado (esteatose hepática) e a uma redução dos níveis de triglicerídeos circulantes, aumentando o risco de doenças hepáticas como esteato-hepatite não alcoólica (NASH) e cirrose. Além disso, essas variantes podem influenciar o risco de doenças cardiovasculares, dado o impacto no metabolismo lipídico.

Estudo de referência: PMID: 30824369 [Meta-análise de 9 artigos com 20 estudos, 5415 casos e 17896 controles]

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE ESTEATOSE HEPÁTICA NÃO ALCOÓLICA****Seus resultados****GENE: CYP2E1****RISCO:** Risco normal de esteatose hepática alcoólica.**SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene CYP2E1 codifica uma enzima do citocromo P450, que desempenha um papel fundamental no metabolismo de compostos químicos no fígado, incluindo álcool, drogas e toxinas. A CYP2E1 está envolvida na ativação e desintoxicação de várias substâncias, além de participar no metabolismo de ácidos graxos. No entanto, a sua atividade pode gerar espécies reativas de oxigênio (radicais livres), que podem causar danos celulares e estresse oxidativo. Variantes no gene CYP2E1 podem influenciar a capacidade de metabolizar álcool e outras substâncias tóxicas, impactando o risco de doenças hepáticas, como a cirrose alcoólica, e outras condições associadas ao estresse oxidativo.

Estudo de referência: PMID: 14606109

**GENE: NCAN****RISCO:** Risco normal de esteatose hepática não alcoólica.**SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene NCAN codifica a neurocan, uma proteína envolvida no desenvolvimento do sistema nervoso e na regulação da matriz extracelular. Embora inicialmente associada à função neurológica, variações no gene NCAN têm sido implicadas em distúrbios metabólicos, especialmente em relação ao acúmulo de gordura no fígado e ao risco de esteatose hepática não alcoólica (fígado gorduroso). Acredita-se que variantes nesse gene possam influenciar o metabolismo lipídico e o armazenamento de gordura, contribuindo para o desenvolvimento de doenças hepáticas e condições metabólicas associadas.

Estudo de referência: PMID: 21423719 [Estudo GWAS]

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: METABOLISMO DA CAFEÍNA**

**Seus resultados**

## **035 - PAINEL VERSA | NUTRIÇÃO - METABOLISMO DA CAFEÍNA**

A cafeína é uma substância estimulante natural encontrada em alimentos como café, chá, chocolate e algumas bebidas energéticas. Ela atua no sistema nervoso central, bloqueando a ação da adenosina, um neurotransmissor que promove o relaxamento e o sono, resultando em maior estado de alerta e redução da fadiga. Além de aumentar os níveis de energia e concentração, a cafeína pode melhorar o desempenho físico e mental. No entanto, seu consumo excessivo pode causar efeitos colaterais como insônia, nervosismo e aumento da frequência cardíaca. A resposta à cafeína varia de pessoa para pessoa, sendo influenciada por fatores genéticos e metabólicos.

## **Genes Analisados**

**CYP1A2, ADORA2A,**

### **Relação Genética**

A genética tem um papel crucial no metabolismo da cafeína, determinando a velocidade com que o corpo processa essa substância. A principal enzima envolvida, a CYP1A2, é codificada por um gene que pode apresentar variações genéticas. Algumas pessoas possuem uma variante que acelera o metabolismo da cafeína, permitindo que a substância seja eliminada rapidamente do organismo. Outras, com variantes que desaceleram essa metabolização, podem sentir os efeitos estimulantes por mais tempo, o que pode aumentar o risco de insônia, ansiedade e hipertensão. Conhecer essas predisposições genéticas permite ajustar o consumo de cafeína para otimizar o bem-estar.

### **Como analisar os resultados?**

O painel de metabolismo da cafeína avalia como seu corpo processa essa substância, com base nos genes CYP1A2 e ADORA2A. CYP1A2 determina a velocidade de metabolização da cafeína, enquanto ADORA2A está ligado à sensibilidade aos seus efeitos, como ansiedade e insônia. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam metabolismo lento ou maior sensibilidade, o que pode aumentar o risco de efeitos adversos mesmo com doses moderadas. Nesses casos, é recomendado reduzir o consumo de café, chás com cafeína e energéticos, especialmente no período da tarde ou à noite, para evitar distúrbios do sono e irritabilidade.



<https://www.snpedia.com/index.php/Caffeine>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DA CAFEÍNA**

**Seus resultados**

**GENE: CYP1A2**  
**SNP: rs7\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: CA**  
**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Metabolizador intermediário da cafeína. Menos efeito estimulante da cafeína. Consumo mais alto de café.

O gene CYP1A2 codifica uma enzima do citocromo P450 que está envolvida no metabolismo de várias substâncias, incluindo medicamentos, cafeína e compostos presentes em alimentos e poluentes ambientais. A CYP1A2 desempenha um papel fundamental na desintoxicação de xenobióticos, além de participar na ativação de pró-carcinógenos. A atividade dessa enzima pode variar entre indivíduos, influenciada por fatores genéticos e ambientais, o que afeta a velocidade com que o corpo metaboliza cafeína e outros compostos. Variantes no gene CYP1A2 podem impactar a resposta a medicamentos e o risco de desenvolver certos tipos de câncer, devido ao seu papel no metabolismo de substâncias potencialmente tóxicas.

Estudo de referência: PMID: 29282363

**GENE: ADORA2A**  
**SNP: rs5\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: TC**  
**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Risco levemente aumentado de ansiedade com o consumo de cafeína. Risco levemente aumentado de transtorno do pânico.

O gene ADORA2A codifica o receptor de adenosina A2A, que desempenha um papel importante na regulação das funções neurológicas e cardiovasculares. Esse receptor é ativado pela adenosina, um neurotransmissor que modula o sono, o estado de alerta, a vasodilatação e a resposta inflamatória. No cérebro, o receptor ADORA2A está envolvido no controle dos níveis de excitação e na resposta à cafeína, pois a cafeína bloqueia esse receptor, promovendo maior estado de alerta. Variantes no gene ADORA2A podem influenciar a sensibilidade individual à cafeína e ao sono, além de estarem associadas a distúrbios do humor e doenças neurodegenerativas, como Parkinson.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Estimulantes como cafeína e anfetaminas podem aumentar sua ansiedade, desta forma, para melhor controle da ansiedade e redução do risco de pânico, limite o seu consumo de cafeína em até 150 mg/dia.

Estudo de referência: PMID 18305461, PMID 20334879 [Transtorno do pânico], PMID 30610611 [CBD]

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DA CAFEÍNA****Seus resultados****GENE: ADORA2A****RISCO:** Risco normal de ansiedade com o consumo de cafeína.**SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CT****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene ADORA2A codifica o receptor de adenosina A2A, que desempenha um papel importante na regulação das funções neurológicas e cardiovasculares. Esse receptor é ativado pela adenosina, um neurotransmissor que modula o sono, o estado de alerta, a vasodilatação e a resposta inflamatória. No cérebro, o receptor ADORA2A está envolvido no controle dos níveis de excitação e na resposta à cafeína, pois a cafeína bloqueia esse receptor, promovendo maior estado de alerta. Variantes no gene ADORA2A podem influenciar a sensibilidade individual à cafeína e ao sono, além de estarem associadas a distúrbios do humor e doenças neurodegenerativas, como Parkinson.

Estudo de referência: PMID 18305461

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: METABOLISMO DO ÁLCOOL**

**Seus resultados**

## **036 - PAINEL VERSA | NUTRIÇÃO - METABOLISMO DO ÁLCOOL**

O álcool presente nas bebidas, conhecido como etanol, é uma substância psicoativa produzida pela fermentação de açúcares por leveduras. Ele é encontrado em bebidas como cerveja, vinho e destilados, e atua no sistema nervoso central, causando efeitos como relaxamento, redução das inibições e alterações no humor e na coordenação motora. O etanol é metabolizado principalmente no fígado, e sua absorção e efeitos variam de acordo com a quantidade ingerida, o metabolismo individual e fatores genéticos. O consumo excessivo de álcool pode levar a intoxicação, dependência e danos à saúde, como doenças hepáticas e cardiovasculares.

## **Genes Analisados**

**ALDH, ADH1B, ADH1C,**

### **Relação Genética**

A genética influencia diretamente o metabolismo do álcool, determinando a velocidade com que o corpo processa e elimina o etanol. Enzimas como a ADH (álcool desidrogenase) e a ALDH (aldeído desidrogenase) são responsáveis por metabolizar o álcool, e variantes nos genes que codificam essas enzimas podem afetar sua eficiência. Algumas pessoas metabolizam o álcool rapidamente, sentindo menos seus efeitos, enquanto outras metabolizam mais lentamente, resultando em sintomas como vermelhidão facial, náuseas e maior sensibilidade ao álcool. Essas diferenças genéticas também podem influenciar o risco de desenvolver problemas relacionados ao consumo excessivo de álcool, como dependência e doenças hepáticas.

### **Como analisar os resultados?**

O painel de metabolismo do álcool analisa genes que influenciam a velocidade com que o organismo processa o etanol. ADH1B e ADH1C estão ligados à conversão do álcool em acetaldeído, enquanto ALDH atua na eliminação dessa substância tóxica. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam alterações que podem causar acúmulo de acetaldeído, resultando em efeitos adversos como vermelhidão, náuseas, dor de cabeça ou maior risco de danos hepáticos. Nesses casos, o consumo de álcool deve ser moderado ou evitado, priorizando hidratação e atenção aos sinais do corpo após a ingestão de bebidas alcoólicas.



<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11391045/>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC3860432/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: METABOLISMO DO ÁLCOOL

## Seus resultados

**GENE: ADH1B**

**SNP: rs1\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Metabolismo normal do álcool (bom), porém tendência ao maior consumo de álcool em comparação com o alelo T (ruim).

O gene ADH1B codifica uma enzima chamada álcool desidrogenase 1B, que desempenha um papel fundamental no metabolismo do álcool no corpo. Essa enzima converte o etanol (álcool) em acetaldeído, uma substância tóxica que, posteriormente, é convertida em acetato por outras enzimas. O acetato é, então, metabolizado em dióxido de carbono e água. Variantes no gene ADH1B podem afetar a velocidade com que o álcool é metabolizado, influenciando a tolerância ao álcool e o risco de problemas relacionados ao consumo de álcool, como intoxicação, dependência e danos hepáticos. Algumas variantes aumentam a velocidade dessa conversão, o que pode resultar em níveis mais altos de acetaldeído e maior desconforto após o consumo de

Estudo de referência: PMID 18996923

**GENE: ADH1B**

**SNP: rs2\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Metabolismo normal do álcool.

O gene ADH1B codifica uma enzima chamada álcool desidrogenase 1B, que desempenha um papel fundamental no metabolismo do álcool no corpo. Essa enzima converte o etanol (álcool) em acetaldeído, uma substância tóxica que, posteriormente, é convertida em acetato por outras enzimas. O acetato é, então, metabolizado em dióxido de carbono e água. Variantes no gene ADH1B podem afetar a velocidade com que o álcool é metabolizado, influenciando a tolerância ao álcool e o risco de problemas relacionados ao consumo de álcool, como intoxicação, dependência e danos hepáticos. Algumas variantes aumentam a velocidade dessa conversão, o que pode resultar em níveis mais altos de acetaldeído e maior desconforto após o consumo de

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DO ÁLCOOL****Seus resultados****GENE: ALDH****SNP: rs6\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GG****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Metabolismo típico do acetaldeído. Menor risco de rubor facial induzido pelo álcool.

O gene ALDH (Aldeído Desidrogenase) codifica uma família de enzimas responsáveis pela conversão de aldeídos, como o acetaldeído, em ácidos carboxílicos, um processo essencial para a desintoxicação do corpo. No metabolismo do álcool, a enzima ALDH, especialmente a ALDH2, converte o acetaldeído, um composto tóxico gerado durante a metabolização do álcool, em acetato, que é menos prejudicial e pode ser facilmente eliminado do corpo. Variantes no gene ALDH, como as presentes no ALDH2, podem reduzir a atividade enzimática, resultando no acúmulo de acetaldeído, o que causa efeitos como vermelhidão facial, náuseas e um maior risco de doenças relacionadas ao álcool, como câncer esofágico e dependência alcoólica.

Estudo de referência: PMC3860432

**GENE: ADH1C****SNP: rs6\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TC****CLASSIFICAÇÃO: Regular****RISCO:** Conversão lenta do álcool em acetaldeído. Aumento do risco de pancreatite em alcoólatras.

O gene ADH1C codifica uma das formas da enzima álcool desidrogenase, que desempenha um papel crucial no metabolismo do álcool no organismo. A ADH1C converte o etanol (álcool) em acetaldeído, um composto tóxico que é posteriormente metabolizado em acetato por outras enzimas. Variantes no gene ADH1C podem influenciar a taxa de metabolização do álcool, impactando a tolerância e os efeitos do consumo de bebidas alcoólicas. Algumas variantes estão associadas a uma conversão mais rápida do etanol em acetaldeído, o que pode levar ao acúmulo de acetaldeído no corpo, resultando em sintomas como vermelhidão facial, desconforto e maior risco de problemas relacionados ao álcool, como dependência e danos hepáticos.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Fique atento, o consumo excessivo de álcool pode ser prejudicial à sua saúde!

Estudo de referência: PMC3557796, PMID 26634490

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: PALADAR E ESCOLHAS ALIMENTARES**

**Seus resultados**

## **037 - PAINEL VERSA | NUTRIÇÃO - PALADAR E ESCOLHAS ALIMENTARES**

O paladar é o sentido responsável por perceber os sabores dos alimentos, desempenhando um papel fundamental na alimentação e na apreciação das refeições. Ele é ativado por receptores gustativos localizados principalmente na língua, que identificam cinco sabores básicos: doce, salgado, azedo, amargo e umami. Além do gosto, o paladar também é influenciado por fatores como aroma, textura e temperatura dos alimentos. A percepção do paladar pode variar entre indivíduos, sendo influenciada por fatores genéticos que determinam a sensibilidade a certos sabores, como o amargor, o que pode afetar as preferências alimentares e os hábitos dietéticos.

## **Genes Analisados**

**TAS2R38, FGF21, TAS2R16, TAS2R14,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel importante na percepção do paladar, influenciando a sensibilidade a certos sabores, como doce, amargo e umami. Variantes genéticas em receptores gustativos podem tornar algumas pessoas mais sensíveis ao amargor, por exemplo, o que pode levar à aversão a certos vegetais ou alimentos com esse perfil. Outras podem ter maior sensibilidade ao doce ou ao sal, afetando suas preferências alimentares e a quantidade desses ingredientes na dieta. Essas diferenças genéticas contribuem para a formação dos padrões de escolhas alimentares, influenciando a aceitação ou rejeição de certos alimentos, o que pode impactar a saúde e o equilíbrio nutricional.

### **Como analisar os resultados?**

O painel de paladar e escolhas alimentares avalia genes que influenciam a percepção de sabores e preferências alimentares. TAS2R38, TAS2R16 e TAS2R14 estão ligados à sensibilidade ao sabor amargo, o que pode afetar a aceitação de vegetais e alimentos amargos. Já FGF21 está associado à preferência por doces. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior sensibilidade a certos sabores ou maior tendência ao consumo de açúcar. Nesses casos, vale testar diferentes formas de preparo dos vegetais para melhorar a aceitação e buscar alternativas mais saudáveis para reduzir o consumo de doces no dia a dia.



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC4764331/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: PALADAR E ESCOLHAS ALIMENTARES****Seus resultados****GENE: TAS2R38****RISCO:** Capaz de perceber o sabor amargo no brócolis.**SNP: rs7\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GG****CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

O gene TAS2R38 codifica um receptor gustativo responsável pela percepção do gosto amargo. Esse receptor está envolvido na detecção de compostos químicos específicos, como os glucosinolatos presentes em vegetais crucíferos (como brócolis e couve). Variantes no gene TAS2R38 influenciam a sensibilidade ao gosto amargo, fazendo com que algumas pessoas sejam mais ou menos sensíveis a esses sabores. Indivíduos com maior sensibilidade podem evitar alimentos amargos, o que pode influenciar suas escolhas alimentares e, potencialmente, sua saúde nutricional. Esse gene está, portanto, relacionado à percepção do paladar e às preferências alimentares.

Estudo de referência: PMC5089074

**GENE: TAS2R38****RISCO:** Capaz de perceber o sabor amargo no brócolis.**SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene TAS2R38 codifica um receptor gustativo responsável pela percepção do gosto amargo. Esse receptor está envolvido na detecção de compostos químicos específicos, como os glucosinolatos presentes em vegetais crucíferos (como brócolis e couve). Variantes no gene TAS2R38 influenciam a sensibilidade ao gosto amargo, fazendo com que algumas pessoas sejam mais ou menos sensíveis a esses sabores. Indivíduos com maior sensibilidade podem evitar alimentos amargos, o que pode influenciar suas escolhas alimentares e, potencialmente, sua saúde nutricional. Esse gene está, portanto, relacionado à percepção do paladar e às preferências alimentares.

Estudo de referência: PMID: 27819057

Nome: Modelo Versa Essencial

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo

[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)

[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: PALADAR E ESCOLHAS ALIMENTARES**

**Seus resultados**

**GENE: TAS2R16**

**SNP: rs8\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Pode provar o gosto amargo em etanol, alimentos fermentados, etc.

O gene TAS2R16 codifica um receptor gustativo responsável pela detecção de compostos amargos, especialmente aqueles derivados de glicosídeos, que são encontrados em várias plantas. Esse receptor permite ao organismo identificar e responder a substâncias potencialmente tóxicas, muitas das quais possuem sabor amargo. A sensibilidade ao gosto amargo, mediada pelo TAS2R16, pode variar entre indivíduos, influenciando preferências alimentares e escolhas dietéticas. Essa função de defesa evolutiva ajuda a evitar o consumo de certos compostos nocivos, mas também pode impactar a aceitação de alimentos saudáveis, como vegetais amargos.

Estudo de referência: PMID 17250611

**GENE: TAS2R16**

**SNP: rs9\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Provavelmente pode provar gosto amargo em etanol, alimentos fermentados, etc.

O gene TAS2R16 codifica um receptor gustativo responsável pela detecção de compostos amargos, especialmente aqueles derivados de glicosídeos, que são encontrados em várias plantas. Esse receptor permite ao organismo identificar e responder a substâncias potencialmente tóxicas, muitas das quais possuem sabor amargo. A sensibilidade ao gosto amargo, mediada pelo TAS2R16, pode variar entre indivíduos, influenciando preferências alimentares e escolhas dietéticas. Essa função de defesa evolutiva ajuda a evitar o consumo de certos compostos nocivos, mas também pode impactar a aceitação de alimentos saudáveis, como vegetais amargos.

Estudo de referência: PMID: 24083639

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: PALADAR E ESCOLHAS ALIMENTARES****Seus resultados****GENE: TAS2R38****SNP: rs17\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GG****CLASSIFICAÇÃO: Regular****RISCO:** Pode notar o amargor no vinho. Provavelmente consumo reduzido de álcool.

O gene TAS2R38 codifica um receptor gustativo responsável pela percepção do gosto amargo. Esse receptor está envolvido na detecção de compostos químicos específicos, como os glucosinolatos presentes em vegetais crucíferos (como brócolis e couve). Variantes no gene TAS2R38 influenciam a sensibilidade ao gosto amargo, fazendo com que algumas pessoas sejam mais ou menos sensíveis a esses sabores. Indivíduos com maior sensibilidade podem evitar alimentos amargos, o que pode influenciar suas escolhas alimentares e, potencialmente, sua saúde nutricional. Esse gene está, portanto, relacionado à percepção do paladar e às preferências alimentares.

Estudo de referência: PMID 15547448

**GENE: TAS2R14****SNP: rs27\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TT****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Menos sensível ao sabor amargo da cafeína.

O gene TAS2R14 codifica um receptor gustativo responsável pela detecção de uma ampla variedade de compostos amargos. Esse receptor, presente principalmente na língua, desempenha um papel crucial na capacidade de identificar substâncias potencialmente tóxicas, muitas das quais possuem sabor amargo. Além de sua função no paladar, o TAS2R14 também está expresso em outros tecidos, sugerindo que pode ter funções adicionais, como na modulação da resposta imune e na contração das vias aéreas. Variantes no gene TAS2R14 podem influenciar a sensibilidade ao gosto amargo, afetando as preferências alimentares e o comportamento dietético.

Estudo de referência: PMID: 23966204

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE DEFICIÊNCIA DE FOLATO**

**Seus resultados**

## **038 - PAINEL VERSA | MICRONUTRIENTES - FOLATO**

O folato, também conhecido como vitamina B9, é essencial para diversas funções no organismo, incluindo a síntese e reparação do DNA, a produção de glóbulos vermelhos e o funcionamento adequado do sistema nervoso. Ele é especialmente importante durante a gravidez, pois ajuda a prevenir malformações no tubo neural do feto. Além disso, o folato participa do metabolismo de aminoácidos e na formação de neurotransmissores. A deficiência de folato pode levar a anemia, fadiga, problemas de concentração e, em casos graves, complicações na gravidez. Por isso, uma dieta rica em folato, presente em vegetais de folhas verdes, leguminosas e frutas cítricas, é fundamental para a saúde.

## **Genes Analisados**

**MTHFR,**

### **Relação Genética**

A genética tem um papel importante no metabolismo do folato, influenciando a eficiência com que o corpo utiliza essa vitamina essencial. Variantes no gene MTHFR, que codifica uma enzima crucial para a conversão do folato em sua forma ativa, podem reduzir a capacidade do organismo de metabolizar o folato adequadamente. Pessoas com essas variantes genéticas podem apresentar níveis mais baixos de folato ativo no sangue, o que pode aumentar o risco de problemas como doenças cardiovasculares, complicações na gravidez e dificuldades no metabolismo de neurotransmissores. Identificar essas variantes permite ajustar a ingestão de folato através de dieta ou suplementação personalizada.

### **Como analisar os resultados?**

O painel de folato avalia o gene MTHFR, essencial para o metabolismo desse nutriente, que participa da produção de neurotransmissores, da metilação do DNA e da prevenção de defeitos congênitos. Alterações em MTHFR podem reduzir a conversão do folato em sua forma ativa (5-MTHF), impactando diversos processos metabólicos. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de deficiência funcional de folato. Nesses casos, é indicado aumentar o consumo de vegetais verdes escuros, leguminosas e, se necessário, utilizar suplementos na forma ativa (metilfolato) para garantir uma melhor absorção.



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC5728917/>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC4555142/>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC3463537/>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC5758196/>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC5512861/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE DEFICIÊNCIA DE FOLATO****Seus resultados****GENE: MTHFR****SNP: rs1\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GA****CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Uma cópia do alelo MTHFR C677T, função da enzima diminuída em 40%. Metilação de DNA: reduzida. Maior ocorrência de danos ao DNA. Risco aumentado de depressão na deficiência de folato.

O gene MTHFR (metilenotetrahidrofolato redutase) codifica uma enzima essencial no metabolismo do folato (vitamina B9) e na conversão da homocisteína em metionina, um aminoácido crucial para a síntese de proteínas. A atividade dessa enzima é fundamental para a produção de DNA, reparo celular e regulação de processos epigenéticos. Variantes no gene MTHFR, como as mutações C677T e A1298C, podem reduzir a eficiência da enzima, levando a níveis elevados de homocisteína, o que está associado a um maior risco de doenças cardiovasculares, problemas na gravidez e distúrbios neurológicos. A ingestão adequada de folato pode ajudar a compensar essa redução na atividade enzimática.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

A presença de alelos A neste SNP aumenta o risco de doenças cardiovasculares, doenças neurológicas e câncer. Além disso, em gestantes portadoras da mutação e com baixa ingestão de folato, há risco aumentado de problemas na formação do feto e abortos espontâneos. Desta forma, é muito importante estar atento à necessidade de suplementação de folato.

Estudo de referência: PMID: 22147263, 25449138, 25758986

**GENE: MTHFR****SNP: rs18\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TT****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Metabolismo normal do folato.

O gene MTHFR (metilenotetrahidrofolato redutase) codifica uma enzima essencial no metabolismo do folato (vitamina B9) e na conversão da homocisteína em metionina, um aminoácido crucial para a síntese de proteínas. A atividade dessa enzima é fundamental para a produção de DNA, reparo celular e regulação de processos epigenéticos. Variantes no gene MTHFR, como as mutações C677T e A1298C, podem reduzir a eficiência da enzima, levando a níveis elevados de homocisteína, o que está associado a um maior risco de doenças cardiovasculares, problemas na gravidez e distúrbios neurológicos. A ingestão adequada de folato pode ajudar a compensar essa redução na atividade enzimática.

Estudo de referência: PMID: 20423475

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: RISCO DE DEFICIÊNCIA DE VITAMINA B12**

**Seus resultados**

### **039 - PAINEL VERSA | MICRONUTRIENTES - VITAMINA B12**

A vitamina B12 é essencial para o bom funcionamento do organismo, desempenhando um papel crucial na formação dos glóbulos vermelhos, na manutenção da saúde do sistema nervoso e na síntese de DNA. Ela também participa do metabolismo de proteínas e lipídios e é necessária para a produção de energia celular. A deficiência de vitamina B12 pode causar anemia, fadiga, fraqueza muscular, problemas de memória e danos neurológicos. Como essa vitamina é encontrada principalmente em alimentos de origem animal, como carnes, ovos e laticínios, sua suplementação pode ser necessária para vegetarianos, veganos e pessoas com dificuldade de absorção.

## **Genes Analisados**

**MTRR, TCN1, TCN2,**

### **Relação Genética**

A genética influencia o metabolismo da vitamina B12, determinando a eficiência com que o corpo a absorve e utiliza. Variantes em genes como o MTHFR, FUT2 e TCN2 podem afetar a capacidade do organismo de transportar, converter ou armazenar vitamina B12 adequadamente. Essas variações genéticas podem levar a níveis mais baixos da vitamina no sangue, mesmo com uma ingestão adequada, aumentando o risco de anemia, problemas neurológicos e dificuldades cognitivas. Conhecer essas predisposições genéticas permite adaptar a dieta ou suplementação de B12, garantindo que o corpo receba e utilize a vitamina de maneira eficiente para manter a saúde.

### **Como analisar os resultados?**

O painel de vitamina B12 analisa genes que influenciam a absorção, transporte e reciclagem dessa vitamina essencial para o funcionamento neurológico e formação de células sanguíneas. MTRR atua na regeneração da B12 ativa, enquanto TCN1 e TCN2 estão ligados ao transporte da vitamina no organismo. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de deficiência funcional, mesmo com ingestão adequada. Nesses casos, é importante monitorar os níveis sanguíneos, priorizar alimentos de origem animal e, se necessário, considerar a suplementação com formas biodisponíveis, como metilcobalamina ou hidroxocobalamina.



<https://www.tuasaude.com/vitamina-b12-cobalamina/>  
<https://lpi.oregonstate.edu/mic/vitamins/vitamin-B12>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE DEFICIÊNCIA DE VITAMINA B12**

**Seus resultados**

**GENE: MTRR**

**SNP: rs1\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Atividade enzimática reduzida. Risco aumentado de deficiência de B12. Níveis aumentados de homocisteína.

O gene MTRR codifica a enzima metionina sintase redutase, que desempenha um papel fundamental na regeneração da metionina sintase, uma enzima crucial para o metabolismo da homocisteína e do folato (vitamina B9). A MTRR permite que a metionina sintase continue convertendo homocisteína em metionina, um aminoácido essencial para a síntese de proteínas e a regulação do DNA. Variantes no gene MTRR podem comprometer esse processo, levando a níveis elevados de homocisteína, o que aumenta o risco de doenças cardiovasculares, complicações na gravidez e distúrbios neurológicos. A ingestão adequada de vitaminas como B12 e folato pode ajudar a mitigar os efeitos dessas variantes.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Se seus níveis de homocisteína são altos e você carrega as variantes de risco em genes como MTHFR ou MTRR, a suplementação com vitamina B12, metilfolato, riboflavina e B6 pode ajudar a diminuir seus níveis de homocisteína.

Estudo de referência: PMC4284672

**GENE: TCN1**

**SNP: rs5\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GA**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Níveis reduzidos de vitamina B12 circulante.

O gene TCN1 codifica a transcobalamina I, uma proteína responsável pelo transporte e armazenamento de vitamina B12 (cobalamina) no corpo. A TCN1 liga-se à vitamina B12 no estômago, formando o complexo que protege a vitamina até que ela seja absorvida no intestino delgado. Esse processo é essencial para garantir que a vitamina B12 esteja disponível para funções cruciais, como a produção de glóbulos vermelhos, síntese de DNA e manutenção do sistema nervoso. Variantes no gene TCN1 podem influenciar a eficiência do transporte de vitamina B12, afetando sua disponibilidade e aumentando o risco de deficiências, que podem levar à anemia e distúrbios neurológicos.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Certifique-se de consumir vitamina B12 em quantidade suficiente para que não haja deficiência! Os sintomas comuns de deficiência de vitamina B12 são: fadiga, confusão mental, formigamento e dormência nos pés e mãos, perda de memória, anemia megaloblástica e sintomas gastrointestinais.

Estudo de referência: PMC2773275

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE DEFICIÊNCIA DE VITAMINA B12****Seus resultados****GENE: TCN2****RISCO:** Possivelmente níveis reduzidos de vitamina B12.**SNP: rs9\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: AG****CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene TCN2 codifica a transcobalamina II, uma proteína essencial para o transporte de vitamina B12 (cobalamina) do trato digestivo para as células do corpo. Após a absorção da vitamina B12 no intestino, a transcobalamina II se liga à vitamina e forma um complexo que é transportado pela corrente sanguínea até os tecidos, onde a vitamina B12 é utilizada para a síntese de DNA, produção de glóbulos vermelhos e manutenção da função nervosa. Variantes no gene TCN2 podem afetar a eficiência desse transporte, resultando em deficiência de vitamina B12, o que pode levar a anemia megaloblástica, distúrbios neurológicos e complicações no crescimento e desenvolvimento.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Certifique-se de consumir vitamina B12 em quantidade suficiente para que não haja deficiência! Os sintomas comuns de deficiência de vitamina B12 são: fadiga, confusão mental, formigamento e dormência nos pés e mãos, perda de memória, anemia megaloblástica e sintomas gastrointestinais.

Estudo de referência: PMID 25681243

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DA VITAMINA B2**

**Seus resultados**

## **040 - PAINEL VERSA | MICRONUTRIENTES - VITAMINA B2**

A vitamina B2, ou riboflavina, é essencial para o metabolismo energético, ajudando a converter carboidratos, proteínas e gorduras em energia. Além disso, ela participa da produção de glóbulos vermelhos, do crescimento celular e na proteção contra o estresse oxidativo, atuando como antioxidante. A vitamina B2 também é importante para a saúde da pele, dos olhos e do sistema nervoso. Sua deficiência pode causar fadiga, inflamação na boca, anemia e problemas de pele. Como o corpo não armazena riboflavina, é necessário obtê-la regularmente através da alimentação, com fontes como leite, ovos, carnes e vegetais verdes.

## **Genes Analisados**

**FMO3,**

### **Relação Genética**

A genética pode influenciar o metabolismo da vitamina B2, ou riboflavina, determinando a eficiência com que o corpo a processa e utiliza. Variantes em genes envolvidos no transporte e ativação da riboflavina, como o gene MTHFR, podem impactar sua conversão em formas bioativas, essenciais para a produção de energia e outras funções celulares. Pessoas com essas variantes genéticas podem ter maior necessidade de vitamina B2, pois o metabolismo dessa vitamina pode ser menos eficiente. Entender essas predisposições genéticas permite personalizar a dieta e a suplementação, garantindo níveis adequados de riboflavina e otimizando a saúde.

### **Como analisar os resultados?**

O painel de vitamina B2 (riboflavina) avalia o gene FMO3, que está envolvido em reações metabólicas dependentes dessa vitamina, importantes para o processamento de gorduras, medicamentos e compostos tóxicos. Alterações em FMO3 podem aumentar a demanda por riboflavina e comprometer a eficiência desses processos. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de baixa atividade enzimática e maior necessidade da vitamina. Nesses casos, recomenda-se aumentar o consumo de alimentos como ovos, leite, carnes magras e vegetais verdes, ou considerar a suplementação de vitamina B2, conforme orientação profissional.



