

**VERSAGENE**

UM ÚNICO TESTE. TODOS OS RESULTADOS



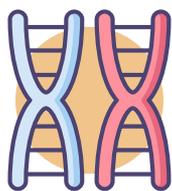
**PAINEL  
VERSA FULL  
RESULTADOS • RELATÓRIO COMPLETO**



### 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!

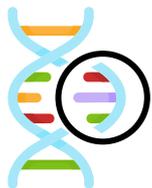


De forma simplificada, você herdou 23 cromossomos do seu pai e 23 cromossomos da sua mãe. Os cromossomos são enumerados de 1 a 22 + o cromossomo sexual, X ou Y.

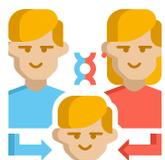
Cada cromossomo no DNA contém sempre os mesmos genes.



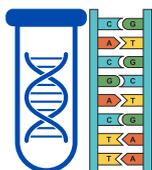
Sendo assim, para todos os genes (exceto os genes dos cromossomos sexuais que seguem regras variáveis), você sempre terá uma cópia herdada do seu pai e uma cópia herdada da sua mãe.



**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!



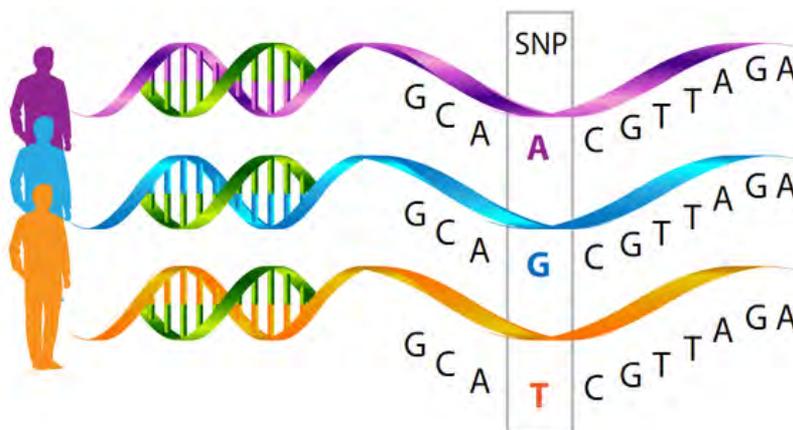
### CONHEÇA SEU DNA

#### 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

[contato@versagene.com.br](mailto: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: rs15\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: GERENCIAMENTO DO PESO CORPORAL

Seus resultados

**GENE:** FTO

**SNP:** rs37\*\*\*\*\*

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

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

**Seus resultados**

**GENE: UCP1**

**SNP: rs65\*\*\*\*\***

**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: rs18\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: GERENCIAMENTO DO PESO CORPORAL

Seus resultados

**GENE: MC4R**

**SNP: rs22\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

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

**Seus resultados**

**GENE: MC4R**

**SNP: rs12\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GA**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Tendência à circunferência da cintura aumentada.

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**

**SNP: rs15\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Níveis mais baixos de adiponectina na maioria das populações. Possivelmente maior risco de resistência à insulina.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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: rs16\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

[contato@versagene.com.br](mailto: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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

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

**Seus resultados**

**GENE: LEPR**

**SNP: rs11\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

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

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\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

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

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

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

**Seus resultados**

**GENE: LEPR**

**SNP: rs20\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

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

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: rs46\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

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

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: CONTROLE DO APETITE E SACIEDADE

Seus resultados

**GENE: GHSR**

**SNP: rs57\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

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

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

[contato@versagene.com.br](mailto: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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

## Categoria no resumo: METABOLISMO DE GORDURAS

## Seus resultados

**GENE: APOA2**

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

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de obesidade e/ou hipercolesterolemia.

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**

**SNP: rs79\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de síndrome metabólica.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: METABOLISMO DE GORDURAS

## Seus resultados

**GENE: FADS1**

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

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

[contato@versagene.com.br](mailto: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: rs28\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

[contato@versagene.com.br](mailto: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: rs28\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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:** rs29\*\*\*\*\*

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: METABOLISMO DE CARBOIDRATOS

## Seus resultados

**GENE: SLC2A2**

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

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Consumo normal de açúcar.

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**

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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**

**GENE: GIPR**

**SNP: rs22\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

[contato@versagene.com.br](mailto: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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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: rs29\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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**

**SNP: rs79\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de síndrome metabólica.

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**

**SNP: rs12\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GT**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

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

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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****SNP: rs79\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GG****CLASSIFICAÇÃO: Ruim****RISCO:** Risco muito aumentado (3,2 vezes) de diabetes tipo 2.

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****SNP: rs11\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Ruim****RISCO:** Risco muito aumentado de diabetes tipo 2.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

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

**Seus resultados**

**GENE: PNPLA3**

**SNP: rs73\*\*\*\*\***

**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: rs58\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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

**GENE: CYP2E1**

**SNP: rs20\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de esteatose hepática alcoólica.

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**

**SNP: rs22\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de esteatose hepática não alcoólica.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: METABOLISMO DA CAFEÍNA

## Seus resultados

**GENE: CYP1A2**

**SNP: rs76\*\*\*\*\***

**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: rs57\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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

**GENE: ADORA2A**

**RISCO:** Risco normal de ansiedade com o consumo de cafeína.

**SNP: rs22\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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**

**GENE: ADH1B**

**SNP: rs12\*\*\*\*\***

**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: rs20\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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: TAS2R38**

**SNP: rs71\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Capaz de perceber o sabor amargo no brócolis.

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**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Capaz de perceber o sabor amargo no brócolis.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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: rs84\*\*\*\*\***

**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: rs97\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

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

### Seus resultados

**GENE:** MTHFR

**SNP:** rs18\*\*\*\*\*

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

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

### Seus resultados

**GENE: MTRR**

**SNP: rs18\*\*\*\*\***

**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: rs52\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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**

**GENE: TCN2**

**SNP: rs96\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AG**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Possivelmente níveis reduzidos de vitamina B12.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

[contato@versagene.com.br](mailto: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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

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

**Seus resultados**

**GENE: FMO3**

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

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Função normal de FMO3.