<https://lpi.oregonstate.edu/mic/vitamins/riboflavin>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5015041/>  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28836047/>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5188458/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DA VITAMINA B2****Seus resultados****GENE: FMO3****RISCO:** Função normal de FMO3.**SNP: rs17\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GG****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene FMO3 codifica a enzima flavina monooxigenase 3, que desempenha um papel crucial no metabolismo de compostos contendo nitrogênio, enxofre e fósforo, incluindo medicamentos e substâncias presentes em alimentos. Uma de suas funções mais importantes é metabolizar a trimetilamina (TMA), um composto derivado de certos alimentos, em trimetilamina-N-óxido (TMAO), que é menos volátil e mais facilmente excretado pelo corpo. Variantes no gene FMO3 podem reduzir a atividade da enzima, levando à condição conhecida como síndrome do odor de peixe (trimetilaminúria), onde o acúmulo de TMA no organismo causa um odor corporal forte e característico.

Estudo de referência: PMID 15858076

**GENE: FMO3****RISCO:** Função FMO3 reduzida. A suplementação de riboflavina pode ser útil. Degradação reduzida de tiramina.**SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GA****CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene FMO3 codifica a enzima flavina monooxigenase 3, que desempenha um papel crucial no metabolismo de compostos contendo nitrogênio, enxofre e fósforo, incluindo medicamentos e substâncias presentes em alimentos. Uma de suas funções mais importantes é metabolizar a trimetilamina (TMA), um composto derivado de certos alimentos, em trimetilamina-N-óxido (TMAO), que é menos volátil e mais facilmente excretado pelo corpo. Variantes no gene FMO3 podem reduzir a atividade da enzima, levando à condição conhecida como síndrome do odor de peixe (trimetilaminúria), onde o acúmulo de TMA no organismo causa um odor corporal forte e característico.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Verifique com seu médico ou nutricionista a necessidade de suplementação de vitamina B2.

Estudo de referência: PMID: 28819071

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DA VITAMINA B2****Seus resultados****GENE: FMO3****SNP: rs2\*\*\*\*****SEUS ALELOS: AG****CLASSIFICAÇÃO: Regular****RISCO:** Função FMO3 reduzida. A suplementação de riboflavina pode ser útil. Degradação reduzida de tiramina.

O gene FMO3 codifica a enzima flavina monooxigenase 3, que desempenha um papel crucial no metabolismo de compostos contendo nitrogênio, enxofre e fósforo, incluindo medicamentos e substâncias presentes em alimentos. Uma de suas funções mais importantes é metabolizar a trimetilamina (TMA), um composto derivado de certos alimentos, em trimetilamina-N-óxido (TMAO), que é menos volátil e mais facilmente excretado pelo corpo. Variantes no gene FMO3 podem reduzir a atividade da enzima, levando à condição conhecida como síndrome do odor de peixe (trimetilaminúria), onde o acúmulo de TMA no organismo causa um odor corporal forte e característico.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Verifique com seu médico ou nutricionista a necessidade de suplementação de vitamina B2.

Estudo de referência: PMID: 28819071

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DA VITAMINA B6**

**Seus resultados**

### **041 - PAINEL VERSA | MICRONUTRIENTES - VITAMINA B6**

A vitamina B6, ou piridoxina, é essencial para diversas funções no corpo, incluindo o metabolismo de proteínas, gorduras e carboidratos, além da produção de neurotransmissores como a serotonina e a dopamina, que regulam o humor e o sono. Ela também é fundamental para a produção de hemoglobina, que transporta oxigênio no sangue, e para o bom funcionamento do sistema imunológico. A deficiência de vitamina B6 pode causar irritabilidade, confusão mental, problemas na pele e anemia. Alimentos como frango, peixe, batata e banana são boas fontes dessa vitamina, que deve ser consumida regularmente para manter a saúde em dia.

## **Genes Analisados**

**ALPL,**

### **Relação Genética**

O gene ALPL (Fosfatase Alcalina Não Específica de Tecidos) codifica uma enzima chamada fosfatase alcalina, que desempenha um papel importante no metabolismo ósseo e na regulação de compostos fosfatados no corpo. Embora o gene ALPL esteja mais diretamente associado ao metabolismo de minerais como cálcio e fosfato, ele também tem uma relação indireta com o metabolismo da vitamina B6.

### **Como analisar os resultados?**

O painel de vitamina B6 avalia o gene ALPL, que participa do metabolismo de fosfatos e pode impactar a disponibilidade da forma ativa da vitamina B6 (piridoxal-5-fosfato). Alterações nesse gene podem reduzir a ativação da vitamina, afetando funções como a síntese de neurotransmissores e o metabolismo de aminoácidos. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de baixa biodisponibilidade da vitamina B6. Nesses casos, recomenda-se aumentar o consumo de alimentos como banana, grão-de-bico, salmão e frango, além de avaliar a necessidade de suplementação com a forma ativa da vitamina (P-5-P).



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC6357176/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DA VITAMINA B6**

**Seus resultados**

**GENE: ALPL** **RISCO:** Diminuição dos níveis de vitamina B6.  
**SNP: rs1\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: GG**  
**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

O gene ALPL codifica a enzima fosfatase alcalina não específica de tecidos, que desempenha um papel essencial no metabolismo ósseo e na mineralização dos ossos e dentes. Essa enzima está envolvida na quebra de pirofosfato, uma molécula que inibe a deposição de minerais, permitindo a formação adequada de tecido ósseo e dentário. Variantes no gene ALPL podem resultar em uma deficiência dessa enzima, causando uma condição conhecida como hipofosfatasia, que afeta o desenvolvimento ósseo e pode levar a ossos fracos, fraturas, problemas dentários e outras complicações relacionadas à mineralização inadequada.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Verifique com seu médico ou nutricionista a necessidade de suplementação de vitamina B6.

Estudo de referência: PMID: 19744961

**GENE: ALPL** **RISCO:** Níveis de vitamina B6 ligeiramente diminuídos.  
**SNP: rs1697421**  
**SEUS ALELOS: CT**  
**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene ALPL codifica a enzima fosfatase alcalina não específica de tecidos, que desempenha um papel essencial no metabolismo ósseo e na mineralização dos ossos e dentes. Essa enzima está envolvida na quebra de pirofosfato, uma molécula que inibe a deposição de minerais, permitindo a formação adequada de tecido ósseo e dentário. Variantes no gene ALPL podem resultar em uma deficiência dessa enzima, causando uma condição conhecida como hipofosfatasia, que afeta o desenvolvimento ósseo e pode levar a ossos fracos, fraturas, problemas dentários e outras complicações relacionadas à mineralização inadequada.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Verifique com seu médico ou nutricionista a necessidade de suplementação de vitamina B6.

Estudo de referência: PMC4123605

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: METABOLISMO DA BIOTINA**

**Seus resultados**

## **042 - PAINEL VERSA | MICRONUTRIENTES - VITAMINA B7 - BIOTINA**

A biotina, também conhecida como vitamina B7, é essencial para o metabolismo de carboidratos, gorduras e proteínas, desempenhando um papel crucial na produção de energia celular. Ela também é importante para a saúde da pele, cabelos e unhas, sendo comumente associada ao fortalecimento desses tecidos. A biotina participa de processos como a síntese de ácidos graxos e o funcionamento adequado das enzimas envolvidas no metabolismo energético. Sua deficiência pode causar queda de cabelo, problemas de pele, fadiga e fraqueza muscular. Fontes ricas em biotina incluem ovos, nozes, sementes e vegetais de folhas verdes.

## **Genes Analisados**

**BTD,**

### **Relação Genética**

A genética influencia o metabolismo da biotina, afetando a forma como o corpo a absorve e utiliza. Variantes em genes como o SLC5A6, responsável pelo transporte de biotina para as células, podem impactar a eficiência da absorção dessa vitamina, resultando em níveis mais baixos no organismo, mesmo com uma ingestão adequada. Além disso, mutações em genes relacionados às enzimas dependentes de biotina podem comprometer o uso eficiente dessa vitamina, afetando o metabolismo energético e a saúde da pele e dos cabelos. Entender essas predisposições genéticas pode ajudar a ajustar a suplementação de biotina de forma personalizada para otimizar seus benefícios.

### **Como analisar os resultados?**

O painel de biotina avalia o gene BTD, responsável pela produção da enzima biotinidase, essencial para liberar a biotina dos alimentos e reciclá-la no organismo. Alterações nesse gene podem levar à deficiência de biotinidase, comprometendo a absorção e aproveitamento da biotina, vitamina fundamental para a saúde da pele, cabelos, unhas e metabolismo energético. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de deficiência funcional. Nesses casos, é indicado priorizar alimentos ricos em biotina, como ovos cozidos, nozes e fígado, além de considerar suplementação conforme recomendação profissional.



<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/9375914/>  
<https://lpi.oregonstate.edu/mic/vitamins/biotin>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DA BIOTINA**

**Seus resultados**

**GENE: BTD**  
**SNP: rs1\*\*\*\*\***

**RISCO:** Redução de 50% na atividade da enzima biotinidase. Risco aumentado de deficiência de biotina.

**SEUS ALELOS: GC**  
**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene BTB codifica a enzima biotinidase, que é essencial para o metabolismo da biotina (vitamina B7). A biotinidase recicla a biotina, liberando-a de proteínas alimentares e permitindo que o corpo a reutilize para diversas funções, como o metabolismo de carboidratos, gorduras e proteínas. A biotina é fundamental para a saúde da pele, cabelo e sistema nervoso. Deficiências no gene BTB podem levar a uma condição conhecida como deficiência de biotinidase, que resulta em níveis insuficientes de biotina no organismo, causando sintomas como problemas neurológicos, queda de cabelo, convulsões e atrasos no desenvolvimento.

Estudo de referência: PMID 9654207

**GENE: BTB**  
**SNP: rs1\*\*\*\*\***

**RISCO:** Sem alelos de risco para deficiência de biotinidase.

**SEUS ALELOS: GG**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene BTB codifica a enzima biotinidase, que é essencial para o metabolismo da biotina (vitamina B7). A biotinidase recicla a biotina, liberando-a de proteínas alimentares e permitindo que o corpo a reutilize para diversas funções, como o metabolismo de carboidratos, gorduras e proteínas. A biotina é fundamental para a saúde da pele, cabelo e sistema nervoso. Deficiências no gene BTB podem levar a uma condição conhecida como deficiência de biotinidase, que resulta em níveis insuficientes de biotina no organismo, causando sintomas como problemas neurológicos, queda de cabelo, convulsões e atrasos no desenvolvimento.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000060.2(BTD):c.[511G>A;1330G>C]

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DA BIOTINA****Seus resultados**

**GENE: BTD** **RISCO:** Sem alelos de risco para deficiência de biotinidase.  
**SNP: rs3\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: GG**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene BTD codifica a enzima biotinidase, que é essencial para o metabolismo da biotina (vitamina B7). A biotinidase recicla a biotina, liberando-a de proteínas alimentares e permitindo que o corpo a reutilize para diversas funções, como o metabolismo de carboidratos, gorduras e proteínas. A biotina é fundamental para a saúde da pele, cabelo e sistema nervoso. Deficiências no gene BTD podem levar a uma condição conhecida como deficiência de biotinidase, que resulta em níveis insuficientes de biotina no organismo, causando sintomas como problemas neurológicos, queda de cabelo, convulsões e atrasos no desenvolvimento.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_001370658.1(BTD):c.73G>A (p.Gly25Arg)

**GENE: BTD** **RISCO:** Sem alelos de risco para deficiência de biotinidase.  
**SNP: rs2\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: AA**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene BTD codifica a enzima biotinidase, que é essencial para o metabolismo da biotina (vitamina B7). A biotinidase recicla a biotina, liberando-a de proteínas alimentares e permitindo que o corpo a reutilize para diversas funções, como o metabolismo de carboidratos, gorduras e proteínas. A biotina é fundamental para a saúde da pele, cabelo e sistema nervoso. Deficiências no gene BTD podem levar a uma condição conhecida como deficiência de biotinidase, que resulta em níveis insuficientes de biotina no organismo, causando sintomas como problemas neurológicos, queda de cabelo, convulsões e atrasos no desenvolvimento.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_001370658.1(BTD):c.695A>G (p.Asp232Gly)

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DA COLINA E FOSFATIDILCOLINA**

**Seus resultados**

### **043 - PAINEL VERSA | MICRONUTRIENTES - COLINA E FOSFATIDILCOLINA**

A colina é um nutriente essencial para várias funções corporais, incluindo a formação de membranas celulares, o metabolismo de gorduras e a produção de neurotransmissores como a acetilcolina, que é crucial para a memória e o controle muscular. A fosfatidilcolina, derivada da colina, é um componente vital das membranas celulares, ajudando a manter sua integridade e função. Além disso, a colina e a fosfatidilcolina desempenham um papel importante na saúde do fígado e na prevenção do acúmulo de gordura nesse órgão. Deficiências de colina podem levar a problemas no fígado, distúrbios neurológicos e comprometimento cognitivo, tornando seu consumo adequado fundamental para a saúde geral.

## **Genes Analisados**

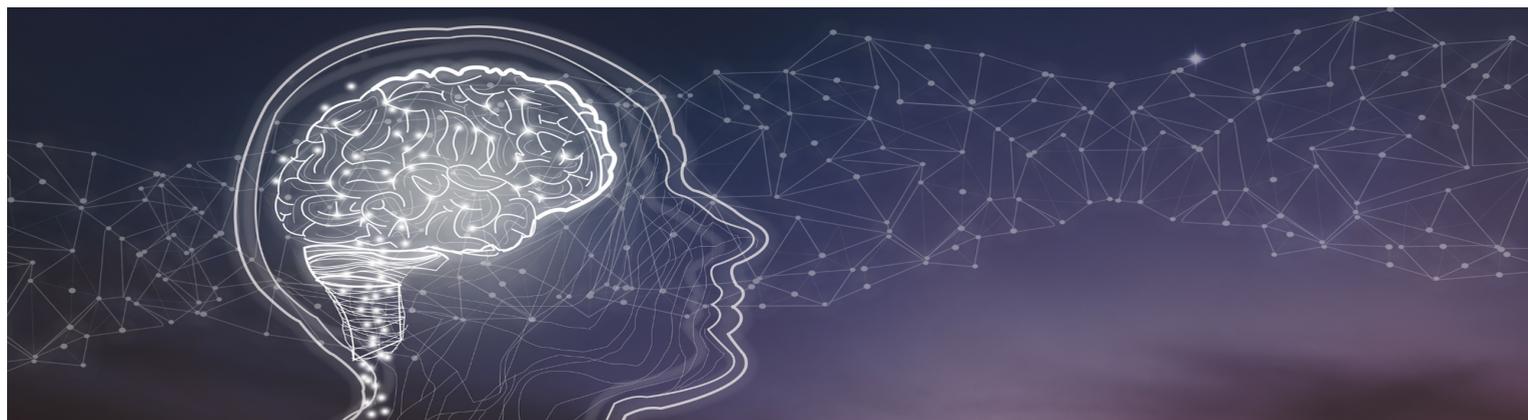
**PEMT, CHKA, BHMT, MTHFD1,**

### **Relação Genética**

A genética influencia o metabolismo da colina e a síntese de fosfatidilcolina, com variantes em genes como o PEMT (fosfatidiletanolamina N-metiltransferase) desempenhando um papel chave. O gene PEMT codifica uma enzima que converte fosfatidiletanolamina em fosfatidilcolina, um processo crucial para a formação de membranas celulares e o transporte de lipídios. Algumas variantes genéticas podem reduzir a atividade dessa enzima, aumentando a necessidade de colina na dieta. Pessoas com essas variantes podem ter maior risco de desenvolver problemas como acúmulo de gordura no fígado e complicações neurológicas se não atingirem níveis adequados de colina, destacando a importância de ajustar a ingestão com base em fatores genéticos.

### **Como analisar os resultados?**

O painel de colina e fosfatidilcolina analisa genes envolvidos na síntese e uso da colina, nutriente essencial para o funcionamento cerebral, saúde hepática e integridade das membranas celulares. PEMT, CHKA, BHMT e MTHFD1 atuam em vias que regulam a produção de fosfatidilcolina e a metilação. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de baixa produção ou maior demanda de colina. Nesses casos, recomenda-se incluir na dieta alimentos ricos em colina, como ovos, fígado e peixes, e considerar suplementação de colina ou fosfatidilcolina, especialmente em fases como gestação ou alta demanda cognitiva.



<https://academic.oup.com/jn/article/150/11/2874/5906633?login=true>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5343788/>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5343788/>  
<https://ods.od.nih.gov/factsheets/Choline-HealthProfessional/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DA COLINA E FOSFATIDILCOLINA****Seus resultados****GENE: MTHFD1****SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GA****CLASSIFICAÇÃO: Regular****RISCO:** Diminuição da estabilidade da enzima MTHFD1. Maior necessidade da colina nos processos de metilação.

O gene MTHFD1 codifica uma enzima multifuncional envolvida no metabolismo do folato (vitamina B9), que é essencial para a síntese de DNA, reparo celular e o metabolismo de aminoácidos. A enzima MTHFD1 participa da conversão de compostos de um carbono, como o metileno e formil-tetrahydrofolato, que são fundamentais para a produção de nucleotídeos e a regulação dos níveis de homocisteína no sangue. Variantes no gene MTHFD1 podem afetar a eficiência desses processos, aumentando o risco de defeitos no tubo neural durante a gravidez, problemas cardiovasculares e outras condições associadas a um metabolismo inadequado de folato.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Aumente a ingestão de colina! Portadores do alelo A são mais propensos a ter deficiência em uma dieta baixa em colina.

Estudo de referência: PMID 18767138, 24671709

**GENE: PEMT****SNP: rs7\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TT****CLASSIFICAÇÃO: Ruim****RISCO:** Atividade reduzida da enzima PEMT[PMC5343788]. Risco aumentado de deficiência de colina. Aumento do risco de doença hepática gordurosa não alcoólica - em pessoas magras.

O gene PEMT codifica a enzima fosfatidiletanolamina N-metiltransferase, que é responsável pela produção de fosfatidilcolina no fígado, um fosfolípido essencial para a formação das membranas celulares e para o transporte de lipídios através das lipoproteínas. A fosfatidilcolina também desempenha um papel crucial na saúde do fígado, prevenindo o acúmulo de gordura hepática. Variantes no gene PEMT podem comprometer a produção adequada de fosfatidilcolina, aumentando o risco de esteatose hepática (fígado gorduroso) e outros distúrbios metabólicos, além de afetar a absorção de nutrientes e o metabolismo lipídico.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

A suplementação de colina/fosfatidilcolina pode ser útil!

Estudo de referência: PMID: 28134761, PMC5343788

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DA COLINA E FOSFATIDILCOLINA****Seus resultados****GENE: CHKA****RISCO:** Redução da conversão de metionina em fosfatidilcolina.**SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CA****CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene CHKA codifica a enzima colina quinase alfa, que desempenha um papel crucial no metabolismo da colina. Essa enzima está envolvida na primeira etapa da síntese de fosfatidilcolina, um componente essencial das membranas celulares e lipoproteínas, que também é importante para o transporte de gordura no corpo. A colina é necessária para funções como a sinalização celular, transporte de lipídios e manutenção da saúde do fígado. Variantes no gene CHKA podem afetar a produção de fosfatidilcolina, o que pode impactar a saúde celular, o metabolismo lipídico e aumentar o risco de condições como a esteatose hepática (fígado gorduroso).

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Portadores da variante são mais propensos a precisar de suplementação de colina, uma vez que não convertem muito bem a proteína dietética (metionina) em colina. Verifique com o seu médico ou nutricionista a necessidade de suplementação de colina.

Estudo de referência: PMID: 28134761

**GENE: BHMT****RISCO:** Conversão normal de colina em betaína.**SNP: rs3\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GG****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene BHMT codifica a enzima betaína-homocisteína metiltransferase, que desempenha um papel importante no metabolismo da homocisteína. Essa enzima catalisa a conversão da homocisteína em metionina, utilizando a betaína como doadora de metila. A metionina é essencial para a síntese de proteínas e para o ciclo da metilação, um processo fundamental para a regulação da expressão gênica e a síntese de DNA. Variantes no gene BHMT podem afetar a eficiência desse processo, levando ao acúmulo de homocisteína, o que está associado a um maior risco de doenças cardiovasculares e distúrbios metabólicos.

Estudo de referência: PMID 31111486

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: METABOLISMO E TRANSPORTE DA VITAMINA C

Seus resultados

#### **044 - PAINEL VERSA | MICRONUTRIENTES - VITAMINA C**

A vitamina C, ou ácido ascórbico, é essencial para o funcionamento do corpo, atuando como um poderoso antioxidante que protege as células contra danos causados pelos radicais livres. Ela também é fundamental para a síntese de colágeno, proteína que dá estrutura à pele, ossos e vasos sanguíneos. Além disso, a vitamina C fortalece o sistema imunológico, auxilia na absorção de ferro e acelera a cicatrização de feridas. A deficiência de vitamina C pode causar escorbuto, levando a fadiga, sangramentos gengivais e problemas na cicatrização. Fontes ricas incluem frutas cítricas, morangos, kiwi e vegetais verdes.

### **Genes Analisados**

SLC23A1,

#### **Relação Genética**

A genética pode influenciar o metabolismo da vitamina C, afetando sua absorção, distribuição e utilização no organismo. Variantes em genes como o SLC23A1, responsável pelo transporte de vitamina C, podem impactar a eficiência com que essa vitamina é absorvida e mantida em níveis adequados no corpo. Pessoas com certas variações genéticas podem ter maior necessidade de vitamina C, sendo mais suscetíveis a níveis baixos dessa vitamina, o que pode comprometer a função antioxidante e a saúde da pele e do sistema imunológico. Conhecer essas predisposições genéticas permite otimizar a ingestão de vitamina C para garantir seus benefícios à saúde.

#### **Como analisar os resultados?**

O painel de vitamina C analisa o gene SLC23A1, responsável pelo transporte da vitamina para dentro das células. Alterações nesse gene podem reduzir a eficiência da absorção e distribuição da vitamina C, essencial para a imunidade, síntese de colágeno e ação antioxidante. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de menor biodisponibilidade celular da vitamina, mesmo com ingestão adequada. Nesses casos, recomenda-se aumentar o consumo de fontes naturais de vitamina C, como acerola, kiwi, laranja e pimentão, e avaliar a necessidade de suplementação para garantir níveis ideais no organismo.



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC3824828/>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC4357493/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO E TRANSPORTE DA VITAMINA C****Seus resultados****GENE: SLC23A1****RISCO:** Risco normal de deficiência de vitamina C.**SNP: rs3\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene SLC23A1 codifica uma proteína transportadora de vitamina C (ácido ascórbico), responsável pela absorção e reabsorção dessa vitamina nos rins e intestinos. Essa proteína desempenha um papel crucial na regulação dos níveis de vitamina C no corpo, garantindo que essa importante vitamina antioxidante seja transportada para os tecidos onde é necessária. A vitamina C é essencial para a síntese de colágeno, a cicatrização de feridas, a função imunológica e a proteção contra danos oxidativos. Variantes no gene SLC23A1 podem afetar a eficiência do transporte de vitamina C, influenciando os níveis circulantes dessa vitamina e o risco de deficiências, o que pode impactar a saúde geral e aumentar o risco de doenças

Estudo de referência: PMID: 29939348, 25948669

**GENE: SLC23A1****RISCO:** Maior transporte de vitamina C.**SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TT****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene SLC23A1 codifica uma proteína transportadora de vitamina C (ácido ascórbico), responsável pela absorção e reabsorção dessa vitamina nos rins e intestinos. Essa proteína desempenha um papel crucial na regulação dos níveis de vitamina C no corpo, garantindo que essa importante vitamina antioxidante seja transportada para os tecidos onde é necessária. A vitamina C é essencial para a síntese de colágeno, a cicatrização de feridas, a função imunológica e a proteção contra danos oxidativos. Variantes no gene SLC23A1 podem afetar a eficiência do transporte de vitamina C, influenciando os níveis circulantes dessa vitamina e o risco de deficiências, o que pode impactar a saúde geral e aumentar o risco de doenças

Estudo de referência: PMID: 24284447

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

## Categoria no resumo: RISCO DE DEFICIÊNCIA DE VITAMINA D

## Seus resultados

### **045 - PAINEL VERSA | MICRONUTRIENTES - VITAMINA D**

A vitamina D é essencial para a saúde óssea, pois ajuda o corpo a absorver cálcio e fósforo, minerais fundamentais para a formação e manutenção de ossos e dentes fortes. Além disso, ela desempenha um papel importante no fortalecimento do sistema imunológico, na função muscular e na prevenção de doenças crônicas, como osteoporose e doenças autoimunes. A vitamina D também contribui para a regulação do humor e a saúde cardiovascular. Sua deficiência pode levar a fraqueza óssea, aumento do risco de fraturas, fadiga e problemas imunológicos. O corpo a obtém principalmente pela exposição ao sol e por fontes alimentares como peixes gordurosos e laticínios fortificados.

## **Genes Analisados**

**CYP2R1, GC, VDR-Taql, VDR-Bsml, VDR-FokI,**

### **Relação Genética**

A genética influencia significativamente o metabolismo da vitamina D, afetando a sua produção, ativação e utilização pelo corpo. Variantes em genes como o VDR (receptor de vitamina D) e o CYP2R1, que participa da conversão da vitamina D em sua forma ativa, podem alterar a eficiência com que a vitamina D é metabolizada e utilizada. Pessoas com certas variantes genéticas podem ter maior dificuldade em manter níveis adequados de vitamina D, mesmo com exposição ao sol ou ingestão adequada. Essas predisposições podem aumentar o risco de problemas ósseos, imunológicos e metabólicos, tornando importante o ajuste personalizado da suplementação de vitamina D com base no perfil genético.

### **Como analisar os resultados?**

O painel de vitamina D avalia genes que influenciam sua conversão ativa, transporte e ação no organismo. CYP2R1 participa da ativação da vitamina D, GC atua no transporte, e as variantes do gene VDR determinam a sensibilidade celular a essa vitamina. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de deficiência funcional, mesmo com boa exposição solar. Nestes casos, recomenda-se monitorar os níveis sanguíneos regularmente, priorizar fontes alimentares e considerar suplementação, especialmente em períodos com baixa exposição ao sol.



<https://www.tuasaude.com/para-que-serve-a-vitamina-d/>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene?Db=gene&Cmd=DetailsSearch&Term=7421>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5373853/>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2879406/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE DEFICIÊNCIA DE VITAMINA D****Seus resultados****GENE: CYP2R1****RISCO:** Risco aumentado de insuficiência ou deficiência de vitamina D.**SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: AG****CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene CYP2R1 codifica uma enzima do citocromo P450, conhecida como 25-hidroxilase, que desempenha um papel crucial no metabolismo da vitamina D. Essa enzima é responsável pela conversão da vitamina D3 (colecalciferol) na sua forma ativa, 25-hidroxivitamina D [25(OH)D], no fígado. Essa forma é o principal marcador dos níveis de vitamina D no corpo e é fundamental para a regulação dos níveis de cálcio e fosfato, essenciais para a saúde óssea e a função imunológica. Variantes no gene CYP2R1 podem afetar a eficiência dessa conversão, impactando os níveis de vitamina D e aumentando o risco de deficiência, o que pode levar a problemas como osteoporose e doenças relacionadas ao sistema imunológico.

Estudo de referência: PMID 27570856

**GENE: CYP2R1****RISCO:** Níveis normais de vitamina D.**SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: AG****CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene CYP2R1 codifica uma enzima do citocromo P450, conhecida como 25-hidroxilase, que desempenha um papel crucial no metabolismo da vitamina D. Essa enzima é responsável pela conversão da vitamina D3 (colecalciferol) na sua forma ativa, 25-hidroxivitamina D [25(OH)D], no fígado. Essa forma é o principal marcador dos níveis de vitamina D no corpo e é fundamental para a regulação dos níveis de cálcio e fosfato, essenciais para a saúde óssea e a função imunológica. Variantes no gene CYP2R1 podem afetar a eficiência dessa conversão, impactando os níveis de vitamina D e aumentando o risco de deficiência, o que pode levar a problemas como osteoporose e doenças relacionadas ao sistema imunológico.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Verifique com o seu médico ou nutricionista a necessidade de suplementação de vitamina D.

Estudo de referência: PMID: 20418485

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE DEFICIÊNCIA DE VITAMINA D**

**Seus resultados**

**GENE: CYP2R1**                      **RISCO:** Níveis possivelmente normais de vitamina D.  
**SNP: rs1\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: CT**  
**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene CYP2R1 codifica uma enzima do citocromo P450, conhecida como 25-hidroxilase, que desempenha um papel crucial no metabolismo da vitamina D. Essa enzima é responsável pela conversão da vitamina D3 (colecalciferol) na sua forma ativa, 25-hidroxivitamina D [25(OH)D], no fígado. Essa forma é o principal marcador dos níveis de vitamina D no corpo e é fundamental para a regulação dos níveis de cálcio e fosfato, essenciais para a saúde óssea e a função imunológica. Variantes no gene CYP2R1 podem afetar a eficiência dessa conversão, impactando os níveis de vitamina D e aumentando o risco de deficiência, o que pode levar a problemas como osteoporose e doenças relacionadas ao sistema imunológico.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**  
Verifique com o seu médico ou nutricionista a necessidade de suplementação de vitamina D.

Estudo de referência: PMID: 28382877

**GENE: GC**                              **RISCO:** Níveis normais de vitamina D.  
**SNP: rs1\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: TT**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene GC codifica a proteína ligadora de vitamina D (DBP), responsável pelo transporte da vitamina D e seus metabólitos no sangue. Essa proteína liga-se à vitamina D em suas formas inativas e ativas, facilitando seu transporte para os órgãos onde será armazenada ou convertida na forma ativa, necessária para a regulação do cálcio e do fosfato no corpo. A proteína DBP também desempenha um papel na resposta imune e no transporte de ácidos graxos. Variantes no gene GC podem influenciar os níveis circulantes de vitamina D e a eficiência do seu transporte, afetando a disponibilidade dessa vitamina e o risco de deficiência, o que pode impactar a saúde óssea e imunológica.

Estudo de referência: PMC2675652

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE DEFICIÊNCIA DE VITAMINA D****Seus resultados**

**GENE: GC** **RISCO:** Níveis reduzidos de vitamina D.  
**SNP: rs2\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: TT**  
**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

O gene GC codifica a proteína ligadora de vitamina D (DBP), responsável pelo transporte da vitamina D e seus metabólitos no sangue. Essa proteína liga-se à vitamina D em suas formas inativas e ativas, facilitando seu transporte para os órgãos onde será armazenada ou convertida na forma ativa, necessária para a regulação do cálcio e do fosfato no corpo. A proteína DBP também desempenha um papel na resposta imune e no transporte de ácidos graxos. Variantes no gene GC podem influenciar os níveis circulantes de vitamina D e a eficiência do seu transporte, afetando a disponibilidade dessa vitamina e o risco de deficiência, o que pode impactar a saúde óssea e imunológica.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Verifique com o seu médico ou nutricionista a necessidade de suplementação de vitamina D.

Estudo de referência: PMID: 20418485 [GWAS]

**GENE: GC** **RISCO:** Tendência a níveis reduzidos de vitamina D.  
**SNP: rs7\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: AC**  
**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene GC codifica a proteína ligadora de vitamina D (DBP), responsável pelo transporte da vitamina D e seus metabólitos no sangue. Essa proteína liga-se à vitamina D em suas formas inativas e ativas, facilitando seu transporte para os órgãos onde será armazenada ou convertida na forma ativa, necessária para a regulação do cálcio e do fosfato no corpo. A proteína DBP também desempenha um papel na resposta imune e no transporte de ácidos graxos. Variantes no gene GC podem influenciar os níveis circulantes de vitamina D e a eficiência do seu transporte, afetando a disponibilidade dessa vitamina e o risco de deficiência, o que pode impactar a saúde óssea e imunológica.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Verifique com o seu médico ou nutricionista a necessidade de suplementação de vitamina D.

Estudo de referência: PMID: 22583563

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE DEFICIÊNCIA DE VITAMINA D****Seus resultados****GENE: VDR-Taql****RISCO:** Níveis reduzidos de vitamina D.**SNP: rs7\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: AA****CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

O gene VDR codifica o receptor de vitamina D, uma proteína nuclear que se liga à forma ativa da vitamina D (1,25-dihidroxitamina D). Quando ativado, o receptor de vitamina D regula a expressão de diversos genes envolvidos na absorção de cálcio, na saúde óssea, na função imunológica e no crescimento celular. O VDR desempenha um papel crucial na manutenção dos níveis adequados de cálcio e fosfato no sangue, promovendo a mineralização óssea e contribuindo para a regulação do sistema imunológico. Variantes no gene VDR podem influenciar a sensibilidade do corpo à vitamina D, impactando a saúde óssea, a imunidade e o risco de desenvolver doenças como osteoporose e doenças autoimunes.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Verifique com o seu médico ou nutricionista a necessidade de suplementação de vitamina D.

Estudo de referência: PMID: 38802057

**GENE: VDR-BsmI****RISCO:** Níveis normais de vitamina D. Densidade mineral óssea normal. Redução do risco de fraturas por estresse.**SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene VDR codifica o receptor de vitamina D, uma proteína nuclear que se liga à forma ativa da vitamina D (1,25-dihidroxitamina D). Quando ativado, o receptor de vitamina D regula a expressão de diversos genes envolvidos na absorção de cálcio, na saúde óssea, na função imunológica e no crescimento celular. O VDR desempenha um papel crucial na manutenção dos níveis adequados de cálcio e fosfato no sangue, promovendo a mineralização óssea e contribuindo para a regulação do sistema imunológico. Variantes no gene VDR podem influenciar a sensibilidade do corpo à vitamina D, impactando a saúde óssea, a imunidade e o risco de desenvolver doenças como osteoporose e doenças autoimunes.

Estudo de referência: PMID: 20363324

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: RISCO DE DEFICIÊNCIA DE VITAMINA A**

**Seus resultados**

## **046 - PAINEL VERSA | MICRONUTRIENTES - VITAMINA A**

A vitamina A é essencial para a saúde ocular, desempenhando um papel crucial na manutenção da visão, especialmente sob baixa luminosidade. Ela também apoia o sistema imunológico, ajudando o corpo a combater infecções, além de ser importante para o crescimento celular, a integridade da pele e a reprodução. A vitamina A atua como antioxidante, protegendo as células contra danos oxidativos, e é necessária para a saúde da pele e das mucosas. A deficiência de vitamina A pode causar cegueira noturna, aumento da suscetibilidade a infecções e problemas de pele. Fontes ricas incluem fígado, cenoura, batata-doce e vegetais de folhas verdes.

## **Genes Analisados**

**BCMO1,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel importante no metabolismo da vitamina A, influenciando sua absorção, armazenamento e conversão em sua forma ativa, o retinol. Variantes em genes como o BCMO1, responsável pela conversão do betacaroteno (encontrado em vegetais) em vitamina A, podem reduzir a eficiência desse processo, tornando algumas pessoas menos capazes de obter vitamina A a partir de fontes vegetais. Essas variações genéticas podem aumentar o risco de deficiência de vitamina A, afetando a saúde ocular, imunológica e da pele. Conhecer essas predisposições genéticas ajuda a ajustar a dieta para garantir níveis adequados de vitamina A no organismo.

### **Como analisar os resultados?**

O gene BCMO1 está envolvido na conversão do betacaroteno (presente em vegetais coloridos) na forma ativa da vitamina A (retinol). Alterações nesse gene podem reduzir a eficiência dessa conversão, comprometendo funções como visão, imunidade e saúde da pele. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de baixa conversão. Nesses casos, recomenda-se priorizar fontes animais ricas em retinol, como fígado e ovos, ou considerar suplementação com vitamina A pré-formada, sempre com acompanhamento profissional.



<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19103647/>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC5683001/>  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33795317/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE DEFICIÊNCIA DE VITAMINA A**

**Seus resultados**

**GENE: BCMO1**  
**SNP: rs7\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: CT**  
**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Conversão reduzida de betacaroteno em retinol. Risco aumentado de deficiência de vitamina A. Cada alelo T reduz até 32% da conversão de betacaroteno em retinol.

O gene BCMO1 codifica a enzima beta-caroteno monoxigenase 1, que é responsável pela conversão do beta-caroteno, encontrado em alimentos vegetais como cenouras e abóboras, em vitamina A (retinol). A vitamina A é essencial para várias funções biológicas, incluindo a saúde da visão, a regulação do sistema imunológico e a manutenção da pele e das membranas mucosas. Variantes no gene BCMO1 podem influenciar a eficiência dessa conversão, levando a diferenças nos níveis de vitamina A no corpo. Isso pode impactar a visão, especialmente a visão noturna, e aumentar o risco de deficiências nutricionais relacionadas à vitamina A.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Verifique com seu médico ou nutricionista a necessidade de suplementação de vitamina A.

Estudo de referência: PMID: 19103647

**GENE: BCMO1**  
**SNP: rs12\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: AT**  
**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Conversão reduzida de betacaroteno em retinol. Risco aumentado de deficiência de vitamina A. Cada alelo T reduz até 32% da conversão de betacaroteno em retinol.

O gene BCMO1 codifica a enzima beta-caroteno monoxigenase 1, que é responsável pela conversão do beta-caroteno, encontrado em alimentos vegetais como cenouras e abóboras, em vitamina A (retinol). A vitamina A é essencial para várias funções biológicas, incluindo a saúde da visão, a regulação do sistema imunológico e a manutenção da pele e das membranas mucosas. Variantes no gene BCMO1 podem influenciar a eficiência dessa conversão, levando a diferenças nos níveis de vitamina A no corpo. Isso pode impactar a visão, especialmente a visão noturna, e aumentar o risco de deficiências nutricionais relacionadas à vitamina A.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Verifique com seu médico ou nutricionista a necessidade de suplementação de vitamina A.

Estudo de referência: PMID: 19103647

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE DEFICIÊNCIA DE VITAMINA A**

**Seus resultados**

**GENE: BCMO1**  
**SNP: rs6\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: TT**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Conversão normal de betacaroteno em forma ativa de vitamina A.

O gene BCMO1 codifica a enzima beta-caroteno monoxigenase 1, que é responsável pela conversão do beta-caroteno, encontrado em alimentos vegetais como cenouras e abóboras, em vitamina A (retinol). A vitamina A é essencial para várias funções biológicas, incluindo a saúde da visão, a regulação do sistema imunológico e a manutenção da pele e das membranas mucosas. Variantes no gene BCMO1 podem influenciar a eficiência dessa conversão, levando a diferenças nos níveis de vitamina A no corpo. Isso pode impactar a visão, especialmente a visão noturna, e aumentar o risco de deficiências nutricionais relacionadas à vitamina A.

Estudo de referência: PMID: 22113863

**GENE: BCMO1**  
**SNP: rs6\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: GG**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Conversão normal de betacaroteno em retinol. Risco normal de deficiência de vitamina A.

O gene BCMO1 codifica a enzima beta-caroteno monoxigenase 1, que é responsável pela conversão do beta-caroteno, encontrado em alimentos vegetais como cenouras e abóboras, em vitamina A (retinol). A vitamina A é essencial para várias funções biológicas, incluindo a saúde da visão, a regulação do sistema imunológico e a manutenção da pele e das membranas mucosas. Variantes no gene BCMO1 podem influenciar a eficiência dessa conversão, levando a diferenças nos níveis de vitamina A no corpo. Isso pode impactar a visão, especialmente a visão noturna, e aumentar o risco de deficiências nutricionais relacionadas à vitamina A.

Estudo de referência: PMID: 22113863

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: NÍVEIS SÉRICOS DE MAGNÉSIO

## Seus resultados

### **047 - PAINEL VERSA | MICRONUTRIENTES - MAGNÉSIO**

O magnésio é um mineral essencial para a saúde humana, desempenhando um papel fundamental em mais de 300 reações bioquímicas no corpo. Ele é crucial para a função muscular e nervosa, regulação da pressão arterial, síntese de proteínas e produção de energia celular. O magnésio também contribui para a saúde óssea, ajudando a manter a densidade mineral dos ossos, e auxilia no controle da glicose no sangue, beneficiando o metabolismo. A deficiência de magnésio pode levar a câimbras, fadiga, problemas cardíacos e alterações no humor. Fontes ricas incluem nozes, sementes, vegetais de folhas verdes e cereais integrais.

## **Genes Analisados**

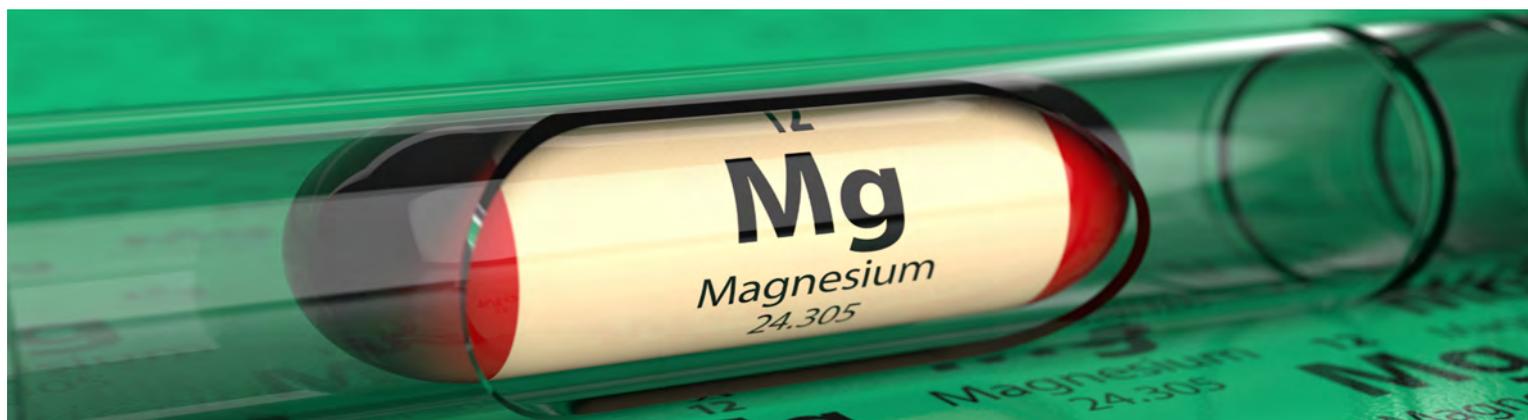
UST, TRPM6,

### **Relação Genética**

A genética influencia o metabolismo do magnésio, afetando sua absorção, transporte e excreção no organismo. Variantes em genes como o TRPM6, que codifica um canal importante para a absorção de magnésio nos rins e intestinos, podem reduzir a eficiência com que o corpo retém e utiliza esse mineral. Pessoas com essas variações genéticas podem ter maior risco de deficiência de magnésio, mesmo com uma ingestão adequada, o que pode impactar a saúde óssea, muscular e cardiovascular. Identificar essas predisposições genéticas pode ajudar a personalizar a dieta e a suplementação de magnésio para otimizar a saúde.

### **Como analisar os resultados?**

Os genes UST e TRPM6 influenciam a absorção e regulação do magnésio, mineral essencial para função muscular, neurológica e equilíbrio metabólico. Alterações nesses genes podem dificultar a retenção ou absorção adequada do mineral. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de deficiência, mesmo com boa ingestão. Nesses casos, é indicado aumentar o consumo de alimentos ricos em magnésio, como folhas verdes, sementes e leguminosas, além de considerar suplementação, especialmente em situações de estresse físico ou mental.



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4586582/>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6024373/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: NÍVEIS SÉRICOS DE MAGNÉSIO****Seus resultados****GENE: UST****RISCO:** Risco reduzido de deficiência de magnésio.**SNP: rs3\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene UST codifica a enzima uronil sulfotransferase, que desempenha um papel crucial na modificação de glicosaminoglicanos (GAGs), moléculas importantes na formação de tecidos conjuntivos, como a cartilagem, pele e vasos sanguíneos. A enzima UST adiciona grupos sulfato a esses GAGs, o que é essencial para suas funções biológicas, incluindo a regulação do crescimento celular, a reparação tecidual e a sinalização celular. Variantes no gene UST podem afetar a estrutura e a função dos GAGs, impactando a integridade dos tecidos e aumentando o risco de distúrbios relacionados ao tecido conjuntivo e doenças esqueléticas.

Estudo de referência: PMID 27757375

**GENE: TRPM6****RISCO:** Risco reduzido de deficiência de magnésio.**SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TT****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene TRPM6 codifica um canal de íons que desempenha um papel essencial na regulação da absorção de magnésio e sódio no corpo, especialmente nos intestinos e rins. O TRPM6 é crucial para a manutenção dos níveis adequados de magnésio, um mineral importante para várias funções biológicas, incluindo a síntese de DNA, a função muscular, a saúde óssea e a regulação da pressão arterial. Deficiências no gene TRPM6 podem levar a problemas na absorção de magnésio, resultando em condições como hipomagnesemia, que pode causar sintomas como fraqueza muscular, convulsões e irregularidades cardíacas.

Estudo de referência: PMID 30739590

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: NÍVEIS SÉRICOS DE MAGNÉSIO****Seus resultados****GENE: TRPM6****RISCO:** Risco normal/reduzido de deficiência de magnésio.**SNP: rs1\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GG****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene TRPM6 codifica um canal de íons que desempenha um papel essencial na regulação da absorção de magnésio e sódio no corpo, especialmente nos intestinos e rins. O TRPM6 é crucial para a manutenção dos níveis adequados de magnésio, um mineral importante para várias funções biológicas, incluindo a síntese de DNA, a função muscular, a saúde óssea e a regulação da pressão arterial. Deficiências no gene TRPM6 podem levar a problemas na absorção de magnésio, resultando em condições como hipomagnesemia, que pode causar sintomas como fraqueza muscular, convulsões e irregularidades cardíacas.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_017662.5(TRPM6):c.422C>T (p.Ser141Leu)

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

## Categoria no resumo: BENEFÍCIO DA SUPLEMENTAÇÃO DE ZINCO

## Seus resultados

### **048 - PAINEL VERSA | MICRONUTRIENTES - ZINCO**

O zinco é um mineral essencial para a saúde humana, desempenhando um papel vital na função imunológica, cicatrização de feridas, síntese de proteínas e DNA, e divisão celular. Ele também é fundamental para o desenvolvimento e funcionamento adequado do paladar e olfato, além de apoiar o crescimento e a saúde da pele, cabelo e unhas. O zinco atua como antioxidante, protegendo as células contra danos e ajudando a combater infecções. A deficiência de zinco pode resultar em problemas no sistema imunológico, retardo no crescimento, queda de cabelo e dificuldades na cicatrização. Fontes ricas incluem carne vermelha, frutos do mar, nozes e sementes.

### **Genes Analisados**

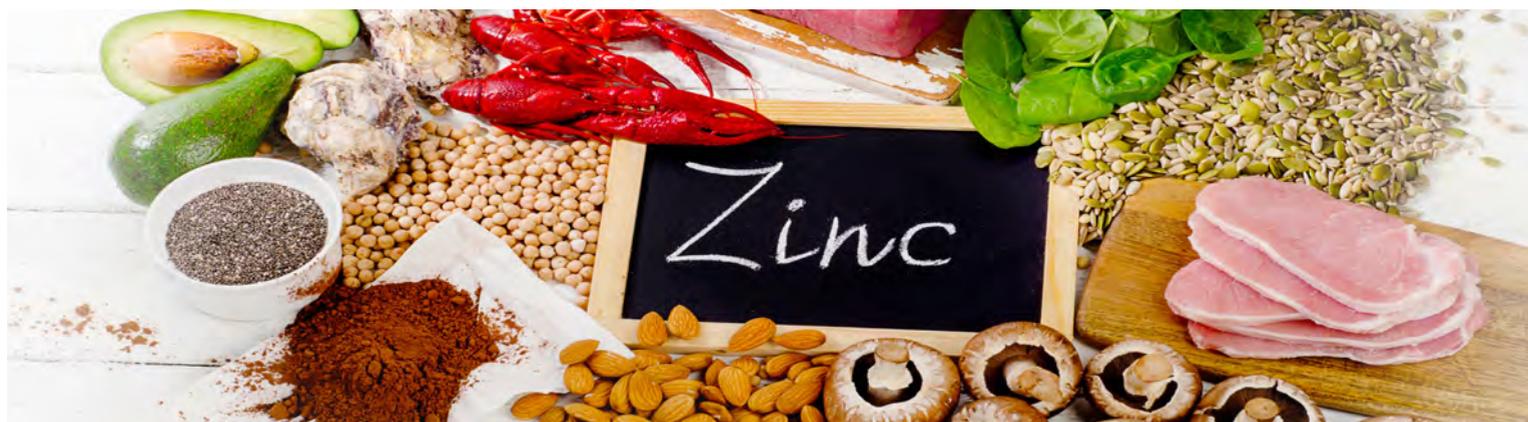
**SLC30A8, SLC30A2, CA1,**

#### **Relação Genética**

A genética influencia o metabolismo do zinco, afetando sua absorção, transporte e utilização no organismo. Variantes em genes como o SLC30A8, que codifica uma proteína responsável pelo transporte de zinco para dentro das células, podem alterar a eficiência com que o corpo utiliza esse mineral. Pessoas com essas variações genéticas podem ter maior dificuldade em manter níveis adequados de zinco, o que pode impactar a função imunológica, a cicatrização e o crescimento celular. Conhecer essas predisposições genéticas pode ajudar a ajustar a ingestão de zinco e otimizar a saúde com base nas necessidades individuais.

#### **Como analisar os resultados?**

Esse painel avalia genes envolvidos no transporte, utilização e metabolismo do zinco. SLC30A8 e SLC30A2 codificam transportadores celulares de zinco, enquanto CA1 participa de reações metabólicas dependentes desse mineral. Alterações nesses genes podem afetar a distribuição e a biodisponibilidade do zinco. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de deficiência funcional. Nesses casos, é recomendado aumentar o consumo de carnes, castanhas e sementes, e considerar suplementação em casos de baixa imunidade ou cicatrização lenta.



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3636409/#Sec21>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3994948/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: BENEFÍCIO DA SUPLEMENTAÇÃO DE ZINCO****Seus resultados****GENE: CA1****RISCO:** Tendência de nível sérico de zinco levemente aumentado.**SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: AG****CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene CA1 codifica a enzima anidrase carbônica 1, que desempenha um papel crucial no equilíbrio ácido-base do corpo. Essa enzima catalisa a conversão rápida de dióxido de carbono em bicarbonato e prótons, um processo importante para a regulação do pH no sangue e nos tecidos. A anidrase carbônica 1 é encontrada principalmente nos glóbulos vermelhos e tecidos como rins e estômago, onde ajuda a controlar a excreção de ácido e a reabsorção de bicarbonato. Variantes no gene CA1 podem impactar o equilíbrio ácido-base, influenciando a capacidade do corpo de manter um pH adequado, o que pode afetar processos fisiológicos importantes.

Estudo de referência: PMC3766178

**GENE: SLC30A2****RISCO:** Transporte normal de zinco.**SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene SLC30A2 codifica uma proteína transportadora de zinco conhecida como ZnT2, que é responsável pelo transporte de íons de zinco para fora do citoplasma das células, direcionando-o para compartimentos intracelulares ou para a secreção em fluidos corporais, como o leite materno. O zinco é essencial para diversas funções biológicas, incluindo a síntese de proteínas, função imunológica e saúde celular. No contexto da lactação, o SLC30A2 desempenha um papel fundamental na regulação dos níveis de zinco no leite materno, garantindo que o bebê receba quantidades adequadas desse nutriente vital. Variantes no gene SLC30A2 podem afetar a eficiência desse transporte, resultando em deficiência de zinco no leite materno e impactando o

Estudo de referência: PMID 29476070

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: BENEFÍCIO DA SUPLEMENTAÇÃO DE ZINCO**

**Seus resultados**

**GENE: SLC30A2**                      **RISCO:** Transporte normal de zinco.  
**SNP: rs1\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: CC**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene SLC30A2 codifica uma proteína transportadora de zinco conhecida como ZnT2, que é responsável pelo transporte de íons de zinco para fora do citoplasma das células, direcionando-o para compartimentos intracelulares ou para a secreção em fluidos corporais, como o leite materno. O zinco é essencial para diversas funções biológicas, incluindo a síntese de proteínas, função imunológica e saúde celular. No contexto da lactação, o SLC30A2 desempenha um papel fundamental na regulação dos níveis de zinco no leite materno, garantindo que o bebê receba quantidades adequadas desse nutriente vital. Variantes no gene SLC30A2 podem afetar a eficiência desse transporte, resultando em deficiência de zinco no leite materno e impactando o

Estudo de referência: PMID: 28218639

**GENE: SLC30A8**                      **RISCO:** Transporte de zinco prejudicado. Alta suscetibilidade à dor muscular tardia. Tempo de recuperação muscular aumentado.  
**SNP: rs1\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: CC**  
**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

O gene SLC30A8 codifica a proteína transportadora de zinco ZnT8, que desempenha um papel crucial no transporte de íons de zinco para dentro das vesículas secretoras das células beta do pâncreas. O zinco é essencial para a cristalização e armazenamento de insulina nessas células, permitindo sua liberação adequada em resposta aos níveis de glicose no sangue. Variantes no gene SLC30A8 podem afetar a função do transportador ZnT8, comprometendo o armazenamento e a secreção de insulina, o que está associado a um aumento do risco de desenvolver diabetes tipo 2. Assim, o gene SLC30A8 desempenha um papel importante na regulação da glicose e no metabolismo energético.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

A dose dietética recomendada para zinco é de 11 mg/dia para homens e 8 mg/dia para mulheres. Essa dose diária geralmente é o mínimo necessário para uma pessoa média evitar os sintomas de deficiência. Devido à variante genética apontada, pode ser útil aumentar a ingestão de zinco para melhor recuperação muscular.

Estudo de referência: PMID: 24757200

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: BENEFÍCIO DA SUPLEMENTAÇÃO DE ZINCO

Seus resultados

**GENE: SLC30A8**

**SNP: rs1\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** O zinco pode ajudar a diminuir os níveis de glicose no sangue (se o zinco for insuficiente).

O gene SLC30A8 codifica a proteína transportadora de zinco ZnT8, que desempenha um papel crucial no transporte de íons de zinco para dentro das vesículas secretoras das células beta do pâncreas. O zinco é essencial para a cristalização e armazenamento de insulina nessas células, permitindo sua liberação adequada em resposta aos níveis de glicose no sangue. Variantes no gene SLC30A8 podem afetar a função do transportador ZnT8, comprometendo o armazenamento e a secreção de insulina, o que está associado a um aumento do risco de desenvolver diabetes tipo 2. Assim, o gene SLC30A8 desempenha um papel importante na regulação da glicose e no metabolismo energético.

Estudo de referência: PMID 21810599

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: BENEFÍCIO DA SUPLEMENTAÇÃO DE SELÊNIO**

**Seus resultados**

## **049 - PAINEL VERSA | MICRONUTRIENTES - SELÊNIO**

O selênio é um mineral essencial para a saúde humana, conhecido por seu papel como antioxidante, protegendo as células contra danos oxidativos. Ele é fundamental para a função da glândula tireoide, participando da produção de hormônios que regulam o metabolismo. O selênio também fortalece o sistema imunológico, ajudando o corpo a combater infecções, e está associado à saúde cardiovascular e à prevenção de doenças crônicas. Sua deficiência pode levar a problemas de tireoide, baixa imunidade e risco aumentado de doenças cardíacas. Alimentos como castanha-do-pará, frutos do mar e grãos integrais são boas fontes de selênio.

## **Genes Analisados**

**SEP15, SEPP1, GPX4, GPX1,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel importante no metabolismo do selênio, influenciando sua absorção, transporte e utilização no organismo. Variantes em genes como o SEPP1, que codifica a selenoproteína P, responsável pelo transporte do selênio no sangue, podem impactar a eficiência com que o mineral é distribuído e utilizado. Essas variações genéticas podem afetar a função antioxidante e a saúde da tireoide, aumentando o risco de deficiência de selênio mesmo com ingestão adequada. Conhecer essas predisposições genéticas permite ajustar a dieta e suplementação para garantir níveis ideais de selênio e otimizar a saúde.

### **Como analisar os resultados?**

Este painel analisa genes envolvidos no transporte e uso do selênio, mineral com papel antioxidante e importante para imunidade e função tireoidiana. SEP15 e SEPP1 atuam no transporte e distribuição, enquanto GPX1 e GPX4 estão ligados à defesa contra o estresse oxidativo. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de deficiência funcional. Nesses casos, recomenda-se aumentar o consumo de castanha-do-pará (1 unidade por dia já é suficiente), peixes e ovos, além de avaliar a necessidade de suplementação individualizada.



<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17298706/>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3316745/>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4210904/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: BENEFÍCIO DA SUPLEMENTAÇÃO DE SELÊNIO**

**Seus resultados**

**GENE: SEP15** **RISCO:** Tendência de selênio sérico normal (mais baixo).  
**SNP: rs5\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: CT**  
**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene SEP15 codifica a proteína selenoproteína 15 (SEP15), que contém selênio em sua estrutura e está envolvida no controle de processos de dobramento de proteínas no retículo endoplasmático. A SEP15 desempenha um papel importante na proteção celular contra o estresse oxidativo, auxiliando na resposta antioxidante e na manutenção da integridade das proteínas. Além disso, ela pode influenciar processos de apoptose (morte celular programada), sendo relevante para a regulação do crescimento e da sobrevivência celular. Variantes no gene SEP15 têm sido associadas a um risco alterado de desenvolvimento de certos tipos de câncer, devido à sua função na manutenção da homeostase celular e proteção contra danos oxidativos.

Estudo de referência: PMID: 25249019 [Estudo com adultos]

**GENE: GPX1** **RISCO:** Menor atividade da enzima GPX; aumento do risco de câncer de mama.  
**SNP: rs1\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: GA**  
**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene GPX1 codifica a enzima glutathione peroxidase 1, uma importante enzima antioxidante que protege as células contra os danos causados pelo estresse oxidativo. A GPX1 neutraliza peróxidos, como o peróxido de hidrogênio, convertendo-os em água e protegendo as células de danos causados por radicais livres. Essa função é crucial para a defesa celular e para a prevenção de doenças relacionadas ao estresse oxidativo, como doenças cardiovasculares, neurodegenerativas e câncer. Variantes no gene GPX1 podem afetar a atividade da enzima, diminuindo sua capacidade de neutralizar peróxidos e aumentando a suscetibilidade a doenças causadas pelo acúmulo de danos oxidativos.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

A suplementação de selênio (ou ingestão de castanha do Pará) aumenta a atividade da enzima GPX1 [PMID 26661784].

Estudo de referência: PMID 33570152, PMID 16287877 [Câncer de mama]

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

## Categoria no resumo: INTOLERÂNCIA À LACTOSE

## Seus resultados

### **050 - PAINEL VERSA | GASTROINTESTINAL - INTOLERÂNCIA À LACTOSE**

A intolerância à lactose é a incapacidade de digerir completamente a lactose, o açúcar presente no leite e em seus derivados. Isso ocorre devido à deficiência da enzima lactase, que é responsável por quebrar a lactose no intestino delgado. Quando não digerida, a lactose chega ao intestino grosso, causando sintomas como inchaço, diarreia, gases e dor abdominal. A intolerância à lactose pode ser genética, com a produção de lactase diminuindo após a infância, ou desenvolvida devido a condições que afetam o intestino. Ajustes na dieta, como a redução de laticínios ou o uso de produtos sem lactose, ajudam a gerenciar os sintomas.

## **Genes Analisados**

LCT,

### **Relação Genética**

A intolerância à lactose tem uma forte relação com a genética. A produção da enzima lactase, responsável por digerir a lactose, é regulada pelo gene LCT. Em muitas populações, há uma variante genética que reduz a produção de lactase após a infância, levando à intolerância à lactose na vida adulta. Em outros grupos, uma mutação no gene MCM6 permite a produção contínua de lactase ao longo da vida, permitindo a digestão de laticínios. Portanto, a predisposição genética determina se uma pessoa manterá a capacidade de digerir lactose ou desenvolverá intolerância ao longo do tempo.

### **Como analisar os resultados?**

O gene LCT codifica a enzima lactase, responsável por digerir a lactose presente em laticínios. Alterações nesse gene reduzem a produção da enzima, causando sintomas como distensão abdominal, gases e diarreia após o consumo de leite. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de intolerância à lactose. Nesses casos, recomenda-se reduzir ou evitar laticínios com lactose, preferir versões sem lactose e avaliar a tolerância individual a queijos maturados e iogurtes.



<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26601570/>

<https://www.hospitaloswaldocruz.org.br/prevencao-e-saude/dicas-saude/cuidados-com-a-intolerancia-a-lactose/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INTOLERÂNCIA À LACTOSE**

**Seus resultados**

**GENE: LCT**  
**SNP: rs4\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GA**  
**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Baixa produção de lactase. Maior risco de intolerância à lactose na fase adulta. Risco aumentado de inflamação intestinal.

O gene LCT codifica a lactase, uma enzima responsável pela digestão da lactose, o açúcar presente no leite e em produtos lácteos. A lactase atua quebrando a lactose em glicose e galactose, que são absorvidas pelo intestino delgado.

A atividade da lactase é essencial durante a infância, quando a ingestão de leite é alta. Em muitos indivíduos, a expressão do gene LCT diminui após a infância, levando à intolerância à lactose, uma condição em que a lactose não é adequadamente digerida, resultando em sintomas como inchaço, dor abdominal e diarreia após a

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Possivelmente você é tolerante à lactose, porém, a produção enzimática pode diminuir com o tempo. Caso você tenha sintomas de intolerância, evite o consumo de alimentos que contenham lactose em sua composição. Caso não seja possível, use enzima lactase para auxiliar a quebra da lactose.

Estudo de referência: PMID: 26601570

**GENE: LCT**  
**SNP: rs1\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CT**  
**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Baixa produção de lactase. Maior risco de intolerância à lactose na fase adulta.

O gene LCT codifica a lactase, uma enzima responsável pela digestão da lactose, o açúcar presente no leite e em produtos lácteos. A lactase atua quebrando a lactose em glicose e galactose, que são absorvidas pelo intestino delgado.

A atividade da lactase é essencial durante a infância, quando a ingestão de leite é alta. Em muitos indivíduos, a expressão do gene LCT diminui após a infância, levando à intolerância à lactose, uma condição em que a lactose não é adequadamente digerida, resultando em sintomas como inchaço, dor abdominal e diarreia após a

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Evite o consumo excessivo de alimentos que contenham lactose em sua composição. Caso não seja possível, use enzima lactase para auxiliar a quebra da lactose.

Estudo de referência: PMID: 36987563

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: INTOLERÂNCIA AO GLÚTEN**

**Seus resultados**

## **051 - PAINEL VERSA | GASTROINTESTINAL - DOENÇA CELÍACA (INTOLERÂNCIA AO GLÚTEN)**

A doença celíaca é uma condição autoimune em que a ingestão de glúten, uma proteína presente no trigo, cevada e centeio, provoca uma resposta imunológica que danifica o intestino delgado. Esse dano prejudica a absorção de nutrientes essenciais, levando a sintomas como diarreia, dor abdominal, fadiga e perda de peso. Além dos sintomas gastrointestinais, a doença celíaca pode causar problemas extraintestinais, como anemia, osteoporose e atraso no crescimento em crianças. O diagnóstico é feito através de exames sorológicos e biópsia intestinal. O tratamento consiste em seguir uma dieta estritamente livre de glúten, o que permite a recuperação do intestino e a prevenção de complicações a longo prazo.

## **Genes Analisados**

**HLA-DQ2.5, HLA-DQ8, HLA-DQ2.2,**

### **Relação Genética**

A genética tem um papel central no desenvolvimento da doença celíaca, com a maioria dos portadores apresentando variantes nos genes HLA-DQ2 e HLA-DQ8. Esses genes codificam proteínas envolvidas na resposta imunológica, que, ao reconhecer o glúten como uma ameaça, desencadeiam uma reação autoimune que danifica o intestino delgado. No entanto, ter essas variantes genéticas não garante o desenvolvimento da doença, indicando que fatores ambientais, como a exposição ao glúten e infecções, também são importantes. O teste genético pode ajudar a identificar o risco de desenvolver a doença celíaca, especialmente em pessoas com histórico familiar, permitindo uma intervenção precoce e o manejo adequado.

### **Como analisar os resultados?**

O painel de doença celíaca identifica a presença dos genes HLA-DQ2.5, DQ8 e DQ2.2, que aumentam o risco de reação autoimune ao glúten. A presença desses genes, especialmente em combinação, é necessária para o diagnóstico da doença. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam predisposição genética. Nesses casos, é indicado monitorar sintomas gastrointestinais, deficiências nutricionais e, se necessário, investigar com exames clínicos e biópsia intestinal antes de iniciar restrições alimentares.