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**

**SNP: rs22\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GA**

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

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

**Seus resultados**

**GENE: FMO3**

**SNP: rs22\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

[contato@versagene.com.br](mailto: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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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:** rs12\*\*\*\*\*

**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:** rs16\*\*\*\*\*

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: METABOLISMO DA BIOTINA**

**Seus resultados**

**GENE: BTD**

**SNP: rs13\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GC**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

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

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: rs13\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

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

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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**

**GENE: BTB**

**SNP: rs34\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

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

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\_001370658.1(BTB):c.73G>A (p.Gly25Arg)

**GENE: BTB**

**SNP: rs28\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

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

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\_001370658.1(BTB):c.695A>G (p.Asp232Gly)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

[contato@versagene.com.br](mailto: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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

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

**Seus resultados**

**GENE: MTHFD1**

**SNP: rs22\*\*\*\*\***

**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-tetrahidrofolato, 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

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

**Seus resultados**

**GENE: CHKA**

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

**SEUS ALELOS: CA**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Redução da conversão de metionina em fosfatidilcolina.

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**

**SNP: rs37\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Conversão normal de colina em betaína.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

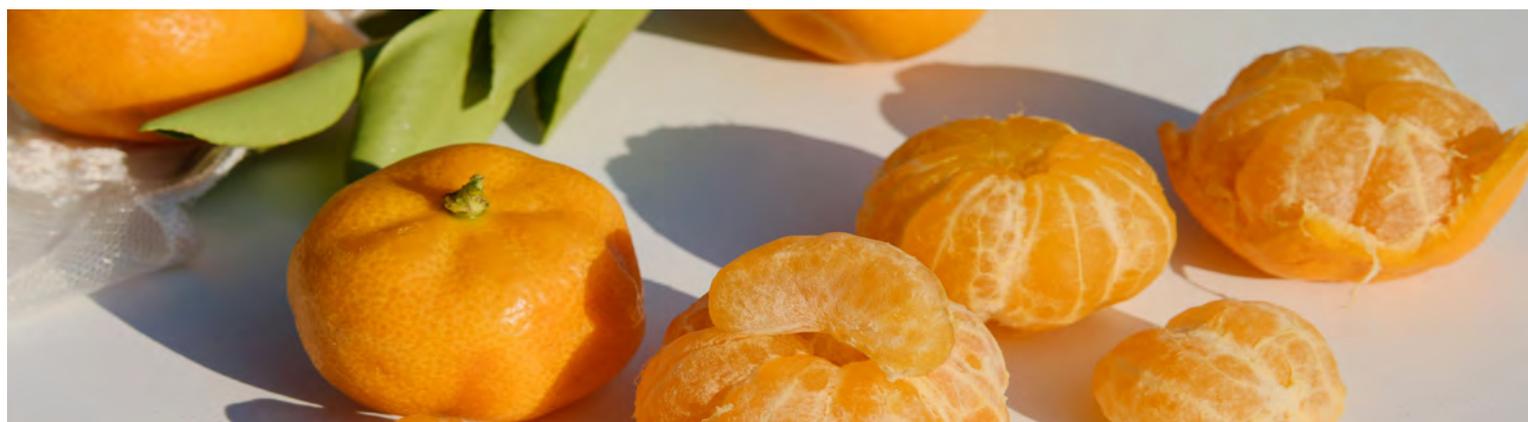
**SLC23A1,**

### **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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

[contato@versagene.com.br](mailto: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: rs33\*\*\*\*\***

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

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

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

**Seus resultados**

**GENE: CYP2R1**

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

**SEUS ALELOS: AG**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Risco aumentado de insuficiência ou deficiência de vitamina D.

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**

**SNP: rs20\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AG**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Níveis normais de vitamina D.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

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

**Seus resultados**

**GENE: CYP2R1**

**SNP: rs15\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CT**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Níveis possivelmente normais de vitamina D.

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**

**SNP: rs11\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Níveis normais de vitamina D.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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:** rs22\*\*\*\*\*

**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 fósforo 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 fósforo 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

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

### Seus resultados

**GENE: VDR-Taql**

**SNP: rs73\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Níveis reduzidos de vitamina D.

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**

**SNP: rs15\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: RISCO DE DEFICIÊNCIA DE VITAMINA A

Seus resultados

**GENE:** BCMO1

**SNP:** rs75\*\*\*\*\*

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

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

**Seus resultados**

**GENE: BCMO1**

**SNP: rs65\*\*\*\*\***

**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: rs64\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

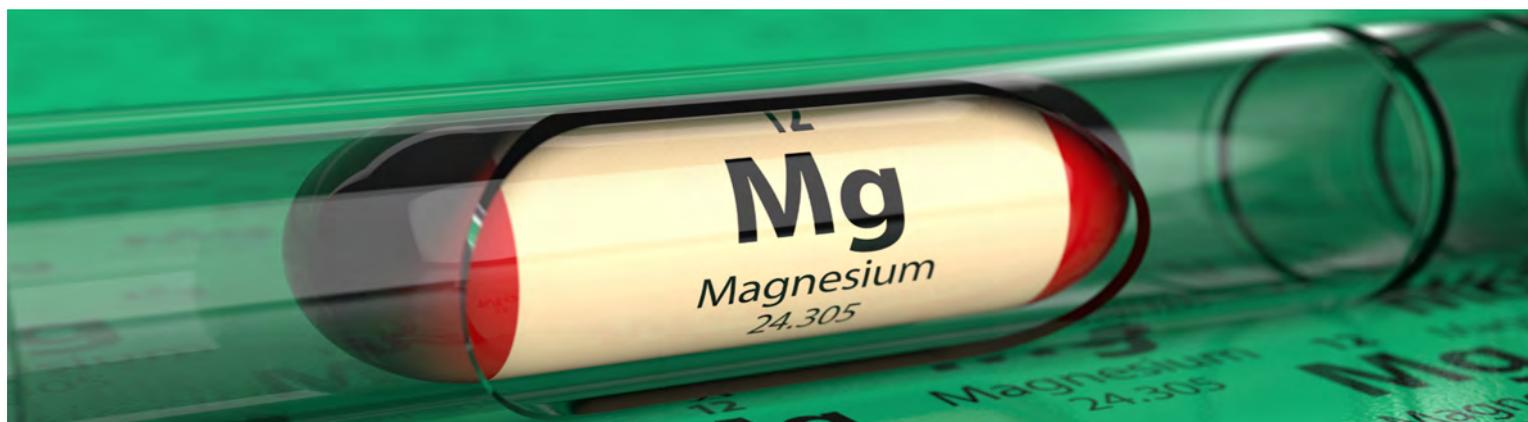
**UST, TRPM6,**

### **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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

### Categoria no resumo: NÍVEIS SÉRICOS DE MAGNÉSIO

### Seus resultados

**GENE:** UST

**SNP:** rs37\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** CC

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

**RISCO:** Risco reduzido de deficiência de magnésio.

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

**SNP:** rs22\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** TT

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

**RISCO:** Risco reduzido de deficiência de magnésio.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

## Categoria no resumo: NÍVEIS SÉRICOS DE MAGNÉSIO

## Seus resultados

**GENE:** TRPM6

**SNP:** rs12\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** GG

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

**RISCO:** Risco normal/reduzido de deficiência de magnésio.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

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

**Seus resultados**

**GENE: CA1**

**SNP: rs15\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AG**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Tendência de nível sérico de zinco levemente aumentado.

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**

**SNP: rs18\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Transporte normal de zinco.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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: rs11\*\*\*\*\***

**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: rs13\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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**

**GENE: SLC30A8**

**SNP: rs11\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

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

**Seus resultados**

**GENE: SEP15**

**SNP: rs56\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CT**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Tendência de selênio sérico normal (mais baixo).

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**

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

**SEUS ALELOS: GA**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Menor atividade da enzima GPX; aumento do risco de câncer de mama.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: INTOLERÂNCIA À LACTOSE

## Seus resultados

**GENE:** LCT

**SNP:** rs49\*\*\*\*\*

**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:** rs18\*\*\*\*\*

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

### Categoria no resumo: INTOLERÂNCIA AO GLÚTEN

### Seus resultados

**GENE: HLA-DQ2.5**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de doença autoimune (doença celíaca, lúpus).

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**

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

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de doença celíaca.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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**

**GENE: HLA-DQ2.2**

**SNP: rs47\*\*\*\*\***

**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: rs23\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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

**GENE:** HLA-DQ2.2

**RISCO:** Negativo para HLA-DQ2.2.

**SNP:** rs77\*\*\*\*\*

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INTOLERÂNCIA À HISTAMINAS**

**Seus resultados**

**GENE: AOC1**

**SNP: rs20\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Degradação normal de histaminas.

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**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Degradação normal de histaminas.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: INTOLERÂNCIA À HISTAMINAS

## Seus resultados

**GENE:** AOC1

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

**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:** rs20\*\*\*\*\*

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

### Categoria no resumo: INTOLERÂNCIA À HISTAMINAS

### Seus resultados

**GENE: HNMT**

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

**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: rs11\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: INTOLERÂNCIA À HISTAMINAS

## Seus resultados

**GENE:** HDC

**SNP:** rs20\*\*\*\*\*

**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:** rs90\*\*\*\*\*

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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**

**GENE: SLC22A4**

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

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

[contato@versagene.com.br](mailto: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, 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

## Categoria no resumo: SÍNDROME DO INTESTINO IRRITÁVEL

## Seus resultados

**GENE: SI**

**SNP: rs92\*\*\*\*\***

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

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

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

**Seus resultados**

**GENE: HTR3A**

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

**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-HT3), 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-HT3 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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**

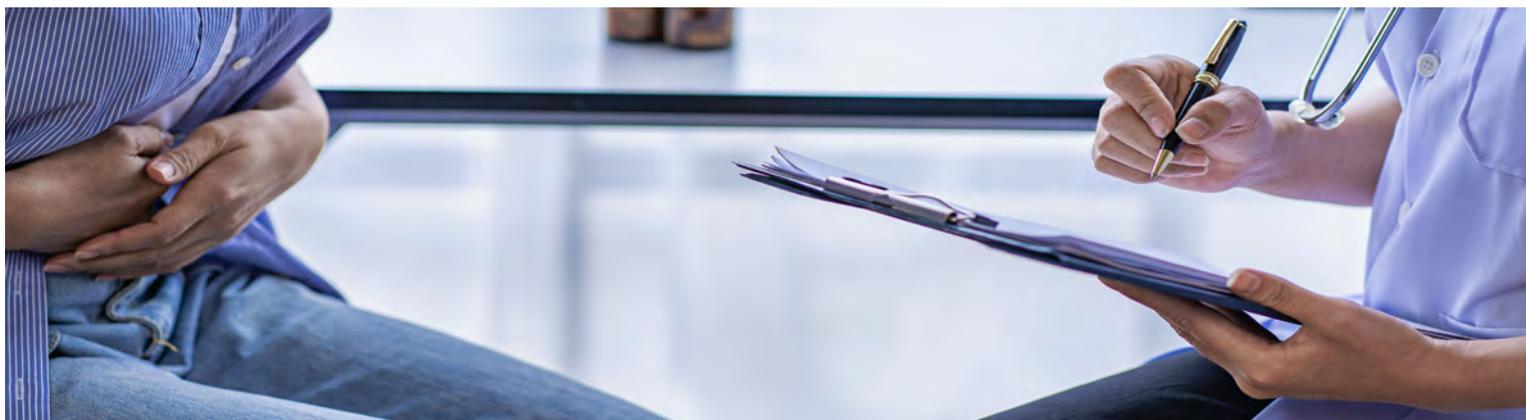
**ATG16L1, NOD2,**

### **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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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**

**GENE: NOD2**

**SNP: rs20\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de doença de Crohn.

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**

**SNP: rs20\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de doença inflamatória intestinal.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: RISCO DE DOENÇA INFLAMATÓRIA INTESTINAL

Seus resultados

**GENE: ATG16L1**

**SNP: rs22\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CÂNCER DE INTESTINO E CARNE VERMELHA**

**Seus resultados**

### **054.2 - PAINEL VERSA | GASTROINTESTINAL - RISCO DE CÂNCER DE INTESTINO**

O consumo excessivo de carnes vermelhas e processadas está associado a um maior risco de desenvolver câncer de intestino, ou câncer colorretal. Substâncias presentes nas carnes, como compostos nitrogenados e aminas heterocíclicas, formados durante o cozimento em altas temperaturas, podem danificar o DNA das células intestinais, aumentando o risco de mutações que levam ao câncer. Além disso, dietas ricas em carnes processadas, como bacon e salsichas, podem aumentar a inflamação e promover o crescimento de tumores no intestino. Para reduzir o risco, recomenda-se limitar o consumo de carnes vermelhas, adotar uma dieta rica em fibras e incluir frutas, vegetais e grãos integrais.