[https://www.snpedia.com/index.php/Celiac\\_disease](https://www.snpedia.com/index.php/Celiac_disease)  
<https://celiac.org/about-celiac-disease/symptoms-of-celiac-disease/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INTOLERÂNCIA AO GLÚTEN****Seus resultados****GENE: HLA-DQ2.5****RISCO:** Risco normal de doença autoimune (doença celíaca, lúpus).**SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene HLA-DQ2.5 é uma variante do gene HLA-DQ, que codifica uma proteína do complexo MHC de classe II, responsável pela apresentação de antígenos às células T auxiliares. A presença do HLA-DQ2.5 está fortemente associada à doença celíaca, uma condição autoimune desencadeada pela ingestão de glúten. Indivíduos que possuem essa variante têm um risco aumentado de desenvolver a doença celíaca, uma vez que o HLA-DQ2.5 facilita a resposta imune anormal ao glúten.

Estudo de referência: PMID: 25827511

**GENE: HLA-DQ8****RISCO:** Risco normal de doença celíaca.**SNP: rs7\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TT****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene HLA-DQ8 codifica outra variante do receptor MHC de classe II, que também está associada à doença celíaca. Semelhante ao HLA-DQ2.5, a presença do HLA-DQ8 permite a apresentação de antígenos do glúten, contribuindo para a ativação de células T que atacam o tecido intestinal em indivíduos predispostos. Portanto, a presença do HLA-DQ8 é um fator de risco para o desenvolvimento da doença celíaca.

Estudo de referência: PMID: 16234020

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INTOLERÂNCIA AO GLÚTEN****Seus resultados****GENE: HLA-DQ2.2****SNP: rs4\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: AA****CLASSIFICAÇÃO: Ruim****RISCO:** HLA-DQ2.2 possível se portador de alelo T em rs2395182 e alelo C em rs7775228.

O gene HLA-DQ2.2 é mais uma variante do complexo MHC de classe II que está associada a uma predisposição à doença celíaca. Assim como o HLA-DQ2.5 e HLA-DQ8, a proteína HLA-DQ2.2 facilita a apresentação de glúten para as células T, promovendo uma resposta imune que pode resultar em dano intestinal em indivíduos geneticamente suscetíveis. A presença deste alelo também está ligada a um risco aumentado de desenvolver a doença celíaca.

Estudo de referência: PMID: 18509540

**GENE: HLA-DQ2.2****SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TT****CLASSIFICAÇÃO: Ruim****RISCO:** HLA-DQ2.2 possível se portador de alelos AA em rs4713586 e alelo C em rs7775228.

O gene HLA-DQ2.2 é mais uma variante do complexo MHC de classe II que está associada a uma predisposição à doença celíaca. Assim como o HLA-DQ2.5 e HLA-DQ8, a proteína HLA-DQ2.2 facilita a apresentação de glúten para as células T, promovendo uma resposta imune que pode resultar em dano intestinal em indivíduos geneticamente suscetíveis. A presença deste alelo também está ligada a um risco aumentado de desenvolver a doença celíaca.

Estudo de referência: PMID: 18509540

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INTOLERÂNCIA AO GLÚTEN****Seus resultados****GENE: HLA-DQ2.2****RISCO:** Negativo para HLA-DQ2.2.**SNP:** rs7\*\*\*\*\***SEUS ALELOS:** TT**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

O gene HLA-DQ2.2 é mais uma variante do complexo MHC de classe II que está associada a uma predisposição à doença celíaca. Assim como o HLA-DQ2.5 e HLA-DQ8, a proteína HLA-DQ2.2 facilita a apresentação de glúten para as células T, promovendo uma resposta imune que pode resultar em dano intestinal em indivíduos geneticamente suscetíveis. A presença deste alelo também está ligada a um risco aumentado de desenvolver a doença celíaca.

Estudo de referência: PMID: 18509540

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

## Categoria no resumo: INTOLERÂNCIA À HISTAMINAS

## Seus resultados

### **052 - PAINEL VERSA | GASTROINTESTINAL - INTOLERÂNCIA A HISTAMINAS**

A intolerância à histamina ocorre quando o corpo não consegue degradar adequadamente a histamina, uma substância presente em alimentos como queijos, vinhos, embutidos e fermentados, além de ser liberada pelo organismo em resposta a alergias. Isso acontece devido à deficiência ou redução da enzima diaminoxidase (DAO), responsável por metabolizar a histamina. A acumulação excessiva de histamina pode causar sintomas como dor de cabeça, erupções cutâneas, problemas digestivos, congestão nasal e palpitações. A intolerância à histamina é tratada principalmente através de uma dieta com baixo teor de histamina e, em alguns casos, com suplementos de enzimas DAO.

## **Genes Analisados**

**AOC1, HNMT, HDC, HRH1,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel importante na intolerância à histamina, especialmente em relação à produção da enzima diaminoxidase (DAO), responsável por degradar a histamina no corpo. Variantes genéticas no gene AOC1, que codifica a enzima DAO, podem reduzir a sua atividade, levando a uma menor capacidade de metabolizar a histamina presente nos alimentos. Isso resulta em acúmulo de histamina no organismo, causando sintomas como dores de cabeça, problemas digestivos e reações cutâneas. Conhecer essas predisposições genéticas pode ajudar no diagnóstico e na personalização do tratamento, como ajustes na dieta ou uso de suplementos enzimáticos.

### **Como analisar os resultados?**

Este painel avalia genes relacionados ao metabolismo da histamina. AOC1 e HNMT degradam histaminas, enquanto HDC e HRH1 regulam sua produção e ação. Alterações podem levar ao acúmulo de histamina no organismo, causando sintomas como dor de cabeça, vermelhidão, coceira e desconforto intestinal. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam risco aumentado de intolerância. Nestes casos, recomenda-se reduzir o consumo de alimentos ricos em histamina, como vinhos, queijos maturados e embutidos.



<https://www.genecards.org/cgi-bin/carddisp.pl?gene=HNMT&keywords=Histamine,n-methyltransferase>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC5209333/>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC6386932/>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC5839887/>  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25612138/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INTOLERÂNCIA À HISTAMINAS****Seus resultados**

**GENE: AOC1** **RISCO:** Degradação normal de histaminas.  
**SNP: rs2\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: GG**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene AOC1 codifica a enzima diamina oxidase (DAO), que desempenha um papel crucial no metabolismo de aminas biogênicas, como a histamina. A DAO é responsável por degradar a histamina, uma molécula envolvida em respostas alérgicas e inflamatórias. A enzima é produzida principalmente no intestino e nos rins, onde ajuda a regular os níveis de histamina derivados de alimentos e outros processos biológicos. Variantes ou deficiência no gene AOC1 podem reduzir a atividade da DAO, resultando em intolerância à histamina, o que pode causar sintomas como dores de cabeça, problemas digestivos e reações alérgicas após o consumo de alimentos ricos em histamina.

Estudo de referência: PMID 21488903, 25612138

**GENE: AOC1** **RISCO:** Degradação normal de histaminas.  
**SNP: rs1\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: CC**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene AOC1 codifica a enzima diamina oxidase (DAO), que desempenha um papel crucial no metabolismo de aminas biogênicas, como a histamina. A DAO é responsável por degradar a histamina, uma molécula envolvida em respostas alérgicas e inflamatórias. A enzima é produzida principalmente no intestino e nos rins, onde ajuda a regular os níveis de histamina derivados de alimentos e outros processos biológicos. Variantes ou deficiência no gene AOC1 podem reduzir a atividade da DAO, resultando em intolerância à histamina, o que pode causar sintomas como dores de cabeça, problemas digestivos e reações alérgicas após o consumo de alimentos ricos em histamina.

Estudo de referência: PMID 21488903

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INTOLERÂNCIA À HISTAMINAS****Seus resultados****GENE: AOC1****SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CG****CLASSIFICAÇÃO: Regular****RISCO:** Redução (cerca de 35%) na produção de enzima DAO, aumento do risco de intolerância a histaminas. Maior ocorrência de sintomas como enxaqueca.

O gene AOC1 codifica a enzima diamina oxidase (DAO), que desempenha um papel crucial no metabolismo de aminas biogênicas, como a histamina. A DAO é responsável por degradar a histamina, uma molécula envolvida em respostas alérgicas e inflamatórias. A enzima é produzida principalmente no intestino e nos rins, onde ajuda a regular os níveis de histamina derivados de alimentos e outros processos biológicos. Variantes ou deficiência no gene AOC1 podem reduzir a atividade da DAO, resultando em intolerância à histamina, o que pode causar sintomas como dores de cabeça, problemas digestivos e reações alérgicas após o consumo de alimentos ricos em histamina.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Diminuir a quantidade de histamina que você ingere irá diminuir a quantidade total que circula em seu corpo.

Estudo de referência: PMID 17700358

**GENE: AOC1****SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GA****CLASSIFICAÇÃO: Regular****RISCO:** Possivelmente enzima DAO (diamina oxidase) levemente aumentada.

O gene AOC1 codifica a enzima diamina oxidase (DAO), que desempenha um papel crucial no metabolismo de aminas biogênicas, como a histamina. A DAO é responsável por degradar a histamina, uma molécula envolvida em respostas alérgicas e inflamatórias. A enzima é produzida principalmente no intestino e nos rins, onde ajuda a regular os níveis de histamina derivados de alimentos e outros processos biológicos. Variantes ou deficiência no gene AOC1 podem reduzir a atividade da DAO, resultando em intolerância à histamina, o que pode causar sintomas como dores de cabeça, problemas digestivos e reações alérgicas após o consumo de alimentos ricos em histamina.

Estudo de referência: PMID 21488903

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INTOLERÂNCIA À HISTAMINAS****Seus resultados****GENE: HNMT****SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: AG****CLASSIFICAÇÃO: Regular****RISCO:** Degradação reduzida de histamina. Risco aumentado de intolerância a histaminas.

O gene HNMT codifica a enzima histamina N-metiltransferase, que desempenha um papel importante na degradação da histamina, uma molécula envolvida em respostas alérgicas e inflamatórias. Ao catalisar a metilação da histamina, a HNMT regula seus níveis nos tecidos, especialmente no sistema nervoso central, onde a enzima é ativa. Diferente da diamina oxidase (DAO), que atua principalmente no intestino, a HNMT é a principal via de eliminação da histamina nas células do sistema nervoso. Variantes no gene HNMT podem afetar a atividade da enzima, influenciando a sensibilidade à histamina e aumentando o risco de condições alérgicas ou inflamatórias.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Diminuir a quantidade de histamina que você ingere irá diminuir a quantidade total que circula em seu corpo.

Estudo de referência: PMID 20551163

**GENE: HNMT****SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Degradação normal de histaminas.

O gene HNMT codifica a enzima histamina N-metiltransferase, que desempenha um papel importante na degradação da histamina, uma molécula envolvida em respostas alérgicas e inflamatórias. Ao catalisar a metilação da histamina, a HNMT regula seus níveis nos tecidos, especialmente no sistema nervoso central, onde a enzima é ativa. Diferente da diamina oxidase (DAO), que atua principalmente no intestino, a HNMT é a principal via de eliminação da histamina nas células do sistema nervoso. Variantes no gene HNMT podem afetar a atividade da enzima, influenciando a sensibilidade à histamina e aumentando o risco de condições alérgicas ou inflamatórias.

Estudo de referência: PMID: 16669609

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INTOLERÂNCIA À HISTAMINAS****Seus resultados****GENE: HDC****SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TT****CLASSIFICAÇÃO: Ruim****RISCO:** Enzima HDC normal. Conversão normal (maior) de histidina em histamina. Risco possivelmente maior de rinite alérgica (mais histamina).

O gene HDC codifica a enzima histidina descarboxilase, que é responsável pela conversão do aminoácido histidina em histamina, uma molécula envolvida em várias funções biológicas, incluindo respostas alérgicas, regulação do sono, controle do ácido gástrico e funções imunológicas. A histamina atua como um neurotransmissor no sistema nervoso central e como um mediador em respostas inflamatórias e imunes. Variantes no gene HDC podem influenciar os níveis de histamina no corpo, impactando condições alérgicas, distúrbios gastrointestinais e funções neurológicas.

Estudo de referência: PMID 20608921

**GENE: HRH1****SNP: rs9\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TT****CLASSIFICAÇÃO: Ruim****RISCO:** Provável aumento do receptor de histamina 1. Risco aumentado de sintomas do tipo alérgico associados à histamina (olhos lacrimejantes, coceira na pele, reatividade das vias aéreas).

O gene HRH1 codifica o receptor de histamina H1, que é responsável por mediar muitos dos efeitos da histamina no corpo, particularmente em respostas alérgicas e inflamatórias. Quando a histamina se liga ao receptor H1, isso desencadeia uma série de reações que incluem contração de músculos lisos, vasodilatação, aumento da permeabilidade vascular e estimulação de terminações nervosas, o que causa sintomas como coceira, inchaço e vermelhidão típicos de reações alérgicas. O receptor H1 também está envolvido na regulação do sono e do apetite. Variantes no gene HRH1 podem afetar a sensibilidade a reações alérgicas e influenciar a eficácia de medicamentos anti-histamínicos, usados para bloquear esse receptor e aliviar sintomas

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Em caso de sintomas, uma alimentação baixa em histaminas ou o uso de enzimas pode ser indicado.

Estudo de referência: PMC4742940

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: INTOLERÂNCIA À ERGOTIONEÍNA**

**Seus resultados**

## **053 - PAINEL VERSA | GASTROINTESTINAL - INTOLERÂNCIA A COGUMELOS, FEIJÕES E SOJA**

A ergotioneína é um potente antioxidante natural encontrado em alimentos como cogumelos, feijão e farelo de aveia. Ela desempenha um papel importante na proteção celular contra danos oxidativos e no combate ao estresse inflamatório. A ergotioneína se acumula em tecidos de alta atividade metabólica, como fígado, rins e cérebro, sugerindo que ela tem um papel na manutenção da saúde desses órgãos. Além disso, estudos indicam que ela pode ter efeitos protetores contra doenças neurodegenerativas e cardiovasculares. O corpo humano não produz ergotioneína, por isso sua obtenção depende da dieta.

## **Genes Analisados**

**SLC22A4,**

### **Relação Genética**

A genética influencia a absorção e o transporte da ergotioneína no corpo, principalmente através do gene SLC22A4, que codifica uma proteína transportadora chamada OCTN1. Esta proteína é responsável por transportar a ergotioneína para tecidos como o cérebro, fígado e rins, onde ela exerce suas funções antioxidantes. Variantes genéticas no SLC22A4 podem afetar a eficiência com que a ergotioneína é absorvida e distribuída no corpo. Compreender essas variações genéticas pode ajudar a personalizar dietas para otimizar os benefícios da ergotioneína na saúde e reduzir as chances de intolerância alimentar.

### **Como analisar os resultados?**

O gene SLC22A4 está relacionado ao transporte de compostos nitrogenados e à barreira intestinal. Alterações nesse gene podem gerar baixa tolerância a alimentos ricos em aminos e polissacarídeos, como cogumelos, feijões e soja, além de estarem associadas à doença inflamatória intestinal. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de intolerância alimentar ou inflamação intestinal. Nestes casos, recomenda-se observar a resposta do corpo a esses alimentos e buscar orientação caso haja sintomas persistentes.



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4838292/>

<https://www.cambridge.org/core/journals/british-journal-of-nutrition/article/mushroom-intolerance-a-novel-dietgene-interaction-in-crohns-disease/76D2E477BC170E6EEFC72B5D7A3EFE94/core-reader>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INTOLERÂNCIA À ERGOTIONEÍNA****Seus resultados****GENE: SLC22A4****SNP: rs1\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CT****CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Aumento do transporte de OCTN1, mais propenso a ser intolerante a alimentos ricos em ergotioneína (cogumelos). Risco aumentado de inflamação intestinal.

O gene SLC22A4 codifica uma proteína transportadora de cátions orgânicos, conhecida como OCTN1, que desempenha um papel crucial no transporte de substâncias orgânicas, como carnitina, através das membranas celulares. A carnitina é essencial para o metabolismo energético, pois facilita o transporte de ácidos graxos para dentro das mitocôndrias, onde eles são convertidos em energia. Além disso, o SLC22A4 está envolvido no transporte de medicamentos e outros compostos xenobióticos. Variantes nesse gene podem afetar a eficiência do transporte de carnitina e outras substâncias, influenciando o metabolismo energético e o risco de doenças inflamatórias, como a artrite reumatoide e a doença de Crohn.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

A curcumina foi demonstrada em um estudo ter o potencial de reduzir o transporte de OCTN1 nas células [PMC4210912]. A pesquisa mostra que, quando a curcumina é adicionada à variante supra-regulada da OCTN1 (por exemplo, alelo T acima), a curcumina reduz a atividade do OCTN1 aos níveis de uma célula normal. Os pesquisadores acreditam que este é um mecanismo pelo qual a curcumina é útil na doença inflamatória intestinal.

Estudo de referência: PMC4838292

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SÍNDROME DO INTESTINO IRRITÁVEL**

**Seus resultados**

## **054 - PAINEL VERSA | GASTROINTESTINAL - SÍNDROME DO INTESTINO IRRITÁVEL**

A síndrome do intestino irritável (SII) é um distúrbio gastrointestinal crônico que afeta o funcionamento do intestino, causando sintomas como dor abdominal, inchaço, gases, diarreia e/ou constipação. A SII é uma condição multifatorial, relacionada a disfunções na motilidade intestinal, alterações na microbiota, sensibilidade a certos alimentos e estresse. Embora não cause danos permanentes ao intestino, a SII pode impactar significativamente a qualidade de vida. O tratamento envolve ajustes na dieta, manejo do estresse e, em alguns casos, uso de medicamentos para aliviar os sintomas. O diagnóstico é feito com base nos sintomas e na exclusão de outras condições gastrointestinais.

## **Genes Analisados**

**SI, HTR3E, HTR3A, TRPM8, KLB,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel na predisposição à síndrome do intestino irritável (SII), influenciando fatores como a sensibilidade intestinal, a motilidade do trato gastrointestinal e a resposta ao estresse. Estudos indicam que variantes em genes relacionados à regulação de neurotransmissores, como a serotonina, que afeta a função intestinal, podem aumentar o risco de desenvolver SII. Além disso, genes que influenciam a resposta inflamatória e a função da barreira intestinal também estão associados à condição. Embora a genética não seja o único fator, entender essas predisposições pode ajudar no manejo personalizado da SII, ajustando dietas e tratamentos de acordo com o perfil genético do paciente.

### **Como analisar os resultados?**

Este painel avalia genes associados ao funcionamento intestinal, sensibilidade visceral e motilidade. HTR3A regula a serotonina intestinal, TRPM8 e KLB estão ligados à sensibilidade alimentar e à digestão, e SI à quebra de açúcares. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam predisposição ao desenvolvimento de sintomas do intestino irritável. Nesses casos, vale investigar gatilhos alimentares, considerar dieta com restrição de FODMAPs e manter um padrão alimentar regular.



[https://www.snpedia.com/index.php/Crohn%27s\\_disease](https://www.snpedia.com/index.php/Crohn%27s_disease)  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/18843111/>  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/18853133/>  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28506689/>  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17200669/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SÍNDROME DO INTESTINO IRRITÁVEL****Seus resultados**

**GENE: SI**  
**SNP: rs9\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CA**  
**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Redução da enzima SI. Baixa resposta à dieta FODMAPs. Risco aumentado de síndrome do intestino irritável - subtipo de diarreia ou mista (diarreia/constipação).

O gene SI codifica a enzima sacarase-isomaltase, que desempenha um papel crucial na digestão de carboidratos no intestino delgado. A enzima é responsável por quebrar açúcares complexos, como a sacarose (açúcar de mesa) e a isomaltose, em açúcares simples (glicose e frutose) que podem ser absorvidos pelo organismo. Deficiências ou variantes no gene SI podem levar a uma condição chamada deficiência de sacarase-isomaltase, que resulta em má digestão de açúcares e sintomas gastrointestinais, como diarreia, dor abdominal e inchaço, após o consumo de alimentos contendo sacarose ou amidos.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Embora existam várias causas de SII, se você tiver uma variante genética que reduz a sacarase-isomaltase e lida com problemas intestinais, sua melhor aposta é reduzir o consumo de sacarose e amido para ver se isso melhora seus sintomas!

Estudo de referência: PMC5563477

**GENE: TRPM8**  
**SNP: rs1\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de síndrome do intestino irritável - subtipo constipação.

O gene TRPM8 codifica um canal iônico responsável pela detecção de sensações de frio e mentol. O canal TRPM8 é ativado em resposta a baixas temperaturas e a compostos como o mentol, que produzem uma sensação de frescor. Ele é encontrado principalmente em neurônios sensoriais, onde desempenha um papel na transmissão de sinais de temperatura ao cérebro. Além de sua função na percepção do frio, o TRPM8 também pode estar envolvido na regulação da dor e da inflamação. Variantes no gene TRPM8 podem influenciar a sensibilidade individual ao frio e à sensação de frescor causada por substâncias como o mentol.

Estudo de referência: PMC5561393

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SÍNDROME DO INTESTINO IRRITÁVEL****Seus resultados****GENE: HTR3E****SNP: rs5\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GG****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Risco normal de síndrome do intestino irritável.

O gene HTR3E codifica uma subunidade do receptor 5-HT<sub>3</sub>, que é um receptor de serotonina, um neurotransmissor importante no cérebro. O receptor 5-HT<sub>3</sub> é do tipo ionotrópico, ou seja, é um canal iônico que, quando ativado pela serotonina, permite a passagem de íons como sódio e cálcio para dentro das células. Esse processo gera uma resposta rápida e permite a comunicação entre os neurônios. Alterações no gene HTR3E podem influenciar a atividade dos receptores de serotonina e estão associadas a condições como transtornos de ansiedade e distúrbios gastrointestinais. O HTR3E, portanto, é relevante para a saúde mental e o equilíbrio neuroquímico, influenciando a função de serotonina e o bem-estar emocional.

Estudo de referência: PMID: 18614545

**GENE: HTR3A****SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Risco normal de síndrome do intestino irritável - subtipo diarreia. Função normal do receptor de serotonina.

O gene HTR3A codifica uma subunidade do receptor de serotonina 3 (5-HT<sub>3</sub>), um receptor de neurotransmissor que desempenha um papel importante na mediação da sinalização neuronal no sistema nervoso central e periférico. Quando ativado pela serotonina, o receptor 5-HT<sub>3</sub> permite o fluxo de íons, particularmente de sódio e cálcio, nas células nervosas, modulando respostas relacionadas ao humor, à ansiedade, ao reflexo do vômito e à motilidade gastrointestinal. O HTR3A é particularmente relevante para o controle de náuseas e vômitos, sendo alvo de medicamentos antieméticos. Variantes no gene HTR3A podem influenciar a sensibilidade à serotonina e estar associadas a condições como ansiedade, depressão e síndrome do intestino irritável.

Estudo de referência: PMID 24257177

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: RISCO DE DOENÇA INFLAMATÓRIA INTESTINAL**

**Seus resultados**

## **054.1 - PAINEL VERSA | GASTROINTESTINAL - RISCO DE DOENÇA INFLAMATÓRIA INTESTINAL**

A Doença Inflamatória Intestinal (DII) é um grupo de condições crônicas que causam inflamação persistente no trato gastrointestinal, sendo as mais comuns a Doença de Crohn e a Retocolite Ulcerativa. Esses distúrbios podem provocar sintomas como dor abdominal, diarreia, fadiga, perda de peso e, em casos graves, complicações como obstrução intestinal ou sangramentos. A DII resulta de uma interação complexa entre fatores genéticos, imunológicos e ambientais, levando o sistema imunológico a atacar erroneamente o intestino. O tratamento envolve medicamentos anti-inflamatórios, imunossupressores e, em alguns casos, cirurgia, visando controlar os sintomas e reduzir a inflamação intestinal.

## **Genes Analisados**

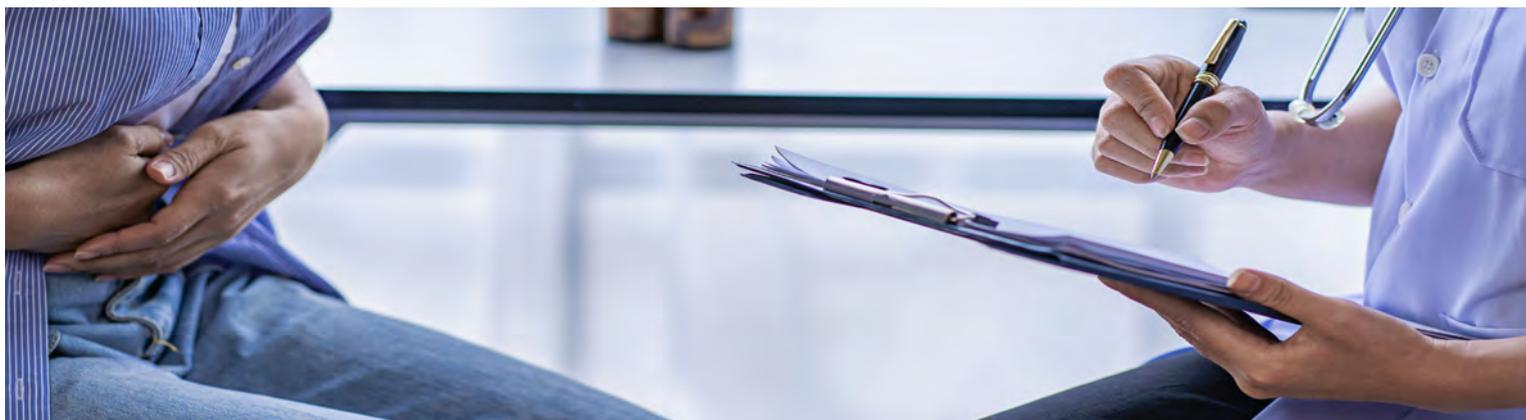
**ATG16L1, NOD2,**

### **Relação Genética**

A genética tem um papel significativo no desenvolvimento da Doença Inflamatória Intestinal (DII), incluindo condições como a Doença de Crohn e a Retocolite Ulcerativa. Variantes em genes como o NOD2, envolvido na resposta imunológica do intestino, estão associadas a um maior risco de desenvolver DII. Essas mutações podem levar a uma resposta imunológica desregulada, causando inflamação crônica no trato gastrointestinal. Além disso, genes relacionados à barreira intestinal e ao controle de bactérias intestinais também influenciam a suscetibilidade à DII. Embora fatores ambientais e imunológicos sejam importantes, o entendimento das predisposições genéticas pode ajudar a personalizar o tratamento e a gestão da doença.

### **Como analisar os resultados?**

Esses genes estão associados à regulação da resposta imunológica e barreira intestinal. Alterações em NOD2 e ATG16L1 podem comprometer o reconhecimento de bactérias intestinais, favorecendo inflamação crônica, como na doença de Crohn e colite ulcerativa. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior predisposição genética a doenças inflamatórias intestinais. Nestes casos, recomenda-se atenção a sintomas gastrointestinais persistentes e adoção de uma dieta anti-inflamatória rica em fibras e baixa em industrializados.



[https://www.snpedia.com/index.php/Crohn%27s\\_disease](https://www.snpedia.com/index.php/Crohn%27s_disease)  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/18843111/>  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/18853133/>  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28506689/>  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17200669/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE DOENÇA INFLAMATÓRIA INTESTINAL****Seus resultados****GENE: NOD2****RISCO:** Risco normal de doença de Crohn.**SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GG****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene NOD2 codifica uma proteína envolvida na resposta imune inata, que detecta a presença de componentes bacterianos, como os peptidoglicanos, dentro das células. Ao reconhecer esses sinais, a proteína NOD2 ativa vias inflamatórias, promovendo a produção de citocinas e ajudando a combater infecções. O NOD2 é especialmente importante na defesa do trato gastrointestinal. Variantes nesse gene estão associadas a um risco aumentado de desenvolver doenças inflamatórias intestinais, como a doença de Crohn, devido à disfunção na resposta imune intestinal, que pode levar à inflamação crônica.

Estudo de referência: PMID 11385576

**GENE: NOD2****RISCO:** Risco normal de doença inflamatória intestinal.**SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene NOD2 codifica uma proteína envolvida na resposta imune inata, que detecta a presença de componentes bacterianos, como os peptidoglicanos, dentro das células. Ao reconhecer esses sinais, a proteína NOD2 ativa vias inflamatórias, promovendo a produção de citocinas e ajudando a combater infecções. O NOD2 é especialmente importante na defesa do trato gastrointestinal. Variantes nesse gene estão associadas a um risco aumentado de desenvolver doenças inflamatórias intestinais, como a doença de Crohn, devido à disfunção na resposta imune intestinal, que pode levar à inflamação crônica.

Estudo de referência: PMID 23085276

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE DOENÇA INFLAMATÓRIA INTESTINAL****Seus resultados****GENE: ATG16L1****SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: AG****CLASSIFICAÇÃO: Regular****RISCO:** Autofagia reduzida. Aumento do risco de Doença de Crohn em caucasianos.

O gene ATG16L1 codifica uma proteína essencial para o processo de autofagia, que é a degradação e reciclagem de componentes celulares danificados ou desnecessários. A proteína ATG16L1 forma um complexo que facilita a formação de autofagossomos, estruturas que encapsulam e transportam materiais para serem degradados dentro da célula. Esse processo é fundamental para a manutenção da homeostase celular e a defesa contra infecções. Variantes no gene ATG16L1 estão associadas a um risco aumentado de desenvolver a doença de Crohn, uma condição inflamatória intestinal, pois afetam a capacidade de eliminar bactérias e outros agentes no intestino através da autofagia.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

A Doença de Crohn é uma doença inflamatória séria do trato gastrointestinal. Esteja atento a sintomas como dores abdominais, diarreia, perda de peso, anemia e fadiga. Na Doença de Crohn, algumas pessoas podem não apresentar sintomas na maior parte da vida, enquanto outras podem ter sintomas crônicos graves que nunca desaparecem.

Estudo de referência: PMID: 31892796

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: PERFIL ESPORTIVO E TIPO DE FIBRA MUSCULAR**

**Seus resultados**

## **055 - PAINEL VERSA | ESPORTE - TIPO DE FIBRA MUSCULAR**

Os músculos esqueléticos são compostos por dois principais tipos de fibras musculares: fibras de contração lenta (Tipo I) e fibras de contração rápida (Tipo II). As fibras de contração lenta, ou fibras oxidativas, são resistentes à fadiga e ideais para atividades de longa duração, como corrida de resistência, pois utilizam oxigênio para gerar energia. Já as fibras de contração rápida, divididas em Tipo IIa e Tipo IIb, são mais explosivas e produzem força rapidamente, sendo usadas em atividades de curta duração e alta intensidade, como sprints e levantamento de peso. Cada pessoa tem uma proporção única de fibras musculares, influenciada tanto pela genética quanto pelo tipo de treinamento.

## **Genes Analisados**

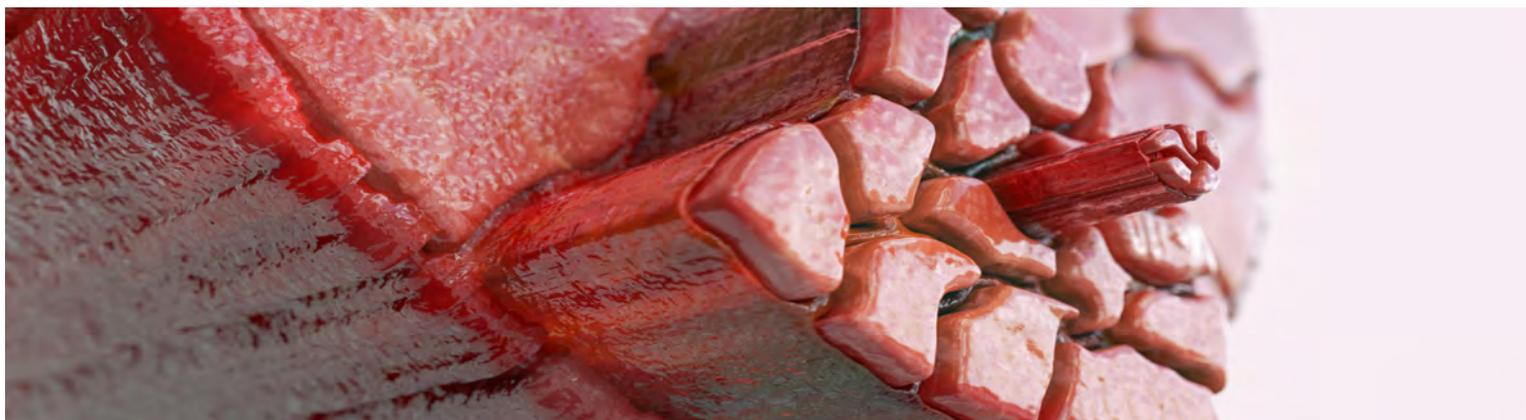
**AGT, ACTN3, AGTR2,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel importante na determinação da proporção de fibras musculares de contração lenta (Tipo I) e rápida (Tipo II) em cada indivíduo. Genes como o ACTN3, por exemplo, influenciam o desempenho muscular e estão associados a uma maior presença de fibras rápidas, favorecendo atividades de força e explosão, como sprints e levantamento de peso. Pessoas com variantes desse gene podem ter uma predisposição natural para esportes de potência. Já aqueles com maior quantidade de fibras lentas tendem a se destacar em atividades de resistência, como corridas de longa distância. Embora o treinamento possa modificar a performance, a composição das fibras musculares é, em grande parte, geneticamente determinada.

### **Como analisar os resultados?**

Este painel esportivo analisa genes que influenciam o tipo de fibra muscular predominante e o potencial atlético. ACTN3 está ligado à força e explosão muscular, enquanto AGT e AGTR2 influenciam a resistência e desempenho aeróbico. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam menor predisposição para certos tipos de esforço físico. Com essas informações, é possível direcionar o treino de forma mais eficiente, equilibrando estímulos de força e resistência conforme o perfil genético individual.



<https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fphys.2017.01080/full>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5741991/>  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23358679/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: PERFIL ESPORTIVO E TIPO DE FIBRA MUSCULAR****Seus resultados****GENE: ACTN3****SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TT****CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** ACTN3 não funcional (XX). Mais fibra de contração lenta. Músculos com boa capacidade de resistência para exercícios de longa duração. Provável melhor performance como atleta de endurance.

O gene ACTN3 codifica a proteína alfa-actinina-3, que é encontrada principalmente nas fibras musculares de contração rápida, responsáveis por atividades de força e velocidade, como sprints e levantamento de peso. A alfa-actinina-3 desempenha um papel fundamental na estabilização da estrutura do músculo durante a contração. Uma variante comum no gene ACTN3, conhecida como R577X, resulta na ausência dessa proteína, o que pode influenciar o desempenho esportivo. Indivíduos com a variante R577X tendem a ter menos fibras de contração rápida e podem apresentar maior resistência muscular, mas menos explosividade, enquanto aqueles com a forma funcional do gene tendem a ter melhor desempenho em esportes de potência.

Estudo de referência: PMID 12879365, PMID 12879365 [Genótipo com baixa freq. em africanos]

**GENE: AGTR2****SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Mais fibras de contração lenta, associado a atletas de resistência.

O gene AGTR2 codifica o receptor de angiotensina II tipo 2 (AT2), que desempenha um papel importante na regulação da pressão arterial e no desenvolvimento do sistema cardiovascular. Ao contrário do receptor AT1, que causa vasoconstrição e aumento da pressão arterial, o receptor AT2 tem efeitos opostos, promovendo a vasodilatação, proteção contra danos celulares e regeneração tecidual. Ele também está envolvido em processos como o crescimento celular, a morte celular programada (apoptose) e a modulação da resposta inflamatória. Variantes no gene AGTR2 podem influenciar o equilíbrio entre os efeitos da angiotensina II no corpo, afetando o risco de hipertensão e doenças cardiovasculares.

Estudo de referência: PMID 29561708

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: PERFIL ESPORTIVO E TIPO DE FIBRA MUSCULAR****Seus resultados****GENE: AGT****SNP: rs6\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: AG****CLASSIFICAÇÃO: Regular****RISCO:** Aumento da angiotensina. Risco ligeiramente aumentado de hipertensão. Menor aptidão cardiovascular. Mais provável ser atleta de potência do que atleta de resistência.

O gene AGT codifica a proteína angiotensinogênio, um precursor da angiotensina, que desempenha um papel central na regulação da pressão arterial e do equilíbrio de líquidos no corpo. O angiotensinogênio é convertido em angiotensina I pela renina e, posteriormente, em angiotensina II por meio da enzima conversora de angiotensina (ECA). A angiotensina II é um potente vasoconstritor, aumentando a pressão arterial e estimulando a liberação de aldosterona, que regula o equilíbrio de sódio e água. Variantes no gene AGT podem influenciar a produção de angiotensinogênio e estão associadas ao risco de hipertensão e doenças cardiovasculares.

Estudo de referência: PMID 20029521

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: PRODUÇÃO DE ENERGIA MUSCULAR

## Seus resultados

### **056 - PAINEL VERSA | ESPORTE - TOLERÂNCIA AO EXERCÍCIO – AMPD1**

A deficiência de AMPD1 (adenosina monofosfato desaminase 1) é uma condição genética que afeta o metabolismo muscular, prejudicando a capacidade de gerar energia durante o exercício. Essa deficiência pode causar sintomas como fadiga muscular extrema, fraqueza, câimbras e intolerância ao exercício físico, especialmente durante atividades de alta intensidade. Em alguns casos, as pessoas podem não apresentar sintomas evidentes, mas, em outros, a deficiência de AMPD1 pode impactar significativamente a qualidade de vida e o desempenho físico. O diagnóstico é feito por meio de testes genéticos e musculares, e a gestão dos sintomas inclui adaptação do nível de atividade física e cuidados nutricionais.

## **Genes Analisados**

**AMPD1,**

### **Relação Genética**

A deficiência de AMPD1 é uma condição genética causada por mutações no gene AMPD1, que codifica a enzima adenosina monofosfato desaminase, essencial para o metabolismo energético muscular. Quando essa enzima é defeituosa ou ausente, o corpo tem dificuldade em reciclar o ATP, a principal fonte de energia nas células musculares, durante o exercício intenso. Pessoas com essa mutação podem apresentar sintomas como fadiga muscular, fraqueza e intolerância ao exercício. No entanto, algumas podem ser assintomáticas. O diagnóstico da deficiência de AMPD1 é confirmado por testes genéticos, e o manejo dos sintomas envolve ajustes na atividade física e, em alguns casos, intervenções nutricionais.

### **Como analisar os resultados?**

O gene AMPD1 está envolvido na produção de energia muscular durante o exercício. Alterações nesse gene podem causar deficiência da enzima AMPD1, reduzindo a tolerância ao esforço intenso e provocando fadiga precoce. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam risco de baixa produção de energia muscular. Nestes casos, recomenda-se o uso de suplementação com D-ribose e creatina, que ajudam a compensar a deficiência e melhoram a performance física e recuperação muscular.



<https://rarediseases.info.nih.gov/diseases/547/adenosine-monophosphate-deaminase-1-deficiency>  
<https://medlineplus.gov/genetics/condition/adenosine-monophosphate-deaminase-deficiency/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: PRODUÇÃO DE ENERGIA MUSCULAR****Seus resultados****GENE: AMPD1****SNP: rs1\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GG****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Função genética de AMPD1 normal. Maior tolerância a exercícios físicos. Melhor recuperação muscular. Risco normal de dores musculares após o exercício.

O gene AMPD1 codifica a enzima adenosina monofosfato desaminase 1, que desempenha um papel crucial no metabolismo energético dos músculos. A AMPD1 atua na via de degradação do ATP (a principal molécula de energia celular), convertendo adenosina monofosfato (AMP) em inosin monofosfato (IMP), ajudando a manter os níveis de energia durante atividades intensas, como exercícios físicos. Deficiências ou variantes no gene AMPD1 podem comprometer a função da enzima, levando à fadiga muscular precoce, câimbras e, em casos mais graves, intolerância ao exercício. A deficiência de AMPD1 é uma condição genética que pode afetar o desempenho físico e a recuperação muscular.

Estudo de referência: PMID 11331279, 16505069 [Caucasianos]

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: RESISTÊNCIA AO EXERCÍCIO AERÓBICO**

**Seus resultados**

## **057 - PAINEL VERSA | ESPORTE - RESISTÊNCIA E RESPOSTA AO EXERCÍCIO AERÓBICO**

A resistência ao exercício aeróbico é a capacidade do corpo de sustentar atividades físicas de longa duração, como corrida, natação ou ciclismo, com eficiência. Ela depende da capacidade cardiovascular e pulmonar de fornecer oxigênio aos músculos, que utilizam esse oxigênio para produzir energia de maneira sustentável. Fatores como genética, condicionamento físico e eficiência no uso de oxigênio (VO<sub>2</sub> máx) influenciam a resistência aeróbica. Um bom nível de resistência permite maior desempenho, redução da fadiga e recuperação mais rápida, sendo fundamental para esportes de resistência e para a saúde geral. O treinamento regular pode melhorar a capacidade aeróbica ao longo do tempo.

## **Genes Analisados**

**PPAR-Delta, VEGFA, ADRB2,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel significativo na resistência ao exercício aeróbico, influenciando fatores como a capacidade cardiovascular, a eficiência no uso de oxigênio (VO<sub>2</sub> máx) e a composição das fibras musculares. Variantes em genes como o ACE e o PPARGC1A estão associadas a melhor desempenho aeróbico, pois afetam a eficiência do sistema cardiovascular e a capacidade das células musculares de usar oxigênio para produzir energia. Indivíduos com certas predisposições genéticas podem ter uma vantagem natural em atividades de resistência, como corrida e ciclismo. No entanto, o treinamento contínuo pode melhorar a resistência aeróbica, independentemente das predisposições genéticas.

### **Como analisar os resultados?**

Esses genes influenciam a capacidade aeróbica, oxigenação muscular e eficiência cardiovascular. VEGFA atua na formação de vasos sanguíneos, PPAR-Delta regula o uso de gordura como energia e ADRB2 participa da resposta ao exercício. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam menor predisposição a bons níveis de VO<sub>2</sub> máximo e resistência. Nestes casos, é importante incluir treinos intervalados de alta intensidade (HIIT) e monitorar a evolução com testes de esforço periódicos.



<https://www.health.harvard.edu/exercise-and-fitness/interval-training-for-a-stronger-heart>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RESISTÊNCIA AO EXERCÍCIO AERÓBICO****Seus resultados**

**GENE:** PPAR-Delta  
**SNP:** rs2\*\*\*\*\*  
**SEUS ALELOS:** AA  
**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

**RISCO:** Resposta normal ao exercício aeróbico para a perda de peso corporal.

O gene PPAR-Delta (também chamado de PPARD) codifica o receptor ativado por proliferadores de peroxissoma delta, um fator de transcrição que regula genes envolvidos no metabolismo de gorduras, na oxidação de ácidos graxos e no controle do gasto energético. Ele desempenha um papel fundamental na melhora da sensibilidade à insulina, na redução do armazenamento de gordura e no aumento da capacidade do corpo de queimar gordura como fonte de energia. Variantes no gene PPAR-Delta podem influenciar a eficiência do metabolismo lipídico e a resistência à obesidade, bem como o desempenho atlético e a resistência física.

Estudo de referência: PMID 17327385

**GENE:** ADRB2  
**SNP:** rs1\*\*\*\*\*  
**SEUS ALELOS:** AA  
**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

**RISCO:** Capacidade de resistência aumentada.

O gene ADRB2 codifica o receptor beta-2 adrenérgico, que desempenha um papel crucial na resposta do corpo ao estresse e à atividade física, mediando os efeitos de hormônios como adrenalina e noradrenalina. Quando ativado, o receptor ADRB2 promove a dilatação dos brônquios, aumento da frequência cardíaca e relaxamento dos músculos lisos, além de estimular a quebra de gordura (lipólise) para gerar energia. Esse receptor é importante na regulação da função respiratória, cardiovascular e metabólica. Variantes no gene ADRB2 podem influenciar a resposta ao exercício, a sensibilidade a medicamentos como broncodilatadores e o risco de desenvolver condições como asma e hipertensão.

Estudo de referência: Esporte: PMID 19553224. Asma: PMID 19800676

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RESISTÊNCIA AO EXERCÍCIO AERÓBICO****Seus resultados****GENE: VEGFA****SNP: rs2\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CG****CLASSIFICAÇÃO: Regular****RISCO:** Genótipo associado ao leve aumento da capacidade de resistência ao treinamento aeróbico. Expressão levemente aumentada de VEGFA, VO2 máximo levemente aumentado.

O gene VEGFA codifica o fator de crescimento endotelial vascular A (VEGF-A), uma proteína fundamental para a formação de novos vasos sanguíneos (angiogênese). O VEGF-A promove o crescimento e a permeabilidade dos vasos sanguíneos, especialmente em resposta a condições de baixa oxigenação (hipóxia), como durante o desenvolvimento embrionário, cicatrização de feridas e em tumores. Ele também desempenha um papel importante na manutenção da função vascular e na regeneração de tecidos. Variantes no gene VEGFA podem influenciar a resposta do corpo à formação de vasos, afetando a susceptibilidade a doenças cardiovasculares, câncer, e condições relacionadas à angiogênese anormal, como a degeneração macular.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Durante o exercício, a redução dos níveis de oxigênio ativa a via de sinalização do HIF-1a, que estimula a expressão de VEGFA e promove a formação de novos capilares musculares, aumentando o fluxo sanguíneo e oxigenação. O aumento da capilarização é um dos mecanismos que leva à melhora na resistência muscular em atletas de endurance. Você pode obter maiores benefícios usando treinamento de resistência e pliometria. Estudos demonstraram que o aumento da intensidade do exercício melhora a resposta de VO2 máx em pessoas com baixa resposta a essa variação genética.

**Estudo de referência: PMID 18924431**

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: APTIDÃO CARDIORRESPIRATÓRIA**

**Seus resultados**

## **058 - PAINEL VERSA | ESPORTE - APTIDÃO CARDIORRESPIRATÓRIA**

A aptidão cardiorrespiratória é a capacidade do coração, pulmões e sistema circulatório de fornecer oxigênio de forma eficiente aos músculos durante atividades físicas prolongadas. Ela é um indicador importante da saúde cardiovascular e do condicionamento físico geral. Quanto melhor a aptidão cardiorrespiratória, maior a capacidade de realizar exercícios de intensidade moderada a alta sem fadiga precoce. Melhorar essa aptidão, por meio de exercícios aeróbicos como corrida, natação ou ciclismo, promove benefícios à saúde, como redução do risco de doenças cardíacas, melhora na circulação e aumento da resistência física. O VO2 máximo é frequentemente usado para medir essa capacidade.

## **Genes Analisados**

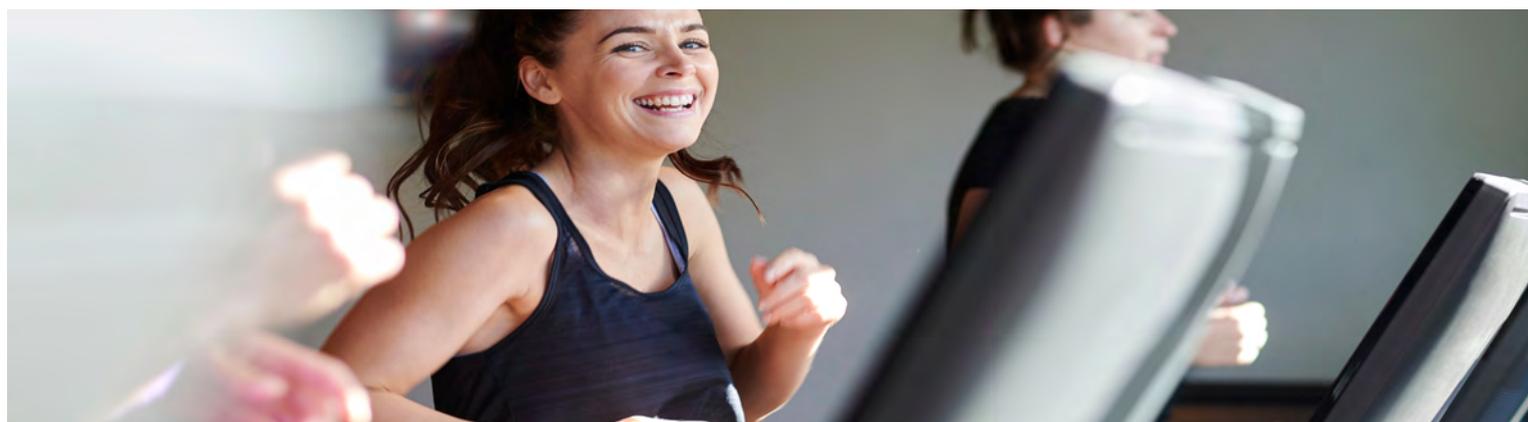
**PPARGC1A,**

### **Relação Genética**

A genética influencia significativamente a aptidão cardiorrespiratória, determinando em parte a capacidade do corpo de usar oxigênio de forma eficiente durante o exercício. Variantes em genes como o ACE e o PPARGC1A afetam fatores como a função cardíaca, a vasodilatação e o uso de oxigênio pelas células musculares. Esses genes podem impactar o VO2 máximo, que mede a capacidade cardiorrespiratória, e o desempenho em atividades aeróbicas. Pessoas com certas predisposições genéticas podem ter uma vantagem natural em esportes de resistência, mas o treinamento regular também pode melhorar a aptidão cardiorrespiratória, independentemente da genética.

### **Como analisar os resultados?**

O gene PPARGC1A regula a biogênese mitocondrial e o metabolismo energético. Alterações nesse gene podem afetar a capacidade cardiorrespiratória e a resposta ao treino aeróbico. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam menor eficiência na adaptação ao exercício. Nestes casos, recomenda-se foco em treinos de resistência progressiva, com monitoramento da frequência cardíaca e estímulos constantes para melhora gradual da função cardiovascular.



<https://www.abbottbrasil.com.br/corpnewsroom/healthy-heart/aptidao-cardiovascular--o-que-significa-para-sua-saude-do-coraca.html>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: APTIDÃO CARDIORRESPIRATÓRIA****Seus resultados****GENE: PPARGC1A****RISCO:** Aumento da aptidão cardiorrespiratória.**SNP: rs8\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene PPARGC1A codifica o coativador-1 alfa do receptor ativado por proliferadores de peroxissoma gama (PGC-1a), uma proteína que desempenha um papel central na regulação do metabolismo energético e da biogênese mitocondrial. O PGC-1a atua como um coativador de fatores de transcrição que controlam genes envolvidos na produção de energia, especialmente na oxidação de ácidos graxos e no metabolismo da glicose. Ele é essencial para a adaptação muscular ao exercício físico, promovendo o aumento da capacidade aeróbica e da resistência. Variantes no gene PPARGC1A podem influenciar o desempenho físico, o metabolismo lipídico e a susceptibilidade a doenças metabólicas, como obesidade e diabetes tipo 2.

Estudo de referência: PMID: 36466447, 19183932

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: DOR MUSCULAR TARDIA**

**Seus resultados**

## **059 - PAINEL VERSA | ESPORTE - DOR MUSCULAR TARDIA**

A dor muscular tardia pós-exercício (DOMS) é a sensação de desconforto e rigidez nos músculos que ocorre geralmente 24 a 72 horas após a prática de exercícios intensos ou novos. Ela resulta de pequenas lesões nas fibras musculares causadas pelo esforço físico, especialmente durante exercícios excêntricos (quando o músculo alonga sob tensão). Essa resposta inflamatória é parte do processo natural de reparo e fortalecimento muscular. Embora a dor seja temporária, ela pode ser aliviada com alongamento, massagem, hidratação e repouso. DOMS é um sinal de adaptação muscular, indicando que o corpo está se ajustando ao aumento de esforço.

## **Genes Analisados**

**SLC30A8,**

### **Relação Genética**

A genética influencia o transporte de zinco no corpo, o que pode afetar a recuperação muscular e a resposta inflamatória associada à dor muscular tardia pós-exercício (DOMS). O gene SLC30A8, que codifica uma proteína responsável pelo transporte de zinco para dentro das células, desempenha um papel crucial no metabolismo desse mineral, essencial para o reparo celular e a função antioxidante. Variantes genéticas que afetam a eficiência desse transporte podem influenciar a capacidade do corpo de reduzir o estresse oxidativo e a inflamação após o exercício, o que pode aumentar a intensidade ou a duração da DOMS. A ingestão adequada de zinco, combinada com a compreensão dessas predisposições genéticas, pode ajudar a otimizar a recuperação muscular.

### **Como analisar os resultados?**

SLC30A8 está relacionado ao metabolismo do zinco, importante para controle da inflamação e recuperação muscular. Alterações nesse gene podem aumentar a sensibilidade à dor muscular após o exercício (DOMS). Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior propensão à dor após treinos intensos. Nestes casos, priorize estratégias de recuperação como sono adequado, alimentação rica em antioxidantes e suplementação de zinco, se necessário.



<https://www.sportlux.com.br/>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24101675/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: DOR MUSCULAR TARDIA

Seus resultados

**GENE: SLC30A8**

**SNP: rs1\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Transporte de zinco prejudicado. Alta suscetibilidade à dor muscular tardia. Tempo de recuperação muscular aumentado.

O gene SLC30A8 codifica a proteína transportadora de zinco ZnT8, que desempenha um papel crucial no transporte de íons de zinco para dentro das vesículas secretoras das células beta do pâncreas. O zinco é essencial para a cristalização e armazenamento de insulina nessas células, permitindo sua liberação adequada em resposta aos níveis de glicose no sangue. Variantes no gene SLC30A8 podem afetar a função do transportador ZnT8, comprometendo o armazenamento e a secreção de insulina, o que está associado a um aumento do risco de desenvolver diabetes tipo 2. Assim, o gene SLC30A8 desempenha um papel importante na regulação da glicose e no metabolismo energético.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

A dose dietética recomendada para zinco é de 11 mg/dia para homens e 8 mg/dia para mulheres. Essa dose diária geralmente é o mínimo necessário para uma pessoa média evitar os sintomas de deficiência. Devido à variante genética apontada, pode ser útil aumentar a ingestão de zinco para melhor recuperação muscular.

Estudo de referência: PMID: 24757200

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: RECUPERAÇÃO E FADIGA MUSCULAR**

**Seus resultados**

## **060 - PAINEL VERSA | ESPORTE - RECUPERAÇÃO E FADIGA MUSCULAR**

A recuperação muscular é o processo pelo qual os músculos reparam e fortalecem após o esforço físico, essencial para melhorar o desempenho e prevenir lesões. Durante o exercício, as fibras musculares sofrem microlesões, e o corpo precisa de tempo, nutrientes e descanso para reconstruí-las. A fadiga muscular ocorre quando os músculos perdem temporariamente sua capacidade de gerar força devido ao esforço prolongado ou intenso, resultando em cansaço e fraqueza. A recuperação adequada, que inclui descanso, hidratação, nutrição balanceada e técnicas como alongamento e massagem, é crucial para reduzir a fadiga muscular, restaurar a energia e promover o crescimento muscular.

## **Genes Analisados**

**MCT1, CKM,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel importante na recuperação e na predisposição à fadiga muscular, influenciando fatores como a eficiência do reparo celular, a capacidade antioxidante e a remoção de subprodutos do exercício, como o ácido lático. Variantes genéticas podem impactar a rapidez com que os músculos se recuperam após o esforço e a suscetibilidade à fadiga. Indivíduos com certas variantes genéticas podem se recuperar mais lentamente ou sentir mais fadiga após exercícios intensos, enquanto outros podem ter uma recuperação mais rápida. Conhecer essas predisposições permite ajustar treinos e estratégias de recuperação de forma personalizada.

### **Como analisar os resultados?**

Os genes MCT1 e CKM influenciam o transporte de lactato e o metabolismo muscular durante e após o exercício. Alterações podem afetar a velocidade de recuperação e aumentar o risco de fadiga. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam menor eficiência na recuperação. Nestes casos, é indicado espaçar os treinos intensos, hidratar-se bem, manter uma dieta com proteínas de boa qualidade e considerar estratégias como crioterapia ou massagem esportiva.



<https://journals.humankinetics.com/doi/abs/10.1123/ijssp.2013-0026>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25993883/>

[https://www.researchgate.net/profile/Wael-Ramadan-2/publication/323548660\\_mct1-polymorphism-among-egyptian-children-and-adolescents-as-a-useful-predictor-for-physical-fitness-and-muscle-fatigue\\_1/links/5a9c867d45851586a2ae3191/mct1-polymorphism-among-egyptian-children-and-adolescents-as-a-useful-predictor-for-physical-fitness-and-muscle-fatigue-1.pdf](https://www.researchgate.net/profile/Wael-Ramadan-2/publication/323548660_mct1-polymorphism-among-egyptian-children-and-adolescents-as-a-useful-predictor-for-physical-fitness-and-muscle-fatigue_1/links/5a9c867d45851586a2ae3191/mct1-polymorphism-among-egyptian-children-and-adolescents-as-a-useful-predictor-for-physical-fitness-and-muscle-fatigue-1.pdf)

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RECUPERAÇÃO E FADIGA MUSCULAR****Seus resultados****GENE: CKM****RISCO:** Níveis normais de creatina quinase.**SNP: rs1\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TT****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene CKM codifica a enzima creatina quinase M (CKM), que desempenha um papel crucial no metabolismo energético dos músculos esqueléticos. A CKM é responsável pela regeneração de ATP, a principal fonte de energia celular, ao catalisar a transferência de um grupo fosfato da fosfocreatina para o ADP, formando ATP. Isso é particularmente importante durante atividades físicas intensas e de curta duração, quando há uma demanda rápida por energia. Variantes no gene CKM podem influenciar a eficiência da produção de energia muscular, impactando o desempenho atlético e a recuperação muscular após o exercício.

Estudo de referência: PMID 25214527

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: PRODUÇÃO DE MIOSTATINA

## Seus resultados

### 061 - PAINEL VERSA | ESPORTE - PRODUÇÃO DE MIOSTATINA

A miostatina é uma proteína que regula o crescimento muscular, inibindo o desenvolvimento excessivo de massa muscular. Ela age como um freio natural, limitando a proliferação e o tamanho das fibras musculares. Pessoas com mutações no gene MSTN, que codifica a miostatina, tendem a ter maior massa muscular e menos gordura corporal devido à redução da ação inibidora dessa proteína. A miostatina tem sido alvo de estudos para potenciais tratamentos de doenças musculares, já que inibir sua ação pode promover o crescimento muscular em condições de perda de massa, como distrofias musculares ou sarcopenia associada ao envelhecimento.

## Genes Analisados

**MSTN,**

### Relação Genética

A genética desempenha um papel central na regulação da miostatina, uma proteína codificada pelo gene MSTN, que limita o crescimento muscular. Mutações ou variações nesse gene podem reduzir a produção ou a função da miostatina, resultando em maior desenvolvimento muscular e menor acúmulo de gordura corporal. Indivíduos com essas mutações podem ter uma predisposição genética para maior força e hipertrofia muscular, sendo isso observado em alguns atletas ou em condições genéticas raras. A pesquisa sobre miostatina também explora possíveis terapias para aumentar a massa muscular em doenças que causam perda de músculo, como distrofias musculares e sarcopenia.

### Como analisar os resultados?

O gene MSTN regula a produção de miostatina, uma proteína que limita o crescimento muscular. Alterações nesse gene podem reduzir os níveis de miostatina, favorecendo o aumento de massa muscular, mas também gerando desequilíbrio entre músculos e tecidos de sustentação. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam risco de crescimento desproporcional e maior chance de lesões. Nestes casos, o treino deve incluir atenção ao fortalecimento de tendões e ligamentos, com foco na mobilidade e equilíbrio muscular.



<https://www.efdeportes.com/efd181/miostatina-uma-poderosa-proteina.htm>

<https://www.pnas.org/content/104/6/1835>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33284091/>

<https://medlineplus.gov/genetics/condition/myostatin-related-muscle-hypertrophy/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: PRODUÇÃO DE MIOSTATINA****Seus resultados****GENE: MSTN****SNP: rs1\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TC****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Produção reduzida de miostatina. Maior facilidade para hipertrofia muscular.

O gene MSTN codifica a miostatina, uma proteína que atua como reguladora negativa do crescimento muscular. A miostatina inibe a proliferação e o desenvolvimento de células musculares, ajudando a controlar o tamanho dos músculos. Quando a função do gene MSTN é reduzida ou inibida, o crescimento muscular pode ser excessivo, resultando em aumento de massa muscular. Variantes no gene MSTN que afetam sua função estão associadas a um aumento significativo na força e no tamanho muscular, sendo de interesse tanto para o desempenho esportivo quanto para o tratamento de doenças que causam perda muscular.

Estudo de referência: PMID 19346981 [Alelo C 11-31% dos afro-americanos e em <5% dos caucasianos]

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: PRODUÇÃO DE ÓXIDO NÍTRICO E VASODILATAÇÃO**

**Seus resultados**

## **062 - PAINEL VERSA | ESPORTE - PRODUÇÃO DE ÓXIDO NÍTRICO**

O óxido nítrico (NO) desempenha um papel importante no esporte ao melhorar a circulação sanguínea e aumentar o fluxo de oxigênio e nutrientes para os músculos durante o exercício. Produzido naturalmente pelo corpo, o óxido nítrico ajuda a dilatar os vasos sanguíneos, promovendo uma melhor entrega de oxigênio, o que pode melhorar o desempenho, a resistência e a recuperação muscular. Suplementos que aumentam a produção de NO, como a L-arginina e a beterraba, são populares entre atletas por seus benefícios no aumento da performance e na redução da fadiga. Além disso, o óxido nítrico contribui para a saúde cardiovascular, essencial para a prática esportiva eficiente.

## **Genes Analisados**

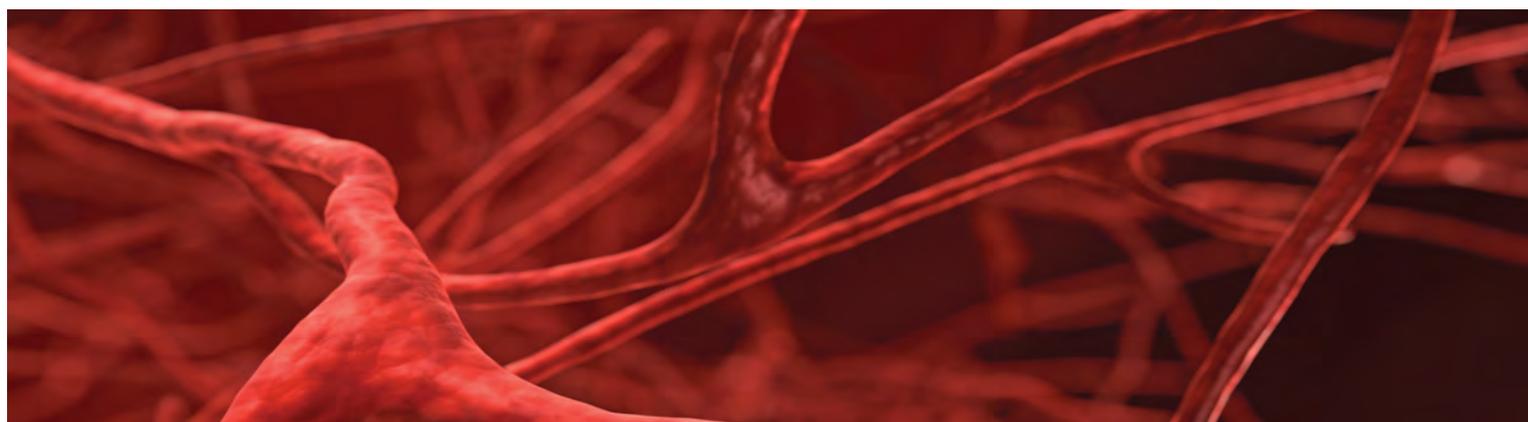
**NOS3,**

### **Relação Genética**

A genética influencia a produção e a regulação de óxido nítrico (NO) no corpo, afetando o desempenho esportivo. O gene eNOS (óxido nítrico sintase endotelial) está diretamente envolvido na produção de NO, que ajuda a dilatar os vasos sanguíneos, melhorando o fluxo de oxigênio e nutrientes para os músculos durante o exercício. Variantes genéticas no eNOS podem influenciar a eficiência dessa produção, impactando a resistência, a recuperação e a performance atlética. Indivíduos com variantes que favorecem uma maior produção de NO podem ter uma vantagem em esportes de resistência, enquanto outros podem se beneficiar de estratégias nutricionais para otimizar a produção de NO.

### **Como analisar os resultados?**

NOS3 codifica uma enzima que participa da produção de óxido nítrico, importante para a vasodilatação e oxigenação muscular. Alterações nesse gene podem comprometer o fluxo sanguíneo durante o exercício. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam menor produção de óxido nítrico. Nestes casos, pode-se considerar o uso de vasodilatadores naturais, como suco de beterraba ou suplementação com L-arginina, para melhorar a performance e a recuperação.