## **Genes Analisados**

**AHR, GATA3,**

### **Relação Genética**

A genética pode influenciar a suscetibilidade ao câncer de intestino, especialmente em pessoas que consomem grandes quantidades de carnes vermelhas e processadas. Variantes em genes envolvidos na reparação do DNA podem aumentar o risco de mutações em células intestinais causadas por compostos carcinogênicos presentes em carnes processadas. Além disso, pessoas com predisposições genéticas, como a síndrome de Lynch, têm um risco maior de desenvolver câncer colorretal, e o consumo de carnes vermelhas pode exacerbar esse risco. A compreensão dessas interações entre genética e dieta ajuda na prevenção e no rastreamento precoce do câncer de intestino.

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

Este painel avalia genes relacionados à resposta a toxinas e compostos carcinogênicos liberados no preparo de carnes vermelhas. Alterações em AHR e GATA3 podem reduzir a capacidade de desintoxicação intestinal, aumentando o risco de lesões no cólon quando o consumo de carne vermelha é elevado. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior sensibilidade. Nestes casos, recomenda-se reduzir a frequência de carnes vermelhas, evitar preparações grelhadas ou defumadas e incluir vegetais crucíferos na dieta.



[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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: CÂNCER DE INTESTINO E CARNE VERMELHA**

**Seus resultados**

**GENE: GATA3**

**SNP: rs41\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TG**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Aumento de 20% no risco de câncer de cólon com o alto consumo de carne processada.

O gene GATA3 codifica um fator de transcrição que desempenha um papel crucial na regulação do desenvolvimento e da função do sistema imunológico, especialmente na diferenciação das células T auxiliares (Th2). Essas células são importantes na resposta imune contra parasitas e na regulação de respostas alérgicas. Além de seu papel no sistema imunológico, o GATA3 também está envolvido no desenvolvimento de vários tecidos, incluindo as glândulas mamárias e o sistema nervoso. Alterações no gene GATA3 podem influenciar a resposta imune e estão associadas a doenças alérgicas, autoimunes e alguns tipos de câncer, como o câncer de mama.

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

Se você carrega os alelos de risco nesta variante, especialmente se você tem um histórico familiar de câncer de cólon, considere reduzir ou eliminar carnes processadas de sua dieta.

Estudo de referência: PMID 24743840

**GENE: AHR**

**SNP: rs20\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GA**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Aumento do risco de pólipos colorretais com alto consumo de carne.

O gene AHR codifica o receptor de hidrocarboneto arila, uma proteína que regula a resposta celular a compostos ambientais, como toxinas e poluentes, incluindo dioxinas. Quando esses compostos se ligam ao receptor AHR, ele é ativado e transloca para o núcleo da célula, onde modula a expressão de genes envolvidos no metabolismo de xenobióticos, desintoxicação e regulação do ciclo celular. Além de sua função na resposta a substâncias químicas, o AHR também desempenha um papel na regulação do desenvolvimento do sistema imunológico e na resposta inflamatória. Alterações no gene AHR podem influenciar a sensibilidade a toxinas e o risco de doenças relacionadas à exposição ambiental, como câncer e distúrbios imunológicos.

Estudo de referência: PMC2572782

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: PERFIL ESPORTIVO E TIPO DE FIBRA MUSCULAR**

**Seus resultados**

**GENE: ACTN3**

**SNP: rs18\*\*\*\*\***

**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: rs11\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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**

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

[contato@versagene.com.br](mailto: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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

## Categoria no resumo: PRODUÇÃO DE ENERGIA MUSCULAR

## Seus resultados

**GENE: AMPD1**

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

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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**

**GENE: PPAR-Delta**

**SNP: rs22\*\*\*\*\***

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

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RESISTÊNCIA AO EXERCÍCIO AERÓBICO**

**Seus resultados**

**GENE: VEGFA**

**SNP: rs20\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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**

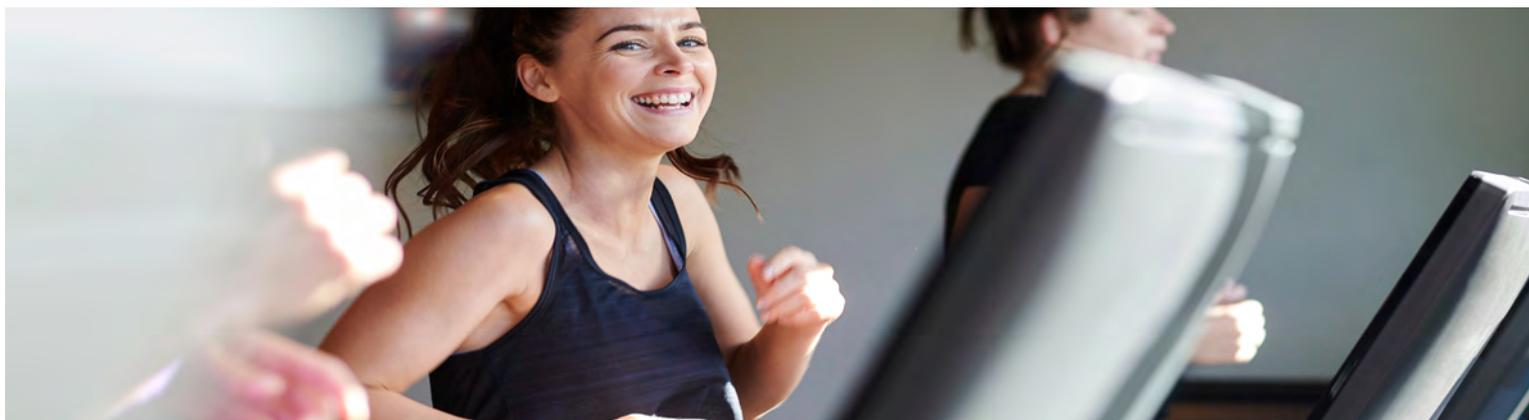
**PPARGC1A,**

### **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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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

**GENE: PPARGC1A**

**RISCO:** Aumento da aptidão cardiorrespiratória.

**SNP: rs81\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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.sportllux.com.br/>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24101675/>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: DOR MUSCULAR TARDIA