<https://www.efdeportes.com/efd113/oxido-nitrico-exercicio-fisico.htm>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: PRODUÇÃO DE ÓXIDO NÍTRICO E VASODILATAÇÃO****Seus resultados****GENE: NOS3****SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TT****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Risco normal de hipertensão. Produção normal de óxido nítrico.

O gene NOS3 codifica a enzima óxido nítrico sintase endotelial (eNOS), responsável pela produção de óxido nítrico (NO) nas células endoteliais que revestem os vasos sanguíneos. O óxido nítrico desempenha um papel essencial na vasodilatação, ajudando a relaxar e expandir os vasos sanguíneos, o que melhora o fluxo sanguíneo e regula a pressão arterial. Além disso, o NO tem funções anti-inflamatórias e antioxidantes, protegendo o sistema cardiovascular. Variantes no gene NOS3 podem afetar a produção de óxido nítrico, aumentando o risco de hipertensão, doenças cardiovasculares e disfunção endotelial.

Estudo de referência: PMID 30789045

**GENE: NOS3****SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: AA****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Expressão normal (mais alta) de NOS3; risco normal de hipertensão e doenças cardiovasculares.

O gene NOS3 codifica a enzima óxido nítrico sintase endotelial (eNOS), responsável pela produção de óxido nítrico (NO) nas células endoteliais que revestem os vasos sanguíneos. O óxido nítrico desempenha um papel essencial na vasodilatação, ajudando a relaxar e expandir os vasos sanguíneos, o que melhora o fluxo sanguíneo e regula a pressão arterial. Além disso, o NO tem funções anti-inflamatórias e antioxidantes, protegendo o sistema cardiovascular. Variantes no gene NOS3 podem afetar a produção de óxido nítrico, aumentando o risco de hipertensão, doenças cardiovasculares e disfunção endotelial.

Estudo de referência: PMID 24192154

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: PERDA DE PESO CORPORAL SEM ATIVIDADE FÍSICA**

**Seus resultados**

## **063 - PAINEL VERSA | ESPORTE - PERDA DE PESO CORPORAL SEM ATIVIDADE FÍSICA**

A capacidade de perder peso corporal está relacionada ao equilíbrio entre a ingestão calórica e o gasto energético, além de fatores como metabolismo, composição corporal e hábitos de vida. Para perder peso, é necessário criar um déficit calórico, onde o corpo consome mais energia do que ingere, utilizando reservas de gordura como fonte de combustível. No entanto, fatores genéticos também influenciam a eficiência desse processo, impactando o metabolismo basal, a resposta aos alimentos e a regulação do apetite. Atividade física, alimentação equilibrada e gerenciamento do estresse são fundamentais para otimizar a perda de peso de forma saudável e sustentável.

## **Genes Analisados**

**ADRB3,**

### **Relação Genética**

Existem polimorfismos comuns no gene ADRB3, que codifica o receptor  $\beta$ 3-adrenérgico. Apesar de não ser um achado definitivo, pesquisadores associaram esses polimorfismos à obesidade. Em uma meta-análise envolvendo 9.000 indivíduos, indivíduos portadores do alelo C/G tiveram um IMC maior do que os indivíduos com o genótipo T/A.

Com base na observação de que indivíduos com o alelo C/G podem ter mais dificuldade em perder peso, pesquisas indicam que eles podem se beneficiar mais quando a prática de exercícios está associada ao regime de tratamento.

### **Como analisar os resultados?**

O gene ADRB3 está ligado ao metabolismo basal e à queima de gordura em repouso. Alterações nesse gene podem reduzir a capacidade de perda de peso sem atividade física. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam menor tendência à perda de peso em contextos sedentários. Nestes casos, é fundamental manter uma rotina ativa e adotar estratégias nutricionais personalizadas, com foco no controle glicêmico e no gasto calórico.



<https://academic.oup.com/jcem/article/83/7/2441/2865525>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24972470/>

<https://www.exerciseandsportnutritionlab.com/wp-content/uploads/2016/02/genetic-profiling-for-weight-loss-potential-candidate-genes-2167-7662-1000126.pdf>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: PERDA DE PESO CORPORAL SEM ATIVIDADE FÍSICA

Seus resultados

**GENE:** ADRB3

**RISCO:** Capacidade normal de perda de peso sem exercícios físicos.

**SNP:** rs4\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** AA

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

O gene ADRB3 codifica o receptor beta-3 adrenérgico, que é encontrado principalmente no tecido adiposo marrom e desempenha um papel crucial na regulação do metabolismo de lipídios e na termogênese (produção de calor). Quando ativado por hormônios como a adrenalina, o receptor ADRB3 estimula a quebra de gordura (lipólise) e aumenta o gasto energético, contribuindo para a regulação do peso corporal e da temperatura. Variantes no gene ADRB3 podem influenciar a eficiência desse processo, afetando a susceptibilidade ao ganho de peso, a resposta ao frio e o risco de desenvolver condições como obesidade e diabetes tipo 2.

Estudo de referência: PMID: 37628593

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: IMPACTO DO EXERCÍCIO NO HUMOR**

**Seus resultados**

## **065 - PAINEL VERSA | ESPORTE (NEUROTRANSMISSORES) - EXERCÍCIO E HUMOR**

O BDNF (Fator Neurotrófico Derivado do Cérebro) é uma proteína crucial para a saúde cerebral, desempenhando um papel importante no crescimento, manutenção e sobrevivência dos neurônios. Ele é fundamental para a plasticidade cerebral, que é a capacidade do cérebro de se adaptar e formar novas conexões, essenciais para o aprendizado e a memória. Além de sua função no sistema nervoso, o BDNF também está envolvido na regulação do humor, e baixos níveis dessa proteína têm sido associados a transtornos como depressão e ansiedade. O exercício físico e uma dieta saudável podem aumentar os níveis de BDNF, beneficiando a saúde cognitiva e emocional.

## **Genes Analisados**

**BDNF,**

### **Relação Genética**

A atividade física está diretamente ligada ao aumento dos níveis de BDNF (Fator Neurotrófico Derivado do Cérebro), uma proteína essencial para a saúde cerebral. O exercício, especialmente o aeróbico, estimula a produção de BDNF, promovendo a neuroplasticidade, que melhora o aprendizado, a memória e a capacidade de adaptação do cérebro. Além disso, níveis mais elevados de BDNF estão associados à proteção contra doenças neurodegenerativas e à melhora do humor, ajudando a combater a depressão e a ansiedade. Assim, a atividade física regular é uma maneira eficaz de fortalecer a função cognitiva e o bem-estar emocional por meio da elevação do BDNF.

### **Como analisar os resultados?**

BDNF é um gene que regula o fator neurotrófico derivado do cérebro, essencial para a neuroplasticidade, humor e cognição. Alterações nesse gene podem reduzir a produção de BDNF, afetando o bem-estar emocional. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam menor atividade do BDNF. Nestes casos, o exercício físico é uma das formas mais eficazes de estimular o BDNF, com destaque para treinos aeróbicos regulares, que auxiliam na melhora do humor, na prevenção da depressão e no desempenho cognitivo.



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC5591905/>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC6613032/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: IMPACTO DO EXERCÍCIO NO HUMOR****Seus resultados****GENE: BDNF****SNP: rs6\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Atividade normal de BDNF. Melhor humor e sensação de bem-estar.

O gene BDNF codifica o fator neurotrófico derivado do cérebro, uma proteína essencial para o crescimento, manutenção e sobrevivência dos neurônios. O BDNF desempenha um papel fundamental na plasticidade sináptica, que é crucial para a aprendizagem, memória e adaptação do cérebro a novas experiências. Além disso, o BDNF influencia o humor e o comportamento, estando associado à regulação do apetite e ao metabolismo energético. Variantes no gene BDNF podem afetar a função cerebral, influenciando a suscetibilidade a distúrbios neuropsiquiátricos, como depressão, transtornos alimentares e doenças neurodegenerativas, como Alzheimer.

Estudo de referência: PMID 19589373, 21300947

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: LESÕES ESPORTIVAS**

**Seus resultados**

## **066 - PAINEL VERSA | ESPORTE - RISCO DE LESÕES ESPORTIVAS**

Lesões esportivas são danos ao corpo que ocorrem durante a prática de atividades físicas ou esportes. Elas podem variar de leves, como entorses e distensões, a graves, como fraturas, rompimentos de ligamentos e lesões musculares. Fatores como sobrecarga, falta de aquecimento adequado, má técnica ou movimentos repetitivos aumentam o risco de lesões. As áreas mais comumente afetadas são articulações, músculos e tendões. O tratamento pode incluir repouso, fisioterapia e, em casos graves, cirurgia. A prevenção, por meio de exercícios de fortalecimento, aquecimento e alongamento, é essencial para reduzir o risco de lesões e melhorar o desempenho esportivo.

## **Genes Analisados**

**VDR-Bsml, VDR, COL5A1, COL1A1, TNF, COL3A1, GDF5, MMP3, BMP4, FCRL3, FOXP3, MMP13, MMP1,**

### **Relação Genética**

A genética influencia o risco de lesões esportivas ao afetar fatores como a resistência dos tecidos conectivos, a recuperação muscular e a estrutura das articulações. Variantes em genes como o COL5A1, que está relacionado à produção de colágeno, podem impactar a força e a flexibilidade de tendões e ligamentos, tornando algumas pessoas mais propensas a entorses e rupturas. Além disso, genes que afetam a capacidade de recuperação e a resposta inflamatória também podem influenciar a suscetibilidade a lesões por sobrecarga ou esforço repetitivo. Compreender essas predisposições genéticas pode ajudar na personalização de programas de treino e na prevenção de lesões.

### **Como analisar os resultados?**

Este painel analisa genes ligados à estrutura de tendões, ligamentos e resposta inflamatória. Alterações em genes como COL1A1, COL5A1, GDF5 e TNF podem afetar a resistência dos tecidos e a recuperação pós-exercício. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de lesões, como entorses, tendinites e rupturas ligamentares. Nestes casos, o foco deve ser na prevenção: alongamentos regulares, fortalecimento muscular, descanso adequado e suporte com fisioterapia preventiva.



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5880610/>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22894972/>

<https://www.joelho.com/ortopedia/tornozelo-e-pe/lesoes-musculares-e-tendineas/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: LESÕES ESPORTIVAS**

**Seus resultados**

**GENE: COL1A1**  
**SNP: rs1\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: CC**  
**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Risco aumentado de rupturas do ligamento cruzado anterior. Risco normal de doença do disco intervertebral grave. Risco normal de ruptura do tendão de Aquiles.

O gene COL1A1 codifica uma das cadeias de procolágeno tipo I, que é a principal proteína estrutural encontrada nos ossos, pele, tendões e outros tecidos conjuntivos. O colágeno tipo I proporciona força e estrutura aos tecidos, sendo essencial para a integridade do esqueleto e para a cicatrização de feridas. Mutações no gene COL1A1 podem levar a distúrbios como a osteogênese imperfeita, também conhecida como "doença dos ossos de vidro", uma condição que causa fragilidade óssea e outros problemas relacionados ao tecido conjuntivo.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

O genótipo CC está associado a uma menor resistência mecânica do colágeno, o que aumenta a predisposição a lesões esportivas, como fraturas por estresse, rupturas de tendões e distensões musculares. O fortalecimento dos músculos ao redor das articulações e dos tendões pode ajudar a compensar a menor resistência do colágeno, reduzindo o estresse nos tendões e ligamentos. Uma dieta rica em nutrientes essenciais para a síntese de colágeno e a saúde óssea pode ajudar a otimizar a força dos tecidos conjuntivos.

Estudo de referência: PMID 27917384 [Disco intervertebral], PMID 27917384 [DMO], PMID 28206 [Tendão de aquiles]

**GENE: COL3A1**  
**SNP: rs1\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: GG**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Síntese normal de procolágeno III. Risco normal de lesões. Risco normal de refluxo gastroesofágico. Risco normal de prolapso pélvico de órgãos.

O gene COL3A1 codifica uma das cadeias de colágeno tipo III, uma proteína essencial para a formação de tecidos conjuntivos, especialmente em órgãos como a pele, vasos sanguíneos e intestinos. O colágeno tipo III proporciona elasticidade e integridade estrutural a esses tecidos, sendo crucial para a cicatrização de feridas e para a manutenção da estabilidade dos vasos sanguíneos. Mutações no gene COL3A1 estão associadas à síndrome de Ehlers-Danlos do tipo vascular, uma condição que afeta a elasticidade da pele, aumenta a fragilidade dos vasos sanguíneos e pode levar a problemas graves, como rupturas arteriais.

Estudo de referência: PMC4447760 [Procolágeno 3], PMID 19444361 [Prolapso pélvico de órgãos]

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: LESÕES ESPORTIVAS****Seus resultados****GENE: COL5A1****SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Genótipo de proteção contra tendinopatia de Aquiles e outras lesões de tecidos moles.

O gene COL5A1 codifica uma cadeia de colágeno tipo V, uma proteína fundamental para a formação de fibras colágenas, que atuam na organização e estabilidade da matriz extracelular em tecidos como a pele, tendões e ligamentos. O colágeno tipo V está envolvido no desenvolvimento e na regulação das fibras de colágeno tipo I, sendo essencial para a estrutura e elasticidade do tecido conjuntivo. Mutações no gene COL5A1 estão associadas à síndrome de Ehlers-Danlos clássica, uma condição que causa hiper mobilidade articular, pele hiperextensível e fragilidade dos tecidos, afetando a integridade estrutural do corpo.

Estudo de referência: PMID 25896984

**GENE: GDF5****SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: AA****CLASSIFICAÇÃO: Ruim****RISCO:** Risco aumentado de ruptura do tendão de Aquiles.

O gene GDF5 codifica o fator de crescimento e diferenciação 5, uma proteína envolvida no desenvolvimento e na manutenção de ossos, articulações e tecidos conjuntivos. O GDF5 desempenha um papel crucial na formação das extremidades dos ossos durante o desenvolvimento embrionário, bem como na reparação de cartilagem e na regeneração de tecidos após lesões. Variantes no gene GDF5 estão associadas a diferenças no crescimento ósseo e no risco de condições como osteoartrite e displasias esqueléticas, afetando a saúde das articulações e a estrutura óssea.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Este gene codifica um fator de crescimento envolvido na formação de ossos e cartilagens. Variantes no GDF5 estão associadas a um risco aumentado de ruptura do tendão de Aquiles. O fortalecimento dos músculos ao redor das articulações é essencial para reduzir o estresse sobre os tendões e ligamentos. Realize alongamentos dinâmicos antes do exercício para preparar as articulações, e alongamentos estáticos após o treino para manter a flexibilidade.

Estudo de referência: PMID 20360039

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: LESÕES ESPORTIVAS****Seus resultados****GENE: MMP1****SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Ruim****RISCO:** Maior degradação do colágeno. Risco aumentado de problemas no tendão tibial posterior.

O gene MMP1 codifica a metaloproteinase de matriz extracelular 1, uma enzima responsável pela degradação do colágeno tipo I, que é um dos principais componentes da matriz extracelular. A MMP1 tem um papel importante na remodelação do tecido conjuntivo, participando de processos de cicatrização de feridas e regeneração de tecidos. Essa enzima é ativada em resposta a lesões e inflamações, ajudando a quebrar as proteínas danificadas e permitindo a regeneração dos tecidos afetados.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Em estudos celulares, o EGCG, um componente do chá verde, mostrou resposta favorável ao bloqueio de IL-1B e redução de MMP-1.

Estudo de referência: PMID: 24995609, PMID: 15296944 [EGCG]

**GENE: MMP3****SNP: rs6\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TT****CLASSIFICAÇÃO: Ruim****RISCO:** Aumento do risco de tendinopatias em atletas de alta performance. Risco aumentado de lesões no uso de estatinas e fluoroquinolonas.

O gene MMP3 codifica a metaloproteinase da matriz 3, uma enzima que desempenha um papel crucial na degradação de componentes da matriz extracelular, como colágeno e proteoglicanos. A MMP3 está envolvida na remodelação e reparo dos tecidos, sendo importante para processos como cicatrização de feridas, desenvolvimento de órgãos e remodelação de tecidos após lesões. Além disso, ela regula a ativação de outras metaloproteinases, amplificando a degradação da matriz. Níveis elevados ou variantes no gene MMP3 estão associados a doenças inflamatórias, como osteoartrite e aterosclerose, onde a degradação excessiva da matriz extracelular pode comprometer a integridade do tecido.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

As metaloproteinases de matriz (MMPs) são enzimas que podem quebrar o colágeno. A metaloproteinase-3 da matriz está envolvida na remodelação do colágeno. Em caso de risco aumentado de lesões, é importante ter cautela com substâncias que ativam MMPs, como estatinas e fluoroquinolonas [PMID 31784541]. Um estudo experimental em animais mostrou que a doxiciclina inibe a metaloproteinase da matriz, auxiliando no reparo de lesões no tendão de Aquiles e melhorando a integridade do filamento de colágeno [PMID 33403077].

Estudo de referência: PMID 32607795, PMID 31784541 [Estatinas e fluoroquinolonas]

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: LESÕES ESPORTIVAS

## Seus resultados

**GENE: MMP3**

**SNP: rs6\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Aumento do risco de tendinopatias em atletas de alta performance. Risco aumentado de lesões no uso de estatinas e fluoroquinolonas.

O gene MMP3 codifica a metaloproteinase da matriz 3, uma enzima que desempenha um papel crucial na degradação de componentes da matriz extracelular, como colágeno e proteoglicanos. A MMP3 está envolvida na remodelação e reparo dos tecidos, sendo importante para processos como cicatrização de feridas, desenvolvimento de órgãos e remodelação de tecidos após lesões. Além disso, ela regula a ativação de outras metaloproteinases, amplificando a degradação da matriz. Níveis elevados ou variantes no gene MMP3 estão associados a doenças inflamatórias, como osteoartrite e aterosclerose, onde a degradação excessiva da matriz extracelular pode comprometer a integridade do tecido.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

As metaloproteinases de matriz (MMPs) são enzimas que podem quebrar o colágeno. A metaloproteinase-3 da matriz está envolvida na remodelação do colágeno. Em caso de risco aumentado de lesões, é importante ter cautela com substâncias que ativam MMPs, como estatinas e fluoroquinolonas [PMID 31784541]. Um estudo experimental em animais mostrou que a doxiciclina inibe a metaloproteinase da matriz, auxiliando no reparo de lesões no tendão de Aquiles e melhorando a integridade do filamento de colágeno [PMID 33403077].

Estudo de referência: PMID: 32607795

**GENE: MMP13**

**SNP: rs2\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Maior degradação do colágeno. Risco aumentado de problemas no tendão tibial posterior.

O gene MMP13 codifica a metaloproteinase de matriz extracelular 13, uma enzima que desempenha um papel crucial na degradação de componentes da matriz extracelular, especialmente o colágeno tipo II. A MMP13 é responsável pela remodelação do tecido conjuntivo e pela regulação do processo de cicatrização, sendo particularmente importante na manutenção da integridade das articulações, tendões e ligamentos. Algumas variantes podem aumentar a atividade da MMP13, acelerando a degradação da matriz extracelular e, conseqüentemente, aumentando o risco de danos aos tecidos, enquanto outras variantes podem reduzir essa atividade.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Tenha cautela com o uso de estatinas: Experimentos demonstraram um aumento na liberação de MMP-1 e MMP-13 com a sinvastatina, o que enfraqueceu e rompeu a matriz do tendão.

Estudo de referência: PMID: 27886420, PMID: 31784541 [Estatinas]

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: LESÕES ESPORTIVAS****Seus resultados**

**GENE: BMP4** **RISCO:** Risco normal de tendinopatias.  
**SNP: rs2\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: GG**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene BMP4 codifica a proteína morfogenética óssea 4, que desempenha um papel fundamental no desenvolvimento e na formação de vários tecidos e órgãos, incluindo ossos, cartilagens e sistemas respiratório e cardiovascular. A BMP4 é parte da família de proteínas TGF-beta, que regula processos como diferenciação celular, crescimento e apoptose. Durante o desenvolvimento embrionário, ela é crucial para a formação de estruturas corporais, como membros e dentes, e também participa da cicatrização de feridas e da regeneração óssea. Alterações no gene BMP4 podem estar associadas a distúrbios de desenvolvimento, como malformações esqueléticas e craniofaciais.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

O estudo de referência analisou quadros de dores sugestivas de tendinopatia no tendão patelar, tendão de Aquiles, ombro e abdutores do quadril.

Estudo de referência: PMID 24661680

**GENE: FCRL3** **RISCO:** Risco aumentado de tendinopatias.  
**SNP: rs7\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: GG**  
**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

O gene FCRL3 codifica uma proteína que faz parte da família dos receptores semelhantes ao Fc, envolvidos na regulação do sistema imunológico. Essa proteína é expressa em células imunes, como linfócitos B e T, e desempenha um papel na modulação da resposta imune, influenciando processos como a ativação e a proliferação celular. O FCRL3 está associado à regulação de respostas autoimunes, e variantes nesse gene foram ligadas a um aumento do risco de doenças autoimunes, como artrite reumatoide, lúpus e doença de Hashimoto. A função do FCRL3 é essencial para o equilíbrio entre a ativação e a supressão das respostas imunes.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Portadores de alelos GG podem ser mais suscetíveis a lesões por sobrecarga. Evitar um aumento abrupto na intensidade dos treinos é essencial para dar ao corpo tempo para se adaptar. Aumente progressivamente a intensidade e a duração dos treinos, limitando o aumento a no máximo 10% por semana. Inclua descanso entre os treinos para dar tempo aos músculos e tecidos conectivos de se recuperarem, evitando sobrecarga e lesões.

Estudo de referência: PMC6052601

Nome: Modelo Versa Essencial  
 Data de Nascimento: 10/10/10  
 ID da Amostra: 123456  
 Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

## Categoria no resumo: LESÕES ESPORTIVAS

## Seus resultados

**GENE:** TNF  
**SNP:** rs1\*\*\*\*\*  
**SEUS ALELOS:** GA  
**CLASSIFICAÇÃO:** Regular

**RISCO:** Níveis mais altos de TNF-alfa. Aumento da sinalização inflamatória. Aumento do risco de problemas no tendão de Aquiles e problemas no tendão do joelho.

O gene TNF codifica o fator de necrose tumoral alfa (TNF- $\alpha$ ), uma citocina pró-inflamatória que desempenha um papel crucial na regulação da resposta imune e inflamatória. O TNF- $\alpha$  é produzido principalmente por células do sistema imunológico, como macrófagos e linfócitos, em resposta a infecções, lesões ou outros estímulos inflamatórios. Ele ajuda a coordenar a eliminação de células infectadas ou danificadas e a ativar outras células imunes. No entanto, níveis excessivos de TNF- $\alpha$  estão associados a doenças inflamatórias crônicas, como artrite reumatoide, doença inflamatória intestinal e psoríase. O equilíbrio da atividade do TNF é essencial para manter a saúde do sistema imunológico sem causar danos aos tecidos.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Níveis aumentado de TNF estão associados ao aumento no risco de colite ulcerativa, doença celíaca no caso de HLA positivo, choque séptico, úlceras de pé diabético, asma, tireoidite de Hashimoto, infecções de pele, periodontite, DPOC, acidente vascular cerebral, doença gengival, doença cardíaca, pólipos nasais.

Estudo de referência: PMID 33985554

**GENE:** VDR  
**SNP:** rs7\*\*\*\*\*  
**SEUS ALELOS:** CC  
**CLASSIFICAÇÃO:** Ruim

**RISCO:** Variante Apal. Risco aumentado de maior gravidade nas lesões musculoesqueléticas. Pode haver maior necessidade de vitamina D em fases de recuperação de lesões musculares.

O gene VDR codifica o receptor de vitamina D, uma proteína nuclear que se liga à forma ativa da vitamina D (1,25-dihidroxitamina D). Quando ativado, o receptor de vitamina D regula a expressão de diversos genes envolvidos na absorção de cálcio, na saúde óssea, na função imunológica e no crescimento celular. O VDR desempenha um papel crucial na manutenção dos níveis adequados de cálcio e fosfato no sangue, promovendo a mineralização óssea e contribuindo para a regulação do sistema imunológico. Variantes no gene VDR podem influenciar a sensibilidade do corpo à vitamina D, impactando a saúde óssea, a imunidade e o risco de desenvolver doenças como osteoporose e doenças autoimunes.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

O estudo indicou que o polimorfismo VDR-Apal influencia a gravidade das lesões musculares, sugerindo que ele pode afetar o tempo de regeneração muscular. O genótipo CC pode estar associado a menor expressão do receptor de vitamina D, reduzindo a absorção de cálcio, o que aumenta a fragilidade óssea e o risco de lesões, como fraturas por estresse e distensões. Garantir níveis adequados de vitamina D é essencial para a saúde óssea, e a suplementação de cálcio pode ser necessária.

Estudo de referência: PMID 26161149

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: LESÕES ESPORTIVAS****Seus resultados****GENE: VDR-BsmI****SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Níveis normais de vitamina D. Densidade mineral óssea normal. Redução do risco de fraturas por estresse.

O gene VDR codifica o receptor de vitamina D, uma proteína nuclear que se liga à forma ativa da vitamina D (1,25-dihidroxitamina D). Quando ativado, o receptor de vitamina D regula a expressão de diversos genes envolvidos na absorção de cálcio, na saúde óssea, na função imunológica e no crescimento celular. O VDR desempenha um papel crucial na manutenção dos níveis adequados de cálcio e fosfato no sangue, promovendo a mineralização óssea e contribuindo para a regulação do sistema imunológico. Variantes no gene VDR podem influenciar a sensibilidade do corpo à vitamina D, impactando a saúde óssea, a imunidade e o risco de desenvolver doenças como osteoporose e doenças autoimunes.

Estudo de referência: PMID: 20363324

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: SONO E CICLO CIRCADIANO

## Seus resultados

### **069 - PAINEL VERSA | CICLO CIRCADIANO - DISTÚRBIOS DO SONO E RISCO DE INSÔNIA**

Distúrbios do sono são condições que afetam a qualidade, a quantidade e o ritmo do sono, prejudicando o descanso e o bem-estar geral. Entre os distúrbios mais comuns estão a insônia, caracterizada pela dificuldade em adormecer ou manter o sono; a apneia do sono, que envolve interrupções na respiração durante o sono; e a narcolepsia, marcada por sonolência excessiva durante o dia. Esses distúrbios podem resultar em fadiga, problemas de concentração, irritabilidade e até condições de saúde mais graves, como doenças cardiovasculares. O tratamento varia conforme a causa, podendo incluir mudanças no estilo de vida, terapia cognitivo-comportamental, ou uso de medicamentos.

## **Genes Analisados**

**CLOCK, AANAT, PER2, ADA, BHLHE41, GSK3B, GABRA6,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel importante na predisposição a distúrbios do sono, influenciando tanto os padrões de sono quanto a suscetibilidade a condições como insônia, apneia do sono e narcolepsia. Variantes em genes como o CLOCK, que regula o ritmo circadiano, podem afetar o ciclo natural de sono-vigília, aumentando a chance de insônia ou sono fragmentado. Além disso, genes relacionados ao controle respiratório e à função neurológica podem influenciar o risco de apneia do sono e narcolepsia. Compreender essas predisposições genéticas pode ajudar a identificar riscos e adaptar tratamentos personalizados para melhorar a qualidade do sono.

### **Como analisar os resultados?**

Este painel analisa genes ligados ao ritmo circadiano, produção de melatonina e neurotransmissores do sono. Alterações em genes como CLOCK, PER2 e GABRA6 podem afetar o ciclo sono-vigília e a qualidade do sono. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de insônia ou sono fragmentado. Nestes casos, recomenda-se manter horários regulares para dormir, reduzir a exposição à luz azul à noite e, se necessário, utilizar suplementos naturais ou técnicas de higiene do sono.



<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/20438143/>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17205864/>

<https://www.nsc.org/road-safety/safety-topics/fatigued-driving>

<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0149763416302184>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6451011/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SONO E CICLO CIRCADIANO****Seus resultados****GENE: CLOCK****SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: AG****CLASSIFICAÇÃO: Regular****RISCO:** Risco aumentado de distúrbios do sono. Risco de obesidade levemente aumentado. Risco normal de Transtorno Afetivo Sazonal. Escores normais de sintomas de TDAH.

O gene CLOCK (Circadian Locomotor Output Cycles Kaput) desempenha um papel fundamental na regulação do ritmo circadiano, o relógio biológico que controla os ciclos de sono e vigília, bem como outras funções fisiológicas como o metabolismo e a liberação de hormônios. Ele codifica uma proteína que interage com outros genes para manter o ritmo diário das atividades celulares e dos processos metabólicos. Alterações no gene CLOCK podem desregular o ciclo circadiano, influenciando o sono, o apetite, o metabolismo e aumentando o risco de obesidade, diabetes tipo 2 e distúrbios do humor.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Tente organizar sua rotina de sono. Para que não haja ganho de peso, evite lanches noturnos.

Estudo de referência: PMID 17221848

**GENE: ADA****SNP: rs7\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Depuração normal de adenosina. Despertar mais rápido. Menos sonolência ao acordar.

O gene ADA codifica a enzima adenosina desaminase, que desempenha um papel crucial no metabolismo das purinas, moléculas que são componentes essenciais do DNA e RNA. A adenosina desaminase converte a adenosina e a desoxiadenosina em inosina e desoxinosina, prevenindo o acúmulo tóxico dessas substâncias no corpo. Essa função é especialmente importante para o desenvolvimento e a manutenção do sistema imunológico, particularmente para o funcionamento adequado dos linfócitos. Deficiências no gene ADA podem levar a condições graves, como a imunodeficiência combinada grave (SCID), resultando em um sistema imunológico severamente comprometido.

Estudo de referência: PMID 21734253

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SONO E CICLO CIRCADIANO****Seus resultados****GENE: GABRA6****RISCO:** Risco normal de insônia.**SNP: rs3\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene GABRA6 codifica uma subunidade do receptor GABA tipo A, que é o principal receptor inibitório no sistema nervoso central. O GABA (ácido gama-aminobutírico) é um neurotransmissor que regula a excitabilidade neuronal, reduzindo a atividade excessiva do cérebro e promovendo efeitos calmantes e relaxantes. A subunidade codificada por GABRA6 faz parte do receptor GABA-A, que, quando ativado, permite a entrada de íons cloreto nas células, resultando em inibição neuronal. Variantes no gene GABRA6 podem influenciar a resposta do organismo ao estresse, à ansiedade e ao risco de desenvolver condições como transtornos de ansiedade e epilepsia, já que afetam a função inibitória do GABA no cérebro.

Estudo de referência: PMID 29018204

**GENE: GSK3B****RISCO:** Aumento do risco de insônia grave na depressão.**SNP: rs3\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: AG****CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene GSK3B codifica a enzima glicogênio sintase quinase 3 beta (GSK3 $\beta$ ), que desempenha um papel crucial na regulação de diversos processos celulares, incluindo o metabolismo da glicose, a sinalização celular e o controle do ciclo celular. A GSK3 $\beta$  está envolvida em várias vias de sinalização, como a via Wnt e a insulina, e influencia processos como o crescimento celular, a apoptose (morte celular programada) e o desenvolvimento. Além disso, a GSK3 $\beta$  é importante para a função cerebral e está associada à regulação do humor. Disfunções na GSK3B estão ligadas a doenças neurodegenerativas, como Alzheimer, e distúrbios do humor, como depressão e transtorno bipolar.

Estudo de referência: PMID 30081294 [Critérios avaliados pela Escala de Avaliação de Depressão de Hamilton]

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SONO E CICLO CIRCADIANO****Seus resultados****GENE: BHLHE41****SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GG****CLASSIFICAÇÃO: Ruim****RISCO:** Não é naturalmente predisposto ao sono curto. Dormir poucas horas pode ser prejudicial.

O gene BHLHE41 (também conhecido como DEC2) desempenha um papel importante na regulação do ritmo circadiano e nos padrões de sono. Ele codifica um fator de transcrição que influencia a expressão de genes relacionados ao ciclo biológico de 24 horas, especialmente no controle da duração do sono. Variantes no gene BHLHE41 foram associadas a uma necessidade reduzida de sono em alguns indivíduos, permitindo-lhes funcionar normalmente com menos horas de descanso. Além disso, o BHLHE41 também está envolvido na regulação de outros processos biológicos, como a resposta ao estresse e a homeostase energética.

Estudo de referência: PMID: 28325617

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: SONO E CICLO CIRCADIANO**

**Seus resultados**

## **070 - PAINEL VERSA | CICLO CIRCADIANO - RECEPTORES DE MELATONINA**

A melatonina é um hormônio produzido pela glândula pineal, no cérebro, que regula o ciclo de sono-vigília. Sua liberação aumenta à noite, em resposta à escuridão, ajudando o corpo a se preparar para o sono, e diminui durante o dia. A melatonina também desempenha um papel na sincronização do ritmo circadiano, influenciando a qualidade e a duração do sono. Suplementos de melatonina são frequentemente usados para tratar distúrbios do sono, como insônia ou jet lag. Embora seja segura para uso a curto prazo, é importante seguir orientações médicas para evitar dependência ou efeitos adversos.

## **Genes Analisados**

**MTNR1B, TPH2, MTNR1A,**

### **Relação Genética**

A genética influencia a produção e a regulação da melatonina, afetando o ciclo de sono-vigília. Variantes em genes como o MTNR1B, que codifica os receptores de melatonina, podem alterar a sensibilidade do corpo a esse hormônio, impactando a capacidade de adormecer e manter um sono regular. Além disso, genes envolvidos no ritmo circadiano, como o PER3, também influenciam a liberação de melatonina em resposta à luz e à escuridão. Pessoas com certas predisposições genéticas podem ter maior dificuldade em ajustar seus ciclos de sono, sendo mais suscetíveis a distúrbios do sono, como insônia e jet lag.

### **Como analisar os resultados?**

Os genes MTNR1A, MTNR1B e TPH2 influenciam a produção e a resposta à melatonina, regulando o início e a manutenção do sono. Alterações podem comprometer a sensibilidade aos sinais do escuro e ao relaxamento noturno. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam risco de sono leve, dificuldade para adormecer ou ritmo desajustado. Nestes casos, controle da iluminação e exposição ao sol pela manhã podem ajudar na regulação do ciclo circadiano.



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6017004/>  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/20398260/>  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28455106/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SONO E CICLO CIRCADIANO****Seus resultados****GENE: TPH2****SNP: rs4\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: AT****CLASSIFICAÇÃO: Regular****RISCO:** Conversão reduzida de triptofano em melatonina. Risco aumentado de interrupção no ciclo circadiano. Risco aumentado de despertar precoce.

O gene TPH2 codifica a enzima triptofano hidroxilase 2, que desempenha um papel crucial na síntese de serotonina no cérebro. A TPH2 é a enzima limitadora da velocidade da via que converte o aminoácido triptofano em 5-hidroxitriptofano, que é posteriormente convertido em serotonina, um neurotransmissor essencial para a regulação do humor, apetite, sono e funções cognitivas. Alterações no gene TPH2 podem influenciar os níveis de serotonina no cérebro, estando associadas ao risco de distúrbios do humor, como depressão, ansiedade e transtornos do sono.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Para a maioria das pessoas, o triptofano é abundante na dieta. Ele é encontrado em nozes, carne, ovos, soja e laticínios. Mas se você segue uma dieta com restrição de proteínas ou uma dieta vegana, pode ser necessário garantir que esteja consumindo triptofano suficiente.

Estudo de referência: PMID 30519155 [Transtorno depressivo maior e sintomas de despertar precoce]

**GENE: MTNR1A****SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Quantidade normal de receptores de melatonina no cérebro. Menor impacto negativo do trabalho noturno. Menor probabilidade de fadiga e outros efeitos nocivos ao trabalhar no turno da noite.

O gene MTNR1A codifica o receptor de melatonina tipo 1A, que desempenha um papel fundamental na regulação do ritmo circadiano e dos ciclos de sono e vigília. A melatonina, um hormônio produzido principalmente pela glândula pineal em resposta à escuridão, se liga ao receptor MTNR1A para ajudar a sincronizar o relógio biológico do corpo com o ciclo dia-noite. Esse receptor é importante na promoção do sono e na adaptação aos ritmos ambientais. Variantes no gene MTNR1A podem influenciar a sensibilidade à melatonina, afetando padrões de sono, qualidade do sono e a predisposição a distúrbios do sono e transtornos circadianos, como a insônia e o jet lag.

Estudo de referência: PMID 28364478

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SONO E CICLO CIRCADIANO****Seus resultados****GENE: MTNR1B****SNP: rs1\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TT****CLASSIFICAÇÃO: Ruim****RISCO:** Aumento da glicemia de jejum, aumento do risco de diabetes gestacional.

O gene MTNR1B codifica o receptor de melatonina tipo 1B, que desempenha um papel importante na regulação do ritmo circadiano e no metabolismo da glicose. Esse receptor está envolvido na resposta celular à melatonina, o hormônio que controla o ciclo de sono e vigília. Além disso, o MTNR1B tem um papel na regulação da secreção de insulina no pâncreas, influenciando os níveis de glicose no sangue. Variantes no gene MTNR1B estão associadas a um aumento do risco de desenvolver diabetes tipo 2, uma vez que podem alterar a sensibilidade das células à insulina e o controle da glicose, especialmente em relação aos ritmos circadianos.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

A interação do horário do jantar com o MTNR1B corrobora o papel causal da melatonina endógena no comprometimento da tolerância à glicose. Esses resultados sugerem que antecipar o jantar pode resultar em melhor tolerância à glicose, especialmente em portadores do MTNR1B.

Estudo de referência: PMID: 21658282, PMID 28455106 [Estudo mostrando eficácia do jantar mais cedo]

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: TRANSTORNO AFETIVO SAZONAL**

**Seus resultados**

### **071 - PAINEL VERSA | CICLO CIRCADIANO - TRANSTORNO AFETIVO SAZONAL**

O transtorno afetivo sazonal (TAS) é um tipo de depressão que ocorre em determinados períodos do ano, geralmente no outono e inverno, quando há menos luz solar. A redução da exposição à luz natural pode interferir nos ritmos circadianos e nos níveis de melatonina e serotonina, neurotransmissores que regulam o humor e o sono, resultando em sintomas como tristeza, fadiga, dificuldade de concentração e perda de interesse em atividades. O tratamento inclui terapia de luz, que simula a luz solar, e, em alguns casos, medicamentos ou psicoterapia. O TAS tende a melhorar com o aumento da luz solar na primavera e no verão.

## **Genes Analisados**

**PER3, OPN4, HTR2A,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel importante na predisposição ao transtorno afetivo sazonal (TAS), influenciando como o corpo responde às mudanças de luz e ao ciclo circadiano. Variantes em genes relacionados à produção de serotonina, como o SLC6A4, que regula a recaptação desse neurotransmissor, podem afetar o humor durante os meses de menor exposição solar. Além disso, genes que controlam a produção de melatonina, como o MTNR1B, podem alterar a sensibilidade ao ritmo de luz e escuridão, aumentando a vulnerabilidade ao TAS. Pessoas com essas predisposições genéticas podem ser mais propensas a desenvolver sintomas depressivos durante o outono e o inverno.

### **Como analisar os resultados?**

Este painel analisa genes relacionados à percepção da luz e ao humor regulado pela serotonina. PER3 e OPN4 atuam no controle do ritmo biológico pela luz natural, enquanto HTR2A influencia a resposta serotoninérgica. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam risco aumentado para alterações de humor em períodos com pouca luz solar. Nestes casos, recomenda-se exposição diária à luz natural, prática de atividade física e, em alguns casos, terapia de luz (fototerapia).



<https://journals.sagepub.com/doi/abs/10.1177/1477153519884097>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3179573/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: TRANSTORNO AFETIVO SAZONAL****Seus resultados****GENE: PER3****RISCO:** Risco normal de Transtorno Afetivo Sazonal.**SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: AA****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene PER3 desempenha um papel crucial na regulação do ritmo circadiano, que controla os ciclos diários de sono e vigília, além de outras funções fisiológicas como o metabolismo e a liberação de hormônios. A proteína codificada por PER3 é parte do "relógio biológico" interno do corpo, atuando em conjunto com outros genes para manter a sincronia dos ciclos circadianos com o ambiente. Variantes no gene PER3 podem influenciar a duração e a qualidade do sono, sendo associadas a diferenças na adaptação aos ciclos de luz e escuridão, como distúrbios do sono e problemas com jet lag ou trabalho em turnos.

**GENE: PER3****RISCO:** Risco normal de Transtorno Afetivo Sazonal.**SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene PER3 desempenha um papel crucial na regulação do ritmo circadiano, que controla os ciclos diários de sono e vigília, além de outras funções fisiológicas como o metabolismo e a liberação de hormônios. A proteína codificada por PER3 é parte do "relógio biológico" interno do corpo, atuando em conjunto com outros genes para manter a sincronia dos ciclos circadianos com o ambiente. Variantes no gene PER3 podem influenciar a duração e a qualidade do sono, sendo associadas a diferenças na adaptação aos ciclos de luz e escuridão, como distúrbios do sono e problemas com jet lag ou trabalho em turnos.

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: TRANSTORNO AFETIVO SAZONAL

Seus resultados

**GENE: OPN4**

**SNP: rs2\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Resposta atenuada à luz; tempo de sono/vigília mais curto.  
Risco 5 a 6 vezes maior de transtorno afetivo sazonal.

O gene OPN4 codifica a melanopsina, uma proteína fotossensível que desempenha um papel importante na regulação do ritmo circadiano e na resposta do organismo à luz. A melanopsina é encontrada em células ganglionares da retina e detecta a presença de luz, especialmente a luz azul, enviando sinais ao cérebro para ajustar o "relógio biológico" interno. Esse processo ajuda a sincronizar o ciclo de sono e vigília com o ambiente, além de influenciar outras funções como o humor e a liberação de hormônios. Variantes no gene OPN4 podem afetar a sensibilidade à luz, impactando o ritmo circadiano e a qualidade do sono.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Exponha-se ao sol para regular seu ciclo circadiano, mas se você não consegue sair para tomar sol o suficiente durante o dia por qualquer motivo (trabalhando, morando muito ao norte, etc.), existem luzes de espectro completo feitas especificamente para o Transtorno Afetivo Sazonal. Novos estudos mostram que a luz azul de espectro estreito (100 lux) pode ser tão eficaz quanto a luz brilhante de comprimento de onda completo (10.000 lux).

Estudo de referência: PMID: 18804284, PMID: 29477098 [Espectro de luz]

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: SÍNDROME DAS PERNAS INQUIETAS

Seus resultados

### **072 - PAINEL VERSA | CICLO CIRCADIANO - SÍNDROME DAS PERNAS INQUIETAS**

A síndrome das pernas inquietas (SPI) é um distúrbio neurológico caracterizado por uma necessidade irresistível de mover as pernas, geralmente acompanhada de sensações desconfortáveis, como formigamento ou coceira. Esses sintomas costumam piorar à noite ou durante períodos de inatividade, prejudicando o sono e a qualidade de vida. A causa da SPI pode estar relacionada a desequilíbrios de dopamina no cérebro, além de fatores genéticos, deficiências de ferro e condições subjacentes, como insuficiência renal ou neuropatia. O tratamento inclui ajustes no estilo de vida, suplementação de ferro, quando necessário, e, em casos graves, medicamentos que regulam os níveis de dopamina.

## **Genes Analisados**

**BTBD9, MEIS1, GABRA, MAP2K5, PTPRD,**

### **Relação Genética**

A genética tem um papel significativo na predisposição à síndrome das pernas inquietas (SPI). Estudos identificaram variantes em genes como o MEIS1, que está associado à regulação de dopamina, um neurotransmissor crucial para o controle dos movimentos. Essas mutações podem interferir na sinalização dopaminérgica, contribuindo para os sintomas da SPI. Além disso, a hereditariedade é um fator importante, com a condição sendo mais comum em pessoas com histórico familiar de SPI. Conhecer essas predisposições genéticas pode ajudar no diagnóstico e na personalização do tratamento, que pode incluir medicamentos para regular a dopamina e aliviar os sintomas.

### **Como analisar os resultados?**

Genes como BTBD9 e MEIS1 estão associados à desregulação neurológica que causa a Síndrome das Pernas Inquietas e o Transtorno do Movimento Periódico dos Membros. Esses distúrbios afetam a qualidade do sono e estão ligados a baixos níveis de ferritina. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de movimentos involuntários noturnos e sono não restaurador. Nestes casos, é fundamental avaliar os níveis de ferro e considerar a reposição com supervisão profissional, além de manter uma boa higiene do sono.



<https://www.rededorsaoluiz.com.br/doencas/sindrome-das-pernas-inquietas>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4153066/>

<https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fneur.2019.00935/full>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3975059/>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6787346/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SÍNDROME DAS PERNAS INQUIETAS**

**Seus resultados**

**GENE: MEIS1**

**SNP: rs2\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TG**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Risco aumentado de síndrome das pernas inquietas. Aumento do risco de Transtorno de Movimento Periódico dos Membros.

O gene MEIS1 codifica um fator de transcrição que desempenha um papel importante no desenvolvimento embrionário e na regulação de células-tronco hematopoéticas. Ele está envolvido na formação de vários tecidos, incluindo o sistema nervoso, olhos e membros, além de participar na manutenção do equilíbrio celular durante o desenvolvimento. O MEIS1 também está associado à regulação dos ciclos de sono, e variantes nesse gene foram ligadas a condições como a síndrome das pernas inquietas e distúrbios do sono. Assim, o gene MEIS1 influencia tanto o desenvolvimento quanto a regulação de funções neurológicas no organismo adulto.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Em um pequeno teste com L-dopa para SPI/TMPM em crianças com TDAH, descobriu-se que a L-dopa melhora a síndrome das pernas inquietas [PMID 21463967]. Outro pequeno estudo descobriu que o magnésio antes de dormir reduziu a incidência de TMPM pela metade [PMID 9703590].

Estudo de referência: PMID: 25142570, 26703954

**GENE: BTBD9**

**SNP: rs3\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Risco muito aumentado de Transtorno de Movimento Periódico dos Membros. Risco aumentado de síndrome das pernas inquietas. Níveis de ferritina reduzidos em 26%.

O gene BTBD9 está associado à regulação de movimentos e ao controle neurológico, sendo fortemente implicado em distúrbios do sono, como a síndrome das pernas inquietas (SPI). A função exata do BTBD9 ainda está sendo estudada, mas ele parece influenciar o transporte de ferro no cérebro, que é um fator chave na SPI, além de afetar a função dos neurônios que controlam o movimento. Variantes nesse gene têm sido associadas a um risco maior de desenvolver distúrbios relacionados ao movimento e ao sono, sugerindo que o BTBD9 desempenha um papel na regulação neurológica que afeta a qualidade do sono e o controle muscular.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Em um pequeno teste com L-dopa para SPI/TMPM em crianças com TDAH, descobriu-se que a L-dopa melhora a síndrome das pernas inquietas. Outro pequeno estudo descobriu que o magnésio antes de dormir reduziu a incidência de TMPM pela metade.

Estudo de referência: PMID 17634447, L-Dopa: 21463967, Magnésio: 9703590

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SÍNDROME DAS PERNAS INQUIETAS****Seus resultados****GENE: BTBD9****RISCO:** Risco ligeiramente reduzido de síndrome das pernas inquietas.**SNP: rs9\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TC****CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene BTBD9 está associado à regulação de movimentos e ao controle neurológico, sendo fortemente implicado em distúrbios do sono, como a síndrome das pernas inquietas (SPI). A função exata do BTBD9 ainda está sendo estudada, mas ele parece influenciar o transporte de ferro no cérebro, que é um fator chave na SPI, além de afetar a função dos neurônios que controlam o movimento. Variantes nesse gene têm sido associadas a um risco maior de desenvolver distúrbios relacionados ao movimento e ao sono, sugerindo que o BTBD9 desempenha um papel na regulação neurológica que afeta a qualidade do sono e o controle muscular.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Em um pequeno teste com L-dopa para SPI/TMPM em crianças com TDAH, descobriu-se que a L-dopa melhora a síndrome das pernas inquietas [PMID 21463967]. Outro pequeno estudo descobriu que o magnésio antes de dormir reduziu a incidência de TMPM pela metade [PMID 9703590].

Estudo de referência: PMID: 17637780

**GENE: PTPRD****RISCO:** Risco normal de síndrome das pernas inquietas. Risco normal de Transtorno de Movimento Periódico dos Membros.**SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GG****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene PTPRD codifica a proteína tirosina fosfatase receptora tipo D, que desempenha um papel crucial na regulação de várias funções celulares, incluindo a sinalização celular, o crescimento, a diferenciação e a manutenção das conexões sinápticas no cérebro. Essa proteína é particularmente importante para o desenvolvimento e funcionamento adequado do sistema nervoso, ajudando a modular a comunicação entre os neurônios. Variantes no gene PTPRD têm sido associadas a distúrbios neurológicos, como a síndrome das pernas inquietas e transtornos do déficit de atenção, além de estarem ligadas ao risco de desenvolver certos tipos de câncer.

Estudo de referência: PMID: 21264940, 25142570

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: SÍNDROME DAS PERNAS INQUIETAS

## Seus resultados

**GENE: GABRA**

**SNP: rs2\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GT**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Risco aumentado de síndrome das pernas inquietas (SPI).  
Idade de início mais precoce para a SPI.

O gene GABRA codifica uma subunidade do receptor GABA tipo A, que é o principal receptor inibitório no sistema nervoso central. Esse receptor é ativado pelo neurotransmissor GABA (ácido gama-aminobutírico), que regula a excitabilidade neuronal ao permitir a entrada de íons cloreto nas células, resultando em inibição da atividade neuronal. O receptor GABA-A desempenha um papel crucial na modulação do humor, do sono, da ansiedade e da resposta ao estresse. Variantes nos genes GABRA estão associadas a condições como transtornos de ansiedade, epilepsia e insônia, influenciando a sensibilidade à inibição mediada pelo GABA no cérebro.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Em um pequeno teste com L-dopa para SPI/TMPM em crianças com TDAH, descobriu-se que a L-dopa melhora a síndrome das pernas inquietas [PMID 21463967]. Outro pequeno estudo descobriu que o magnésio antes de dormir reduziu a incidência de TMPM pela metade [PMID 9703590].

Estudo de referência: PMID: 29720720

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

**Categoria no resumo: ENVELHECIMENTO SAUDÁVEL**

**Seus resultados**

## **074 - PAINEL VERSA | LONGEVIDADE - SIRTUÍNAS E OUTROS GENES**

As sirtuínas são uma família de proteínas que desempenham um papel crucial na regulação do envelhecimento e na promoção da longevidade. Elas estão envolvidas em processos celulares importantes, como reparo do DNA, controle do metabolismo, redução do estresse oxidativo e resposta inflamatória. As sirtuínas são ativadas por condições como restrição calórica e exercício físico, ambos associados ao aumento da longevidade. Estudos sugerem que elas podem proteger contra doenças relacionadas ao envelhecimento, como doenças cardiovasculares e neurodegenerativas. Por isso, as sirtuínas são um foco de pesquisa para intervenções que visam prolongar a vida saudável.

## **Genes Analisados**

**NAMPT, SIRT1, SIRT6, FOXO3A, CETP, IGF1R,**

### **Relação Genética**

A genética influencia a atividade das sirtuínas, um grupo de proteínas que desempenham um papel importante na regulação do envelhecimento e da longevidade. Variantes em genes como o SIRT1, responsável pela codificação de uma das principais sirtuínas, podem afetar a eficiência desses mecanismos de reparo celular, controle do metabolismo e resposta ao estresse oxidativo. Essas variações genéticas podem impactar a capacidade do corpo de lidar com os danos celulares associados ao envelhecimento, influenciando a predisposição a doenças crônicas e o ritmo de envelhecimento. Compreender essas predisposições genéticas ajuda a explorar intervenções que podem otimizar a função das sirtuínas para promover a longevidade saudável.

### **Como analisar os resultados?**

Este painel avalia genes envolvidos na regulação do envelhecimento, metabolismo energético e proteção celular. Genes como SIRT1, FOXO3A e IGF1R estão associados à longevidade, enquanto CETP influencia o perfil lipídico. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de envelhecimento acelerado ou menor proteção celular. Nestes casos, recomenda-se uma rotina com exercícios, alimentação antioxidante e, se necessário, uso de nutracêuticos com foco em longevidade, como resveratrol e nicotinamida ribosídeo.



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC6206880/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: ENVELHECIMENTO SAUDÁVEL****Seus resultados****GENE: FOXO3A****SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GT****CLASSIFICAÇÃO: Regular****RISCO:** Longevidade ligeiramente aumentada. Chances ligeiramente maiores de chegar aos 100 anos.

O gene FOXO3A codifica um fator de transcrição da família FOXO, que está envolvido na regulação de processos como a longevidade, a resposta ao estresse oxidativo e a apoptose (morte celular programada). O FOXO3A atua promovendo a expressão de genes relacionados à defesa antioxidante, reparo do DNA e resistência ao estresse. Variantes nesse gene estão associadas à longevidade em humanos, influenciando a capacidade de resistir a doenças ligadas ao envelhecimento, como câncer e doenças neurodegenerativas.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

A cetose tem o potencial de diminuir o IGF1 e aumentar o FOXO3. Portanto, teoriza-se que uma dieta cetogênica ou jejum intermitente/periódico aumentará a longevidade [PMID 28371201].

Estudo de referência: PMID 18765803

**GENE: NAMPT****SNP: rs6\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GG****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Síntese normal de NAMPT.

O gene NAMPT codifica a enzima nicotinamida fosforribosiltransferase, que desempenha um papel crucial na produção de NAD<sup>+</sup> (nicotinamida adenina dinucleotídeo), uma molécula essencial para o metabolismo energético e para a função celular. O NAD<sup>+</sup> é necessário para muitas reações biológicas, incluindo as ligadas à reparação do DNA e à regulação da longevidade celular. A atividade da NAMPT é importante para o envelhecimento saudável e para a resposta ao estresse metabólico, e sua disfunção está associada a doenças metabólicas e inflamatórias.

Estudo de referência: PMID: 20383745

Nome: Modelo Versa Essencial

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: ENVELHECIMENTO SAUDÁVEL**

**Seus resultados**

**GENE: SIRT1**

**SNP: rs1\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Provavelmente expressão normal (mais baixa) de SIRT1. Envelhecimento celular aumentado.

O gene SIRT1 codifica uma enzima da família das sirtuínas, que regula vários processos biológicos, incluindo a longevidade celular, a resposta ao estresse, o metabolismo e a inflamação. A SIRT1 é ativada pelo NAD+ e está envolvida na reparação do DNA, na regulação da resposta inflamatória e no controle do metabolismo energético. Ela desempenha um papel importante na proteção contra doenças relacionadas ao envelhecimento, como diabetes tipo 2, doenças cardiovasculares e neurodegenerativas.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Adicione mirtilos à sua dieta: o Pterostilbene, um polifenol encontrado em mirtilos, é análogo do resveratrol e também é um ativador de SIRT1 [PMID 27270300].

Estudo de referência: PMC3591365

**GENE: SIRT1**

**SNP: rs3\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Expressão normal (mais baixa) de SIRT1. Envelhecimento celular aumentado.

O gene SIRT1 codifica uma enzima da família das sirtuínas, que regula vários processos biológicos, incluindo a longevidade celular, a resposta ao estresse, o metabolismo e a inflamação. A SIRT1 é ativada pelo NAD+ e está envolvida na reparação do DNA, na regulação da resposta inflamatória e no controle do metabolismo energético. Ela desempenha um papel importante na proteção contra doenças relacionadas ao envelhecimento, como diabetes tipo 2, doenças cardiovasculares e neurodegenerativas.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

O resveratrol, um fitonutriente encontrado em algumas plantas e frutos, é um ativador da SIRT1 [PMID 15749705].

Estudo de referência: PMID: 17895433, PMID: 26999517

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: ENVELHECIMENTO SAUDÁVEL****Seus resultados****GENE: SIRT6****SNP: rs3\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TT****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Provavelmente expressão normal (mais alta) de SIRT6. Envelhecimento celular reduzido.

O gene SIRT6 também faz parte da família das sirtuínas e está envolvido na regulação da longevidade, no metabolismo do DNA e na resposta ao estresse celular. A SIRT6 contribui para a estabilidade genômica, promovendo a reparação do DNA e regulando o metabolismo da glicose e dos lipídios. Além disso, ela desempenha um papel na proteção contra o envelhecimento celular e doenças metabólicas, como obesidade e diabetes.

Estudo de referência: PMID: 27118880

**GENE: IGF1R****SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GA****CLASSIFICAÇÃO: Regular****RISCO:** Longevidade normal. Níveis normais de IGF1.

O gene IGF1R codifica o receptor do fator de crescimento semelhante à insulina tipo 1 (IGF-1), que é crucial para o crescimento e desenvolvimento celular, além de regular o metabolismo e a sobrevivência celular. O receptor IGF1R está envolvido na sinalização de crescimento e na prevenção da apoptose, sendo importante para o desenvolvimento de tecidos e para a regeneração celular. No entanto, sua superativação está associada ao envelhecimento acelerado e ao risco aumentado de câncer.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Um estudo de mulheres com mutações BRCA descobriu que uma dieta mediterrânea com restrição moderada de proteína diminuiu o IGF1 sérico [PMID 30181513].

Estudo de referência: PMID 30181513

Nome: Modelo Versa Essencial

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo

[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)

[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

Categoria no resumo: ENVELHECIMENTO SAUDÁVEL

Seus resultados

**GENE: CETP**

**RISCO:** Longevidade aumentada.

**SNP: rs5\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GA**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene CETP codifica a proteína de transferência de ésteres de colesterol, que regula o transporte de colesterol entre as lipoproteínas no sangue, facilitando a transferência de ésteres de colesterol das lipoproteínas de alta densidade (HDL) para as lipoproteínas de baixa densidade (LDL) e de muito baixa densidade (VLDL). A CETP desempenha um papel crucial no metabolismo lipídico e na regulação dos níveis de colesterol, influenciando o risco de doenças cardiovasculares. Variantes nesse gene podem afetar os níveis de colesterol HDL e LDL, impactando a saúde cardiovascular.

Estudo de referência: PMID 27633301

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: METILAÇÃO DO DNA

## Seus resultados

### **075 - PAINEL VERSA | LONGEVIDADE - METILAÇÃO DE DNA**

A metilação do DNA é um processo epigenético que envolve a adição de grupos metil ao DNA, modulando a expressão dos genes sem alterar a sequência genética. Esse mecanismo é crucial para o desenvolvimento celular, a regulação do envelhecimento e a proteção contra doenças. Com o passar do tempo, os padrões de metilação podem se alterar, resultando em desregulação genética, que está associada ao envelhecimento e ao surgimento de doenças como câncer e doenças neurodegenerativas. Padrões saudáveis de metilação do DNA têm sido associados à longevidade, e estudos mostram que práticas como uma dieta equilibrada e exercícios podem influenciar positivamente a metilação, promovendo uma vida mais longa e saudável.

## **Genes Analisados**

**MTHFR,**

### **Relação Genética**

A genética influencia diretamente os padrões de metilação do DNA, um processo epigenético que regula a expressão gênica sem alterar a sequência do DNA. Variantes em genes que controlam o sistema de metilação, como o DNMT3A e o MTHFR, podem impactar a eficiência desse mecanismo, afetando o funcionamento de genes relacionados ao desenvolvimento, imunidade e envelhecimento. Alterações nos padrões de metilação podem desregular a expressão gênica, contribuindo para o surgimento de doenças como câncer e condições metabólicas. A compreensão dessas predisposições genéticas é fundamental para explorar intervenções que possam restaurar ou otimizar a metilação do DNA, com impactos na saúde e longevidade.

### **Como analisar os resultados?**

O gene MTHFR é crucial na conversão do folato em sua forma ativa, essencial para a metilação do DNA e controle da homocisteína. Sinalização vermelha pode representar até 80% de redução na atividade enzimática, aumentando o risco de acúmulo de homocisteína e problemas cardiovasculares. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam atenção à via de metilação. Nestes casos, é recomendado o uso de metilfolato e vitaminas do complexo B ativas, além do monitoramento da homocisteína plasmática.



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4356060/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METILAÇÃO DO DNA****Seus resultados****GENE: MTHFR****SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GA****CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Uma cópia do alelo MTHFR C677T, função da enzima diminuída em 40%. Metilação de DNA: reduzida. Maior ocorrência de danos ao DNA. Risco aumentado de depressão na deficiência de folato.

O gene MTHFR (metilenotetrahidrofolato redutase) codifica uma enzima essencial no metabolismo do folato (vitamina B9) e na conversão da homocisteína em metionina, um aminoácido crucial para a síntese de proteínas. A atividade dessa enzima é fundamental para a produção de DNA, reparo celular e regulação de processos epigenéticos. Variantes no gene MTHFR, como as mutações C677T e A1298C, podem reduzir a eficiência da enzima, levando a níveis elevados de homocisteína, o que está associado a um maior risco de doenças cardiovasculares, problemas na gravidez e distúrbios neurológicos. A ingestão adequada de folato pode ajudar a compensar essa redução na atividade enzimática.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

A presença de alelos A neste SNP aumenta o risco de doenças cardiovasculares, doenças neurológicas e câncer. Além disso, em gestantes portadoras da mutação e com baixa ingestão de folato, há risco aumentado de problemas na formação do feto e abortos espontâneos. Desta forma, é muito importante estar atento à necessidade de suplementação de folato.

Estudo de referência: PMID: 22147263, 25449138, 25758986

**GENE: MTHFR****SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TT****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Metabolismo normal do folato.

O gene MTHFR (metilenotetrahidrofolato redutase) codifica uma enzima essencial no metabolismo do folato (vitamina B9) e na conversão da homocisteína em metionina, um aminoácido crucial para a síntese de proteínas. A atividade dessa enzima é fundamental para a produção de DNA, reparo celular e regulação de processos epigenéticos. Variantes no gene MTHFR, como as mutações C677T e A1298C, podem reduzir a eficiência da enzima, levando a níveis elevados de homocisteína, o que está associado a um maior risco de doenças cardiovasculares, problemas na gravidez e distúrbios neurológicos. A ingestão adequada de folato pode ajudar a compensar essa redução na atividade enzimática.

Estudo de referência: PMID: 20423475

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: CAPACIDADE ANTIOXIDANTE

## Seus resultados

### **076 - PAINEL VERSA | LONGEVIDADE - CAPACIDADE ANTIOXIDANTE**

O sistema antioxidante é crucial para proteger o corpo contra os danos causados pelos radicais livres, moléculas instáveis geradas pelo metabolismo e fatores ambientais. Com o envelhecimento, a produção de radicais livres aumenta, enquanto a eficiência do sistema antioxidante, composto por enzimas como a superóxido dismutase (SOD) e a glutatona peroxidase, diminui. Esse desequilíbrio leva ao estresse oxidativo, que danifica células, proteínas e DNA, acelerando o processo de envelhecimento e contribuindo para doenças como câncer e doenças neurodegenerativas. Manter um sistema antioxidante eficaz, por meio de uma dieta rica em antioxidantes e hábitos saudáveis, pode ajudar a retardar o envelhecimento e promover a longevidade.

## **Genes Analisados**

**SOD1, GSTA1, GSTP1, NFE2L2,**

### **Relação Genética**

A genética influencia a eficiência do sistema antioxidante do corpo, determinando a capacidade de combater os danos causados pelos radicais livres. Genes como o SOD2, que codifica a enzima superóxido dismutase, e o GPX1, responsável pela produção de glutatona peroxidase, regulam a produção de enzimas antioxidantes essenciais. Variantes genéticas nesses genes podem reduzir a atividade dessas enzimas, aumentando a suscetibilidade ao estresse oxidativo, que acelera o envelhecimento celular e aumenta o risco de doenças crônicas, como câncer e doenças cardiovasculares. Conhecer essas predisposições genéticas pode ajudar a personalizar estratégias nutricionais e terapêuticas para otimizar a defesa antioxidante e promover a saúde.

### **Como analisar os resultados?**

Este painel avalia genes que regulam enzimas antioxidantes, responsáveis por neutralizar os radicais livres. SOD1, GSTP1 e NFE2L2 estão diretamente ligados à defesa celular contra o estresse oxidativo. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam menor atividade antioxidante e maior risco de dano celular. Nestes casos, pode-se considerar o uso de compostos que estimulam essas vias, como sulforafano (brócolis), resveratrol, Glisodin®, DIM ou extratos como o Dimpless®.



<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/20563854/>  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/22608880/>  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29507103/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: CAPACIDADE ANTIOXIDANTE**

**Seus resultados**

**GENE: GSTA1**

**SNP: rs3\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AG**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** GSTA1\*A/\*B. Função enzimática reduzida. Capacidade antioxidante reduzida.