Seus resultados

**GENE: SLC30A8**

**SNP: rs13\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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-usefulpredictor-for-physical-fitness-and-muscle-fatigue\\_1/links/5a9c867d45851586a2ae3191/mct1-polymorphism-among-egyptian-children-and-adolescents-as-a-usefulpredictor-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-usefulpredictor-for-physical-fitness-and-muscle-fatigue_1/links/5a9c867d45851586a2ae3191/mct1-polymorphism-among-egyptian-children-and-adolescents-as-a-usefulpredictor-for-physical-fitness-and-muscle-fatigue-1.pdf)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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

**GENE: CKM**

**SNP: rs11\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Níveis normais de creatina quinase.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

[contato@versagene.com.br](mailto: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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: PRODUÇÃO DE MIOSTATINA**

**Seus resultados**

**GENE: MSTN**

**SNP: rs180\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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**

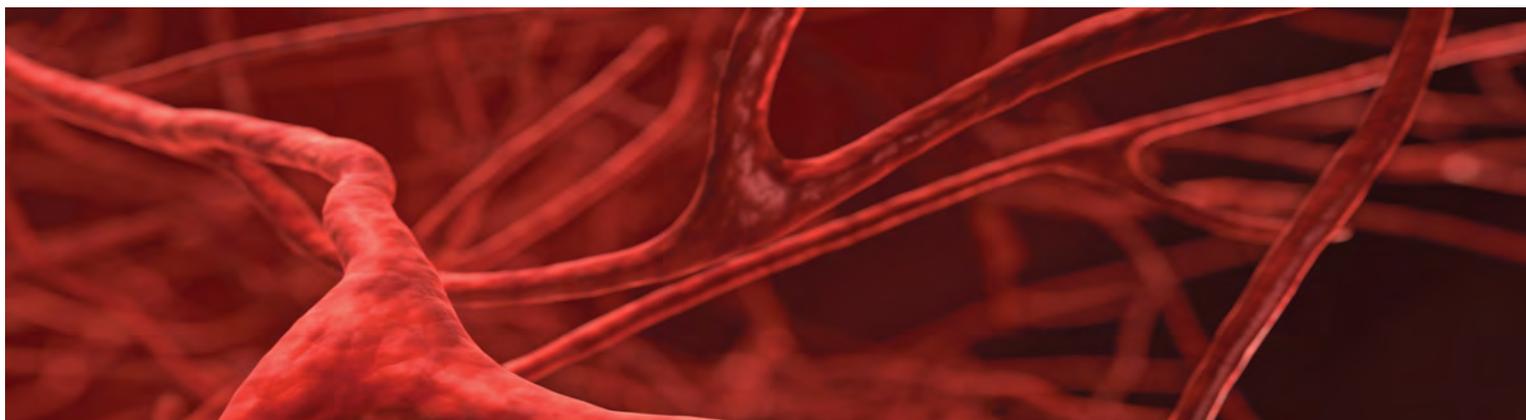
**NOS3,**

### **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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: PRODUÇÃO DE ÓXIDO NÍTRICO E VASODILATAÇÃO**

**Seus resultados**

**GENE: NOS3**

**SNP: rs20\*\*\*\*\***

**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: rs18\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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

**GENE:** ADRB3

**SNP:** rs4\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** AA

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

**RISCO:** Capacidade normal de perda de peso sem exercícios físicos.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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

**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 Full Mulher  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 Full Mulher  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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: rs18\*\*\*\*\*****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 Full Mulher  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 hipere extensível 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 Full Mulher  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 Full Mulher  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 doxíciclina 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 Full Mulher  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 Full Mulher  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: LESÕES ESPORTIVAS****Seus resultados****GENE: TNF****SNP: rs18\*\*\*\*\*****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: rs79\*\*\*\*\*****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 Full Mulher

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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: VDR-BsmI**

**SNP: rs15\*\*\*\*\***

**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 Full Mulher  
Data de Nascimento: 10/10/10  
ID da Amostra: 123456  
Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: DOENÇA DO DISCO LOMBAR

Seus resultados

### **068 - PAINEL VERSA | ESPORTE - RISCO DE DOENÇA DO DISCO LOMBAR**

A doença do disco lombar ocorre quando os discos intervertebrais da região lombar, responsáveis por amortecer e dar flexibilidade à coluna, sofrem desgaste ou lesões. Isso pode resultar em dor lombar, rigidez, e até compressão dos nervos, levando a sintomas como dor irradiada nas pernas (ciática), formigamento e fraqueza. A condição pode ser causada por envelhecimento, esforço repetitivo, má postura ou lesões. O tratamento inclui fisioterapia, medicamentos, e em casos graves, cirurgia. Manter um estilo de vida ativo, com exercícios de fortalecimento muscular e postura adequada, é importante para prevenir o agravamento da doença.

## **Genes Analisados**

**CILP, COL11A1, PARK2, COL2A1, COL11A2, CASP9,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel importante na predisposição à doença do disco lombar, influenciando a estrutura e a resistência dos discos intervertebrais. Variantes em genes como o COL11A1, envolvidos na produção de colágeno, podem afetar a integridade dos discos, tornando-os mais suscetíveis ao desgaste e à degeneração. Pessoas com essas variantes genéticas podem ter maior risco de desenvolver problemas lombares, mesmo com cuidados preventivos. Embora fatores como estilo de vida e atividade física também influenciem a doença, o componente genético pode determinar a vulnerabilidade individual à degeneração do disco.

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

Este painel avalia genes relacionados à integridade da cartilagem, processos degenerativos e apoptose celular. Alterações em genes como COL11A1, COL2A1 e CASP9 podem enfraquecer os discos intervertebrais, aumentando o risco de hérnia de disco ou degeneração lombar precoce. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam predisposição à doença do disco lombar. Nestes casos, é indicado manter o peso corporal adequado, fortalecer a região abdominal e evitar sobrecarga na coluna.



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5116693/>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23497244/>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2276353/>

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

Versa Full Mulher | Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: DOENÇA DO DISCO LOMBAR****Seus resultados****GENE: CILP****SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: AA****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Risco reduzido de doença do disco lombar (maior proteção).