O gene GSTA1 codifica uma enzima da família glutathione S-transferase alfa 1 (GSTA1), que desempenha um papel crucial na desintoxicação celular e na proteção contra o estresse oxidativo. A GSTA1 ajuda a neutralizar compostos tóxicos, como carcinógenos, produtos do metabolismo de medicamentos e radicais livres, ao conjugá-los com a glutathione, facilitando sua eliminação do corpo. Essa função é essencial para a defesa do organismo contra danos celulares e o desenvolvimento de doenças crônicas, como câncer e doenças hepáticas. Variantes no gene GSTA1 podem influenciar a eficácia do processo de desintoxicação e a suscetibilidade a doenças relacionadas ao acúmulo de toxinas.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Uma maneira de aumentar a atividade de enzimas GSTs é através do consumo de vegetais crucíferos [PMID: 16365014].

Estudo de referência: PMID: 24471578

**GENE: GSTP1**

**SNP: rs1\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AG**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Função antioxidante possivelmente normal. Risco incerto. O alelo G pode aumentar o risco de asma em algumas populações.

O gene GSTP1 codifica uma glutathione S-transferase envolvida na defesa contra o estresse oxidativo e na desintoxicação de produtos químicos tóxicos, como carcinógenos e medicamentos. A GSTP1 contribui para a neutralização de radicais livres e compostos reativos, protegendo as células de danos oxidativos. Variantes nesse gene podem influenciar a eficácia da desintoxicação celular e o risco de desenvolvimento de cânceres e outras doenças relacionadas ao estresse oxidativo.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

A suplementação de vitamina E pode ter efeitos negativos! Um estudo realizado com homens que tomavam suplementos de vitamina E (alfa-tocoferol) descobriu que aqueles com GSTP1 A/A e A/G tinham níveis mais altos de inflamação (medida de IL-6), enquanto aqueles com alelos G/G tinham níveis reduzidos de IL-6.

Estudo de referência: PMID 30461653

Nome: Modelo Versa Essencial

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

### Categoria no resumo: CAPACIDADE ANTIOXIDANTE

### Seus resultados

**GENE: NFE2L2**

**SNP: rs1\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AG**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Capacidade antioxidante levemente aumentada. Risco reduzido de mortalidade por todas as causas, especialmente em fumantes.

O gene NFE2L2 codifica o fator nuclear eritroide 2 relacionado ao fator 2 (Nrf2), um fator de transcrição que regula a expressão de genes antioxidantes e de desintoxicação. O NFE2L2 é ativado em resposta ao estresse oxidativo e promove a transcrição de genes que protegem as células contra danos causados por radicais livres e toxinas. É essencial na defesa celular e na manutenção da homeostase redox. Alterações nesse gene podem afetar a resposta antioxidante, influenciando o risco de doenças como câncer, doenças neurodegenerativas e cardiovasculares.

#### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

O sulforafano, uma substância natural encontrada em brotos de brócolis, couve de Bruxelas, repolho, couve-flor, ativa de forma específica a via Nrf2.

Estudo de referência: PMID: 24790085

**GENE: SOD1**

**SNP: rs1\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Capacidade antioxidante normal.

O gene SOD1 codifica a enzima superóxido dismutase 1, que desempenha um papel crucial na defesa antioxidante, convertendo o superóxido, um radical livre altamente reativo, em oxigênio e peróxido de hidrogênio, menos tóxicos. A SOD1 ajuda a proteger as células contra danos oxidativos, especialmente no sistema nervoso. Mutações no gene SOD1 estão associadas à esclerose lateral amiotrófica (ELA), uma doença neurodegenerativa que afeta os neurônios motores.

Estudo de referência: PMID: 27755600

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)  
[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

## Categoria no resumo: EFICIÊNCIA DA AUTOFAGIA

## Seus resultados

### **077 - PAINEL VERSA | LONGEVIDADE - AUTOFAGIA**

A autofagia é um processo celular essencial em que a célula "recicla" seus componentes danificados ou desnecessários, promovendo a renovação celular e a manutenção da saúde celular. Durante a autofagia, organelas envelhecidas, proteínas malformadas e outros detritos celulares são encapsulados e degradados, permitindo a reutilização de seus componentes. Esse mecanismo é fundamental para a sobrevivência celular, especialmente em condições de estresse ou falta de nutrientes. A autofagia também desempenha um papel importante na prevenção de doenças relacionadas ao envelhecimento, como neurodegeneração e câncer, tornando-se um foco de estudos para intervenções que visam prolongar a longevidade e melhorar a saúde celular.

## **Genes Analisados**

**ATG16L1,**

### **Relação Genética**

A genética regula o processo de autofagia por meio de genes como o ATG (autophagy-related genes) e o mTOR, que controlam a ativação e a eficiência desse mecanismo de limpeza celular. Variantes genéticas nesses genes podem impactar a capacidade das células de remover e reciclar componentes danificados, influenciando a saúde celular e a predisposição a doenças relacionadas ao envelhecimento, como neurodegeneração e câncer. Alterações no gene mTOR, por exemplo, podem inibir a autofagia, acelerando o acúmulo de detritos celulares e promovendo o envelhecimento precoce. A compreensão dessas predisposições genéticas pode ajudar no desenvolvimento de terapias para otimizar a autofagia e melhorar a longevidade.

### **Como analisar os resultados?**

O gene ATG16L1 participa do processo de autofagia, que promove a "limpeza celular" e é essencial para o envelhecimento saudável, resposta imune e proteção intestinal. Alterações nesse gene podem prejudicar esse mecanismo natural. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam menor eficiência na autofagia. Nestes casos, é interessante adotar estratégias como jejum intermitente, exercícios físicos regulares e o uso de nutracêuticos como o Cogumelo Reishi – que, aliás, você encontra disponível na loja da Versa Gene!



<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27810402/>  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26547861/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: EFICIÊNCIA DA AUTOFAGIA**

**Seus resultados**

**GENE: ATG16L1**

**SNP: rs2\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AG**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Autofagia reduzida. Aumento do risco de Doença de Crohn em caucasianos.

O gene ATG16L1 codifica uma proteína essencial para o processo de autofagia, que é a degradação e reciclagem de componentes celulares danificados ou desnecessários. A proteína ATG16L1 forma um complexo que facilita a formação de autofagossomos, estruturas que encapsulam e transportam materiais para serem degradados dentro da célula. Esse processo é fundamental para a manutenção da homeostase celular e a defesa contra infecções. Variantes no gene ATG16L1 estão associadas a um risco aumentado de desenvolver a doença de Crohn, uma condição inflamatória intestinal, pois afetam a capacidade de eliminar bactérias e outros agentes no intestino através da autofagia.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

A Doença de Crohn é uma doença inflamatória séria do trato gastrointestinal. Esteja atento a sintomas como dores abdominais, diarreia, perda de peso, anemia e fadiga. Na Doença de Crohn, algumas pessoas podem não apresentar sintomas na maior parte da vida, enquanto outras podem ter sintomas crônicos graves que nunca desaparecem.

Estudo de referência: PMID: 31892796

**GENE: ATG16L1**

**SNP: rs10\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CT**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Autofagia reduzida. Risco aumentado de doença inflamatória intestinal.

O gene ATG16L1 codifica uma proteína essencial para o processo de autofagia, que é a degradação e reciclagem de componentes celulares danificados ou desnecessários. A proteína ATG16L1 forma um complexo que facilita a formação de autofagossomos, estruturas que encapsulam e transportam materiais para serem degradados dentro da célula. Esse processo é fundamental para a manutenção da homeostase celular e a defesa contra infecções. Variantes no gene ATG16L1 estão associadas a um risco aumentado de desenvolver a doença de Crohn, uma condição inflamatória intestinal, pois afetam a capacidade de eliminar bactérias e outros agentes no intestino através da autofagia.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Variantes genéticas ATG16L1 têm ligações em alguns estudos para um aumento no risco de doenças inflamatórias intestinais, incluindo a doença de Crohn. Uma teoria sobre por que a variante da autofagia é um risco na doença de Crohn é que ela causa uma diminuição da eliminação de bactérias nas células que revestem o intestino [PMC4816087].

Estudo de referência: PMC2719289

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SISTEMA DETOX E REPARO CELULAR**

**Seus resultados**

## **078 - PAINEL VERSA | LONGEVIDADE - DETOXIFICAÇÃO DE SUBSTÂNCIAS**

O sistema de detoxificação é um conjunto de processos bioquímicos que ajuda o corpo a eliminar substâncias tóxicas, como poluentes, medicamentos e produtos resultantes do metabolismo. Esse sistema envolve duas fases principais: na fase 1, enzimas como o CYP450 transformam toxinas em moléculas mais reativas; na fase 2, outras enzimas, como a glutationa-S-transferase (GST), neutralizam essas moléculas, tornando-as solúveis e prontas para excreção pelo fígado e rins. Um sistema de detoxificação eficiente é essencial para proteger o corpo contra o acúmulo de toxinas e o desenvolvimento de doenças crônicas. Fatores genéticos, dieta e estilo de vida influenciam a capacidade de detoxificação do organismo.

## **Genes Analisados**

**SOD2, GSTO1, UGT1A1\*6, NQO1\*2, NAT2, GSTZ1, XPC,**

### **Relação Genética**

A genética tem um papel fundamental no funcionamento do sistema de detoxificação, influenciando a eficiência das enzimas responsáveis pela neutralização e eliminação de toxinas. Genes como o CYP1A2 e GST regulam a produção de enzimas envolvidas nas fases de detoxificação. Variantes genéticas nesses genes podem aumentar ou diminuir a atividade dessas enzimas, afetando a capacidade do corpo de processar toxinas, medicamentos e poluentes. Pessoas com variantes que reduzem a eficiência dessas enzimas podem ter maior suscetibilidade ao acúmulo de toxinas, o que pode aumentar o risco de doenças crônicas. Conhecer essas predisposições genéticas permite personalizar intervenções para otimizar a detoxificação e a saúde.

### **Como analisar os resultados?**

Este painel analisa genes que codificam enzimas envolvidas na eliminação de toxinas, poluentes e medicamentos. Alterações em genes como SOD2, UGT1A1 e NAT2 podem reduzir a eficiência do sistema de detoxificação. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de acúmulo de toxinas e estresse oxidativo. Nestes casos, recomenda-se priorizar uma dieta rica em vegetais crucíferos, boa hidratação, evitar exposição a xenobióticos e, se necessário, usar nutracêuticos como NAC ou silimarina.



<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/10667461/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SISTEMA DETOX E REPARO CELULAR****Seus resultados****GENE: NAT2****SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GG****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Metabolizador rápido de NAT2. Maior detoxificação hepática de algumas substâncias, como cafeína e alguns medicamentos.

O gene NAT2 codifica a enzima N-acetiltransferase 2, que está envolvida no metabolismo de várias substâncias, incluindo medicamentos, carcinógenos e toxinas. A NAT2 ajuda a metabolizar essas substâncias por meio de reações de acetilação, facilitando sua eliminação do corpo. Variantes no gene NAT2 afetam a velocidade do metabolismo, classificando as pessoas como metabolizadores rápidos ou lentos, o que pode influenciar a resposta a medicamentos e o risco de efeitos colaterais ou toxicidade.

Estudo de referência: PMID: 22552404

**GENE: GSTZ1****SNP: rs7\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GG****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Provavelmente metabolizador rápido do dicloroacetato.

O gene GSTZ1 codifica uma glutationa S-transferase zeta, uma enzima envolvida no metabolismo de ácidos halogenados e na degradação do ácido fenólico. A GSTZ1 desempenha um papel importante na desintoxicação celular e na proteção contra danos causados por estresse oxidativo e toxinas ambientais. Alterações nesse gene podem influenciar o metabolismo de certos fármacos e toxinas, impactando a eficácia da desintoxicação.

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: SISTEMA DETOX E REPARO CELULAR

## Seus resultados

**GENE: GSTZ1**

**SNP: rs1\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TC**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Provavelmente metabolizador intermediário do dicloroacetato.

O gene GSTZ1 codifica uma glutathione S-transferase zeta, uma enzima envolvida no metabolismo de ácidos halogenados e na degradação do ácido fenólico. A GSTZ1 desempenha um papel importante na desintoxicação celular e na proteção contra danos causados por estresse oxidativo e toxinas ambientais. Alterações nesse gene podem influenciar o metabolismo de certos fármacos e toxinas, impactando a eficácia da desintoxicação.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Evite a exposição prolongada ao cloro e produtos que contenham cloro em sua composição!

**GENE: GSTO1**

**SNP: rs4\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CA**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Menor capacidade antioxidante. Baixa eliminação do arsênico.

Risco aumentado de lesões cutâneas no envenenamento por arsênico. Diminuição da excreção de arsênico na urina.

O gene GSTO1 codifica a glutathione S-transferase ômega-1, uma enzima envolvida no metabolismo de xenobióticos, metais pesados e produtos de estresse oxidativo. A GSTO1 desempenha um papel importante na desintoxicação celular e na regulação do estresse oxidativo. Variantes nesse gene podem afetar a capacidade do corpo de lidar com toxinas e metais pesados, influenciando o risco de doenças relacionadas ao acúmulo de substâncias tóxicas.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

A glutathione é o principal agente redutor do arsênio. Os blocos de construção que seu corpo precisa para produzir glutathione incluem glicina e cisteína. A glicina é um aminoácido encontrado na gelatina, no colágeno e no caldo de osso. A cisteína pode ser suplementada com acetilcisteína (NAC).

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SISTEMA DETOX E REPARO CELULAR****Seus resultados**

**GENE: NQO1\*2**                      **RISCO:** Metabolismo normal de xenobióticos.  
**SNP: rs1\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: GG**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene NQO1 codifica a enzima NAD(P)H oxidoreductase 1, que desempenha um papel crucial na proteção celular contra danos oxidativos e no metabolismo de quinonas. A NQO1 converte quinonas, compostos potencialmente tóxicos e carcinogênicos, em suas formas menos reativas, prevenindo a geração de radicais livres. Essa enzima é importante para a defesa contra o estresse oxidativo, e variantes no gene NQO1 podem influenciar o risco de câncer e outras doenças relacionadas ao estresse oxidativo.

Estudo de referência: PMID: 20970411

**GENE: UGT1A1\*6**                      **RISCO:** Função enzimática normal.  
**SNP: rs4\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: GG**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene UGT1A1 codifica uma enzima da família UDP-glicuronosiltransferase, responsável pela conjugação de bilirrubina, hormônios e medicamentos com ácido glicurônico, facilitando sua excreção do corpo. A UGT1A1 é essencial para o metabolismo da bilirrubina, e mutações nesse gene podem causar síndrome de Gilbert e outras formas de hiperbilirrubinemia, resultando em níveis elevados de bilirrubina no sangue.

Estudo de referência: PMC6286431

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SISTEMA DETOX E REPARO CELULAR****Seus resultados****GENE: SOD2****SNP: rs4\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GG****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Risco normal de fibrose na doença hepática gordurosa não alcoólica. Risco reduzido de toxicidade medicamentosa ao tomar ácido valpróico.

O gene SOD2 codifica a superóxido dismutase 2, uma enzima que protege as mitocôndrias dos danos causados por radicais livres, especialmente o ânion superóxido. A SOD2 converte o superóxido em oxigênio e peróxido de hidrogênio, ajudando a prevenir danos oxidativos nas células. Variantes nesse gene estão associadas a um maior risco de doenças relacionadas ao estresse oxidativo, como doenças cardiovasculares e neurodegenerativas.

Estudo de referência: PMID: 26922413

**GENE: XPC****SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GG****CLASSIFICAÇÃO: Ruim****RISCO:** Aumento dos adutos de DNA (marcador de risco para câncer) com exposição à aflatoxina B1. Aumento do risco relativo de câncer de fígado com exposição à aflatoxina B1.

O gene XPC codifica uma proteína envolvida no reparo do DNA, especificamente na reparação por excisão de nucleotídeos (NER), que remove danos no DNA causados por agentes como a radiação UV. O XPC reconhece e inicia o reparo de lesões no DNA, protegendo as células de mutações que podem levar ao câncer. Mutações no gene XPC estão associadas a xeroderma pigmentoso, uma condição que aumenta significativamente o risco de câncer de pele devido à incapacidade de reparar danos causados pelo sol.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

As aflatoxinas são produzidas por algumas espécies diferentes de *Aspergillus*. Existem vários tipos de aflatoxinas, sendo a aflatoxina B1 uma das mais tóxicas e cancerígenas. As aflatoxinas são frequentemente encontradas em produtos de amendoim e no leite de vacas alimentadas com grãos contaminados. A aflatoxina B1 também é encontrada no óleo de semente de algodão.

Estudo de referência: PMID: 25785113

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INFLAMAÇÃO**

**Seus resultados**

## **092 - PAINEL VERSA | INFLAMAÇÃO - CITOCINAS INFLAMATÓRIAS**

A inflamação é uma resposta natural do sistema imunológico a lesões, infecções ou irritações. Ela ocorre para proteger o corpo, promovendo a reparação dos tecidos e combatendo patógenos. A inflamação aguda, de curta duração, é essencial para a cura, caracterizada por sintomas como inchaço, vermelhidão, dor e calor. No entanto, a inflamação crônica, que persiste por longos períodos, pode ser prejudicial, contribuindo para o desenvolvimento de doenças como artrite, doenças cardíacas e diabetes. Fatores como dieta, estresse e predisposição genética podem influenciar o nível de inflamação no corpo, tornando o manejo da inflamação essencial para a saúde geral.

## **Genes Analisados**

**IL6, IL13, IL10, TNF, TNFRSF1A, IL17A, IL1B, TNFRSF1B, CXCL8, IL2, CIAS1,**

### **Relação Genética**

A genética influencia a resposta inflamatória do corpo, regulando como o sistema imunológico reage a lesões e infecções. Variantes em genes como o IL6 e o TNF, que codificam citocinas inflamatórias, podem afetar a intensidade e a duração da inflamação, predispondo algumas pessoas a respostas inflamatórias exageradas ou crônicas. Essas variações genéticas podem aumentar o risco de doenças inflamatórias, como artrite reumatoide, doenças cardíacas e diabetes. Entender a relação genética com a inflamação ajuda a personalizar estratégias de prevenção e tratamento, como ajustes na dieta e no estilo de vida, para controlar a inflamação de maneira eficaz.

### **Como analisar os resultados?**

Este painel avalia genes que codificam citocinas pró e anti-inflamatórias. Alterações em IL6, TNF e NLRP3, por exemplo, podem levar a uma resposta inflamatória exacerbada e maior risco de doenças crônicas. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam predisposição a inflamação sistêmica aumentada. Nestes casos, recomenda-se uma alimentação anti-inflamatória, prática regular de atividade física e, se necessário, o uso de compostos como cúrcuma, ômega-3 e quercetina.



<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17654831/>

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INFLAMAÇÃO**

**Seus resultados**

**GENE: CIAS1**

**SNP: rs3\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco reduzido de exacerbação da resposta inflamatória.

O gene CIAS1, também conhecido como NLRP3, codifica a proteína Cryopyrin, que desempenha um papel central no sistema imunológico, especificamente na resposta inflamatória. A Cryopyrin é um componente do inflamassoma, um complexo proteico que detecta padrões moleculares associados a patógenos e danos celulares. Quando ativado, o inflamassoma NLRP3 promove a ativação de caspase-1, uma enzima que, por sua vez, induz a produção de citocinas inflamatórias, como IL-1 $\beta$  e IL-18, que são essenciais para a defesa contra infecções.

Estudo de referência: PMID: 26535712

**GENE: TNF**

**SNP: rs1\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GA**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Níveis mais altos de TNF-alfa. Aumento da sinalização inflamatória. Aumento do risco de problemas no tendão de Aquiles e problemas no tendão do joelho.

O gene TNF codifica o fator de necrose tumoral alfa (TNF- $\alpha$ ), uma citocina pró-inflamatória que desempenha um papel crucial na regulação da resposta imune e inflamatória. O TNF- $\alpha$  é produzido principalmente por células do sistema imunológico, como macrófagos e linfócitos, em resposta a infecções, lesões ou outros estímulos inflamatórios. Ele ajuda a coordenar a eliminação de células infectadas ou danificadas e a ativar outras células imunes. No entanto, níveis excessivos de TNF- $\alpha$  estão associados a doenças inflamatórias crônicas, como artrite reumatoide, doença inflamatória intestinal e psoríase. O equilíbrio da atividade do TNF é essencial para manter a saúde do sistema imunológico sem causar danos aos tecidos.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

Níveis aumentado de TNF estão associados ao aumento no risco de colite ulcerativa, doença celíaca no caso de HLA positivo, choque séptico, úlceras de pé diabético, asma, tireoidite de Hashimoto, infecções de pele, periodontite, DPOC, acidente vascular cerebral, doença gengival, doença cardíaca, pólipos nasais.

Estudo de referência: PMID 33985554

Nome: Modelo Versa Essencial

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo

[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)

[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

### Categoria no resumo: INFLAMAÇÃO

### Seus resultados

**GENE:** TNF

**SNP:** rs3\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** GG

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

**RISCO:** Níveis normais de TNF-alfa. Sinalização inflamatória normal.

O gene TNF codifica o fator de necrose tumoral alfa (TNF- $\alpha$ ), uma citocina pró-inflamatória que desempenha um papel crucial na regulação da resposta imune e inflamatória. O TNF- $\alpha$  é produzido principalmente por células do sistema imunológico, como macrófagos e linfócitos, em resposta a infecções, lesões ou outros estímulos inflamatórios. Ele ajuda a coordenar a eliminação de células infectadas ou danificadas e a ativar outras células imunes. No entanto, níveis excessivos de TNF- $\alpha$  estão associados a doenças inflamatórias crônicas, como artrite reumatoide, doença inflamatória intestinal e psoríase. O equilíbrio da atividade do TNF é essencial para manter a saúde do sistema imunológico sem causar danos aos tecidos.

Estudo de referência: PMID: 28633686

**GENE:** TNF

**SNP:** rs1\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** TT

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

**RISCO:** Níveis normais de TNF-alfa. Sinalização inflamatória normal.

Risco normal de hiperinflamação na COVID-19.

O gene TNF codifica o fator de necrose tumoral alfa (TNF- $\alpha$ ), uma citocina pró-inflamatória que desempenha um papel crucial na regulação da resposta imune e inflamatória. O TNF- $\alpha$  é produzido principalmente por células do sistema imunológico, como macrófagos e linfócitos, em resposta a infecções, lesões ou outros estímulos inflamatórios. Ele ajuda a coordenar a eliminação de células infectadas ou danificadas e a ativar outras células imunes. No entanto, níveis excessivos de TNF- $\alpha$  estão associados a doenças inflamatórias crônicas, como artrite reumatoide, doença inflamatória intestinal e psoríase. O equilíbrio da atividade do TNF é essencial para manter a saúde do sistema imunológico sem causar danos aos tecidos.

Estudo de referência: PMID: 28584644

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INFLAMAÇÃO****Seus resultados****GENE: TNFRSF1A****RISCO:** Normal, melhor resposta a medicamentos anti-TNF.**SNP: rs1\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TT****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene TNFRSF1A codifica o receptor de fator de necrose tumoral alfa (TNF-a) tipo 1. Este receptor desempenha um papel crucial na mediação das respostas inflamatórias e na apoptose (morte celular programada). Quando o TNF-a se liga ao seu receptor, ele ativa diversas vias de sinalização que regulam a inflamação, a sobrevivência celular e a resposta imune. Alterações no gene TNFRSF1A estão associadas a várias doenças inflamatórias e autoimunes, incluindo artrite reumatoide e doença de Crohn.

Estudo de referência: PMID: 19525953

**GENE: TNFRSF1A****RISCO:** Sinalização inflamatória normal.**SNP: rs7\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TT****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene TNFRSF1A codifica o receptor de fator de necrose tumoral alfa (TNF-a) tipo 1. Este receptor desempenha um papel crucial na mediação das respostas inflamatórias e na apoptose (morte celular programada). Quando o TNF-a se liga ao seu receptor, ele ativa diversas vias de sinalização que regulam a inflamação, a sobrevivência celular e a resposta imune. Alterações no gene TNFRSF1A estão associadas a várias doenças inflamatórias e autoimunes, incluindo artrite reumatoide e doença de Crohn.

Estudo de referência: PMID: 30815272

Nome: Modelo Versa Essencial

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INFLAMAÇÃO**

**Seus resultados**

**GENE: TNFRSF1B**

**RISCO:** Sinalização inflamatória aumentada.

**SNP:** rs1\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** TG

**CLASSIFICAÇÃO:** Regular

O gene TNFRSF1B codifica o receptor de fator de necrose tumoral alfa (TNF- $\beta$ ) tipo 2, que desempenha um papel importante na regulação da resposta imune e inflamatória. Este receptor se liga ao fator de necrose tumoral alfa (TNF- $\alpha$ ), uma citocina pró-inflamatória que é crucial para a resposta imunológica a infecções e lesões. A ativação do TNFRSF1B promove a apoptose (morte celular programada) e a ativação de vias de sinalização que regulam a inflamação e a sobrevivência celular. Além disso, o receptor TNFRSF1B está envolvido na modulação da atividade de outras células imunes, como linfócitos e macrófagos. Alterações ou variantes no gene TNFRSF1B têm sido associadas a diversas condições inflamatórias e autoimunes.

Estudo de referência: PMID: 30472484

**GENE: IL6**

**RISCO:** Normal, sem alelos de risco. Risco normal de inflamação.

**SNP:** rs1\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** AA

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

O gene IL6 codifica a interleucina-6, uma citocina multifuncional que desempenha um papel vital na resposta inflamatória e na imunidade. A IL-6 é produzida por várias células, incluindo macrófagos, adipócitos e células musculares, em resposta a infecções e lesões. Ela está envolvida na ativação de células T e na produção de anticorpos, além de regular a produção de proteínas de fase aguda no fígado. Níveis elevados de IL-6 estão associados a várias condições inflamatórias e crônicas, como artrite reumatoide, doenças cardiovasculares e síndrome metabólica.

Estudo de referência: PMID: 38067150

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INFLAMAÇÃO****Seus resultados**

**GENE: IL6**  
**SNP: rs1\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Redução dos níveis de IL-6, risco reduzido de inflamação.  
Risco reduzido de hiperinflamação na COVID-19.

O gene IL6 codifica a interleucina-6, uma citocina multifuncional que desempenha um papel vital na resposta inflamatória e na imunidade. A IL-6 é produzida por várias células, incluindo macrófagos, adipócitos e células musculares, em resposta a infecções e lesões. Ela está envolvida na ativação de células T e na produção de anticorpos, além de regular a produção de proteínas de fase aguda no fígado. Níveis elevados de IL-6 estão associados a várias condições inflamatórias e crônicas, como artrite reumatoide, doenças cardiovasculares e síndrome metabólica.

**O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:**

No esporte, este genótipo favorece o desempenho em atividades de longa distância/duração [PMID 19853505].

Estudo de referência: PMID: 37023437, 17286759

**GENE: IL6**  
**SNP: rs1\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**  
**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Produção de IL6 aumentada. Maior risco de resposta inflamatória exacerbada. Maior risco de depressão (neuroinflamação). Risco aumentado de hiperinflamação na COVID-19.

O gene IL6 codifica a interleucina-6, uma citocina multifuncional que desempenha um papel vital na resposta inflamatória e na imunidade. A IL-6 é produzida por várias células, incluindo macrófagos, adipócitos e células musculares, em resposta a infecções e lesões. Ela está envolvida na ativação de células T e na produção de anticorpos, além de regular a produção de proteínas de fase aguda no fígado. Níveis elevados de IL-6 estão associados a várias condições inflamatórias e crônicas, como artrite reumatoide, doenças cardiovasculares e síndrome metabólica.

Estudo de referência: PMID: 36239635

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INFLAMAÇÃO****Seus resultados****GENE: IL17A****RISCO:** Risco normal de quadros inflamatórios.**SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GG****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene IL17A codifica a interleucina-17A, uma citocina produzida principalmente por células T helper 17 (Th17). A IL-17A desempenha um papel importante na resposta imune contra infecções fúngicas e bacterianas, promovendo a inflamação e recrutando células imunes para os locais de infecção. No entanto, a produção excessiva de IL-17A está associada a doenças autoimunes e inflamatórias, como artrite reumatoide, psoríase e esclerose múltipla.

Estudo de referência: PMID: 28069745, 26339129 [Periodontite], 28186427 [Intestino], 30393475 [Asma].

**GENE: IL17A****RISCO:** Sinalização inflamatória de IL17A normal.**SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene IL17A codifica a interleucina-17A, uma citocina produzida principalmente por células T helper 17 (Th17). A IL-17A desempenha um papel importante na resposta imune contra infecções fúngicas e bacterianas, promovendo a inflamação e recrutando células imunes para os locais de infecção. No entanto, a produção excessiva de IL-17A está associada a doenças autoimunes e inflamatórias, como artrite reumatoide, psoríase e esclerose múltipla.

Estudo de referência: PMID: 28069745

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INFLAMAÇÃO****Seus resultados**

**GENE: IL1B** **RISCO:** Risco normal de gengivite.  
**SNP: rs1\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: GG**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene IL1B codifica a interleucina-1 beta, uma citocina pró-inflamatória que desempenha um papel crucial na resposta imune e na regulação da inflamação. A IL-1 $\beta$  é produzida em resposta a patógenos e lesões, promovendo a inflamação, a febre e a ativação de células T e B. Níveis elevados de IL-1 $\beta$  estão associados a diversas condições inflamatórias, como artrite, doenças autoimunes e infecções.

Estudo de referência: PMID 10863964

**GENE: CXCL8** **RISCO:** Possivelmente sinalização de IL8 normal, risco normal de  
**SNP: rs4\*\*\*\*\*** periodontite.  
**SEUS ALELOS: AT**  
**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene CXCL8, também conhecido como interleucina-8 (IL-8), codifica uma quimiocina que desempenha um papel fundamental na quimiotaxia de neutrófilos e outras células imunes. A IL-8 é produzida em resposta a infecções e inflamação, atraindo células imunes para os locais de inflamação e ajudando na resposta imune. A produção excessiva de IL-8 está associada a várias condições inflamatórias e a doenças crônicas, como asma e doenças inflamatórias intestinais.

Estudo de referência: PMID 21091348

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INFLAMAÇÃO****Seus resultados**

**GENE: IL2** **RISCO:** Possivelmente risco normal de periodontite crônica.  
**SNP: rs2\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: CA**  
**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene IL2 codifica a interleucina-2, uma citocina essencial para a proliferação e ativação de células T. A IL-2 é produzida principalmente por células T ativadas e desempenha um papel crucial na regulação da resposta imune, promovendo a sobrevivência e a expansão clonal de células T, além de estimular células B e células NK. A produção de IL-2 é vital para a resposta imune adaptativa e para a defesa contra infecções.

Estudo de referência: PMID 19453859

**GENE: IL10** **RISCO:** Expressão de citocina anti-inflamatória IL-10 normal. Risco normal/aumentado de condições inflamatórias. Chances aumentadas de doença gengival.  
**SNP: rs1\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: TC**  
**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene IL10 codifica a interleucina-10, uma citocina anti-inflamatória que desempenha um papel importante na regulação da resposta imune e na manutenção da homeostase. A IL-10 é produzida por várias células, incluindo células T reguladoras, e inibe a produção de citocinas pró-inflamatórias, reduzindo a inflamação e a atividade das células imunes. A IL-10 é essencial para prevenir respostas autoimunes e controlar a inflamação crônica.

Estudo de referência: PMID: 16171432

Nome: Modelo Versa Essencial  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Essencial Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INFLAMAÇÃO****Seus resultados****GENE: IL13****SNP: rs1\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Risco normal de mastocitose sistêmica. Risco normal de rinite e asma.

O gene IL13 codifica a interleucina-13, uma citocina produzida principalmente por células T helper 2 (Th2) que desempenha um papel importante na regulação das respostas alérgicas e na inflamação. A IL-13 está envolvida na ativação de células B, na produção de anticorpos e na regulação da resposta inflamatória em tecidos, especialmente em doenças alérgicas como asma e rinite alérgica. Variantes no gene IL13 têm sido associadas a um risco aumentado de doenças alérgicas e inflamatórias.

Estudo de referência: PMID 19178408 [Mastocitose sistêmica], PMID 20484924 [Rinite e asma]

# VERSAGENE

UM ÚNICO TESTE. TODOS OS RESULTADOS

Conheça nossa linha de suplementos

Peça já em [versagene.com.br](http://versagene.com.br)



## Fale conosco

(11) 94755-5659

@versagenedna

[www.versagene.com.br](http://www.versagene.com.br)

[contato@versagene.com.br](mailto:contato@versagene.com.br)

## Complemente seus resultados!