O gene CILP codifica a proteína de ligação ao colágeno intervertebral, que é crucial para a composição e integridade das articulações intervertebrais, particularmente os discos lombares. A proteína CILP desempenha um papel importante na manutenção da matriz extracelular dos discos intervertebrais, ajudando a regular a adesão das células ao colágeno e a resiliência dos discos. Ela também participa da regulação da homeostase do tecido cartilaginoso, um componente essencial para a função adequada da coluna vertebral. Em relação à doença do disco lombar, que envolve a degeneração dos discos intervertebrais, o gene CILP tem sido implicado no processo de degradação e falha na regeneração do tecido discal.

Estudo de referência: PMID: 19569011

**GENE: PARK2****SNP: rs92\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TT****CLASSIFICAÇÃO: Bom****RISCO:** Risco normal de doença do disco lombar.

O gene PARK2 codifica a proteína Parkina, que desempenha um papel essencial no processo de degradação de proteínas danificadas por meio da via do sistema ubiquitina-proteassoma. A Parkina atua como uma ligase de ubiquitina, marcando proteínas defeituosas ou disfuncionais para serem degradadas, contribuindo para a manutenção da qualidade das proteínas nas células. Além disso, a Parkina também está envolvida na regulação da saúde mitocondrial, participando na remoção de mitocôndrias danificadas (mitofagia). Mutações no gene PARK2 estão associadas a formas familiares de Parkinson de início precoce, uma vez que a disfunção na Parkina leva ao acúmulo de proteínas e mitocôndrias danificadas.

Estudo de referência: PMC3686263

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

Versa Full Mulher | Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: DOENÇA DO DISCO LOMBAR****Seus resultados****GENE: CASP9****RISCO:** Risco normal de hérnia de disco lombar.**SNP: rs4\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TT****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene CASP9 codifica a enzima caspase-9, que desempenha um papel central na regulação da apoptose, ou morte celular programada. A caspase-9 é ativada em resposta a sinais de dano celular, como lesões no DNA ou estresse mitocondrial, iniciando a cascata de eventos que levam à destruição controlada da célula. Esse processo é essencial para o desenvolvimento, a manutenção da saúde celular e a prevenção do crescimento descontrolado de células danificadas, que poderia levar ao câncer. Mutações no gene CASP9 podem comprometer a capacidade do organismo de eliminar células defeituosas, contribuindo para o desenvolvimento de doenças, incluindo câncer e distúrbios neurodegenerativos.

Estudo de referência: PMID 23141929

**GENE: COL11A1****RISCO:** Risco normal de hérnia de disco lombar.**SNP: rs16\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GG****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene COL11A1 codifica uma das cadeias do colágeno tipo XI, uma proteína crucial para a formação e estruturação de cartilagem, ossos e outros tecidos conjuntivos. O colágeno tipo XI desempenha um papel importante na organização da matriz extracelular, garantindo a integridade e a função adequadas de tecidos como a cartilagem articular e o humor vítreo no olho. Mutações no gene COL11A1 estão associadas a condições como a síndrome de Marshall e a síndrome de Stickler, que resultam em anormalidades esqueléticas, problemas de visão e perda auditiva.

Estudo de referência: PMC2276353, PMID 23497244

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

Versa Full Mulher | Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: DOENÇA DO DISCO LOMBAR****Seus resultados****GENE: COL2A1****RISCO:** Risco muito aumentado de degeneração do disco lombar.**SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: GG****CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

O gene COL2A1 codifica a cadeia alfa-1 do colágeno tipo II, uma proteína essencial para a formação de cartilagem e outros tecidos conjuntivos durante o desenvolvimento esquelético. O colágeno tipo II é o principal componente estrutural da cartilagem, conferindo resistência e flexibilidade às articulações, discos intervertebrais e olhos. Mutações no gene COL2A1 podem levar a distúrbios como a condrodisplasia e a síndrome de Stickler, que afetam o desenvolvimento ósseo, resultando em problemas articulares, anormalidades esqueléticas, perda auditiva e problemas oculares.

Estudo de referência: PMID 27991836

**GENE: COL11A2****RISCO:** Risco normal de dor por doença degenerativa do disco lombar.**SNP: rs2\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CC****CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene COL11A2 codifica uma das cadeias do colágeno tipo XI, uma proteína fundamental para a formação e a estrutura adequada da cartilagem, orelhas, olhos e outros tecidos conjuntivos. O colágeno tipo XI desempenha um papel crucial na organização e manutenção da integridade da matriz extracelular, contribuindo para a resistência e elasticidade dos tecidos. Mutações no gene COL11A2 estão associadas a distúrbios genéticos, como a síndrome de Stickler e outras condrodisplasias, que afetam o desenvolvimento esquelético, resultando em problemas como perda auditiva, anormalidades ósseas e articulares e alterações oculares.

Estudo de referência: PMID 19180518 [Degradção da matriz discal. 588 homens com idades entre 35 e 70 anos]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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**

### **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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: SONO E CICLO CIRCADIANO

## Seus resultados

**GENE: CLOCK**

**SNP: rs18\*\*\*\*\***

**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: rs73\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: SONO E CICLO CIRCADIANO

## Seus resultados

**GENE: BHLHE41**

**SNP: rs12\*\*\*\*\***

**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

**GENE: GSK3B**

**SNP: rs3\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AG**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Aumento do risco de insônia grave na depressão.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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**

**GENE: GABRA6**

**SNP: rs321\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de insônia.

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

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: SONO E CICLO CIRCADIANO

## Seus resultados

**GENE:** TPH2

**SNP:** rs42\*\*\*\*\*

**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:** rs12\*\*\*\*\*

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: SONO E CICLO CIRCADIANO

## Seus resultados

**GENE: MTNR1B**

**SNP: rs13\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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**

### **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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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

**GENE: PER3**

**SNP: rs13\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de Transtorno Afetivo Sazonal.

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**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de Transtorno Afetivo Sazonal.

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.

Estudo de referência: PMID: 25201053

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

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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

## **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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: SONO E CICLO CIRCADIANO

## 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: SONO E CICLO CIRCADIANO

## Seus resultados

**GENE:** BTBD9

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

**SEUS ALELOS:** TC

**CLASSIFICAÇÃO:** Regular

**RISCO:** Risco ligeiramente reduzido de síndrome das pernas inquietas.

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

**SNP:** rs19\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** GG

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

**RISCO:** Risco normal de síndrome das pernas inquietas. Risco normal de Transtorno de Movimento Periódico dos Membros.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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

**GENE: GABRA**

**SNP: rs22\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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**

### **073 - PAINEL VERSA | CICLO CIRCADIANO - RISCO DE NARCOLEPSIA**

A narcolepsia é um distúrbio neurológico caracterizado por uma sonolência excessiva durante o dia e episódios súbitos de sono incontrolável. Ela pode incluir outros sintomas, como cataplexia (perda repentina de tônus muscular), alucinações e paralisia do sono. A causa está relacionada à deficiência de hipocretina, um neurotransmissor que regula o ciclo sono-vigília. Fatores genéticos, como variantes no gene HLA-DQB1, podem aumentar a predisposição à narcolepsia, especialmente em combinação com fatores ambientais. O tratamento geralmente envolve medicamentos para estimular a vigília e gerenciar os sintomas, melhorando a qualidade de vida dos pacientes.

## **Genes Analisados**

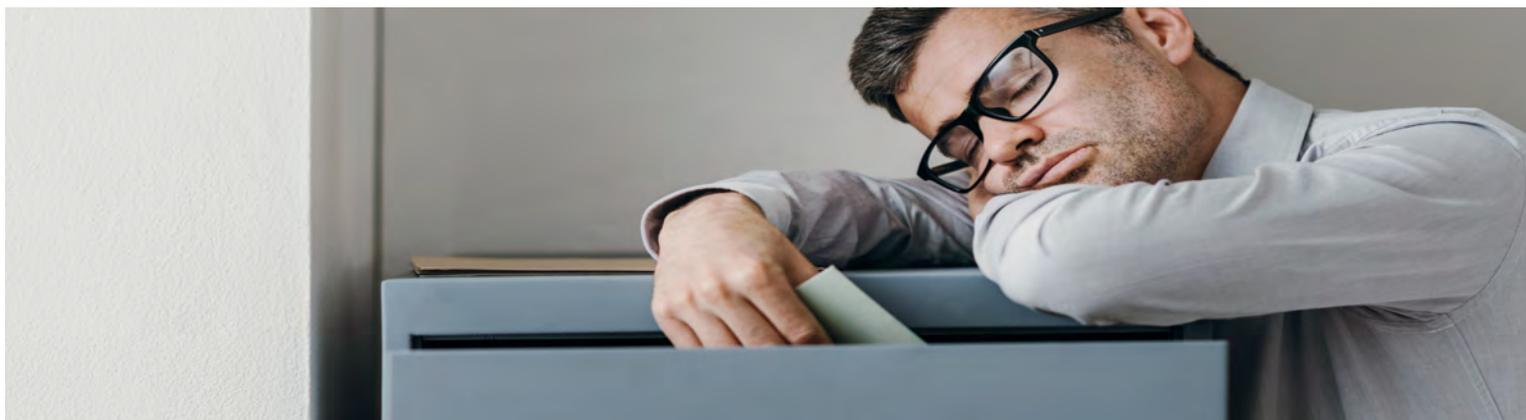
**HLA-DRA, HLA-DRB,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel importante na predisposição à narcolepsia, especialmente em relação ao gene HLA-DQB1, que está associado ao sistema imunológico. Pessoas com a variante HLA-DQB1\*06:02 têm um risco significativamente maior de desenvolver narcolepsia tipo 1, que é caracterizada pela deficiência de hipocretina, um neurotransmissor que regula o sono. Embora a genética seja um fator de risco, fatores ambientais, como infecções virais, também podem desencadear a doença em indivíduos geneticamente predispostos. Compreender essas predisposições genéticas ajuda no diagnóstico precoce e no manejo personalizado da narcolepsia.

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

Este painel avalia genes do sistema imune, como HLA-DRA e HLA-DRB, que estão associados ao risco aumentado de narcolepsia, um distúrbio do sono caracterizado por sonolência excessiva e episódios súbitos de sono. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam predisposição genética, especialmente quando combinadas a fatores ambientais. Nestes casos, é importante monitorar sintomas de sonolência diurna intensa e buscar avaliação médica especializada para diagnóstico e acompanhamento.



<https://www.mayoclinic.org/diseases-conditions/narcolepsy/symptoms-causes/syc-20375497>

<https://rarediseases.org/rare-diseases/narcolepsy/>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

### Categoria no resumo: SONO E CICLO CIRCADIANO

### Seus resultados

**GENE: HLA-DRA**

**SNP: rs31\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de doenças autoimunes. Risco normal de narcolepsia.

O gene HLA-DRA codifica uma subunidade alfa da molécula do complexo principal de histocompatibilidade de classe II (MHC classe II), que desempenha um papel fundamental na regulação do sistema imunológico. As moléculas de MHC classe II, como a formada pelo gene HLA-DRA, estão presentes em células especializadas, como células dendríticas, macrófagos e células B, e são responsáveis por apresentar fragmentos de antígenos (pequenas partes de patógenos) às células T auxiliares. Esse processo de apresentação de antígenos é crucial para iniciar e regular a resposta imune adaptativa, permitindo que o corpo reconheça e responda a infecções e outras ameaças. Variantes no gene HLA-DRA podem influenciar a suscetibilidade a doenças autoimunes e a

Estudo de referência: PMID: 19412176 [Narcolepsia], PMID: 19433080 [Esclerose Múltipla]

**GENE: HLA-DRB**

**SNP: rs11\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de narcolepsia e cataplexia.

O gene HLA-DRB codifica a subunidade beta de uma molécula do complexo principal de histocompatibilidade de classe II (MHC classe II), que é crucial para o sistema imunológico. As moléculas de MHC classe II, compostas pelas subunidades alfa e beta, estão presentes em células especializadas, como macrófagos, células dendríticas e células B. Elas desempenham um papel essencial na apresentação de antígenos (pequenos fragmentos de patógenos) às células T auxiliares, ativando assim a resposta imune adaptativa. O gene HLA-DRB ajuda o organismo a identificar e combater infecções, além de estar associado à predisposição a doenças autoimunes, como artrite reumatoide e diabetes tipo 1, quando sua função está alterada.

Estudo de referência: PMID: 19412176, PMID 22177342 [Estudo com população chinesa]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: ENVELHECIMENTO SAUDÁVEL

Seus resultados

**GENE: FOXO3A**

**SNP: rs28\*\*\*\*\***

**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: rs61\*\*\*\*\***

**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+ (nicotinamida adenina dinucleotídeo), uma molécula essencial para o metabolismo energético e para a função celular. O NAD+ 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: ENVELHECIMENTO SAUDÁVEL

Seus resultados

**GENE: SIRT1**

**SNP: rs12\*\*\*\*\***

**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: rs37\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: ENVELHECIMENTO SAUDÁVEL

Seus resultados

**GENE: SIRT6**

**SNP: rs35\*\*\*\*\***

**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: rs22\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

[contato@versagene.com.br](mailto: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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

[contato@versagene.com.br](mailto: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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 [Câncer de mama], 27366093 [Próstata e bexiga], 30617052 [Pólipos nasais]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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: rs10\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SISTEMA DETOX E REPARO CELULAR**

**Seus resultados**

**GENE: NAT2**

**SNP: rs14\*\*\*\*\***

**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 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.

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SISTEMA DETOX E REPARO CELULAR**

**Seus resultados**

**GENE: GSTZ1**

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

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SISTEMA DETOX E REPARO CELULAR**

**Seus resultados**

**GENE: NQO1\*2**

**RISCO:** Metabolismo normal de xenobióticos.

**SNP: rs18\*\*\*\*\***

**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: rs41\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

### Categoria no resumo: SISTEMA DETOX E REPARO CELULAR

### Seus resultados

**GENE: SOD2**

**SNP: rs48\*\*\*\*\***

**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: rs22\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - ATEROSCLEROSE

Seus resultados

### **079 - PAINEL VERSA | CARDIOVASCULAR - RISCO DE DOENÇA CARDÍACA**

A doença cardíaca refere-se a uma série de condições que afetam o coração e os vasos sanguíneos, como doença coronariana, insuficiência cardíaca e arritmias. Essas condições resultam, em grande parte, do acúmulo de placas nas artérias (aterosclerose), o que pode levar ao estreitamento ou bloqueio dos vasos, restringindo o fluxo sanguíneo para o coração. Fatores de risco incluem hábitos alimentares inadequados, sedentarismo, tabagismo, hipertensão, colesterol elevado e predisposição genética. Os sintomas podem variar, mas incluem dor no peito, falta de ar e fadiga. A prevenção e o manejo envolvem mudanças no estilo de vida, medicamentos e, em alguns casos, intervenções cirúrgicas.

## **Genes Analisados**

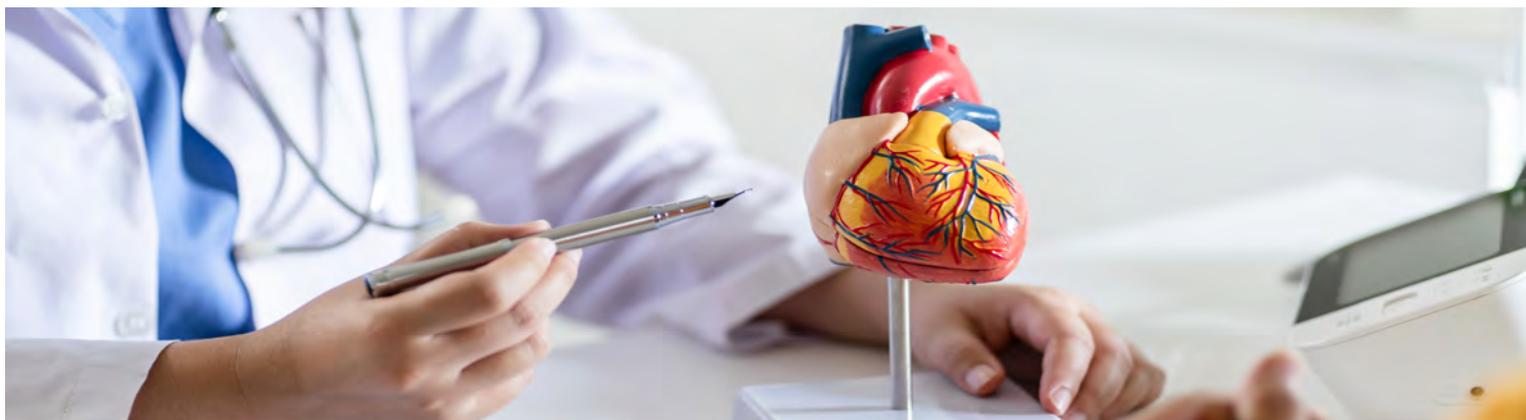
Chr 9p21, BAZ2B, CDKN2B-AS1, PRRX1,

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel importante na predisposição à doença cardíaca, influenciando fatores como o metabolismo do colesterol, a pressão arterial e a saúde dos vasos sanguíneos. Variantes em genes como o LDLR, relacionado à regulação do colesterol, e o APOE, que afeta o transporte de lipídios, podem aumentar o risco de aterosclerose e doenças coronarianas. Além disso, mutações genéticas que afetam a coagulação sanguínea ou a função cardíaca podem elevar o risco de eventos cardíacos, como infartos. Embora o estilo de vida seja crucial, entender as predisposições genéticas pode ajudar na prevenção e no manejo personalizado da doença cardíaca.

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

Este painel avalia variantes associadas ao risco genético de doenças cardiovasculares. Genes como Chr 9p21 e CDKN2B-AS1 influenciam processos inflamatórios e proliferação celular nas artérias. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de eventos cardíacos, como infarto ou AVC. Nestes casos, é essencial controlar os fatores modificáveis, como dieta, prática de atividade física, colesterol, pressão arterial e tabagismo, além de acompanhamento médico contínuo.



<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17554300/>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17634449/>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17634449/>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - ATEROSCLEROSE**

**Seus resultados**

**GENE: Chr 9p21**

**SNP: rs13\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GC**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Risco levemente aumentado de doença arterial coronariana.

O SNP rs1333049 é uma variação genética localizada no cromossomo 9p21, uma região fortemente associada ao risco de doenças cardiovasculares, incluindo infarto do miocárdio, aterosclerose e outras doenças coronarianas. Esse polimorfismo de nucleotídeo único (SNP) está relacionado ao aumento da predisposição a problemas cardíacos, independentemente de fatores de risco tradicionais, como colesterol alto ou pressão arterial. A presença de variantes de risco no rs1333049 pode influenciar a regulação de genes envolvidos na proliferação celular e na resposta inflamatória, afetando a saúde vascular e o desenvolvimento de placas ateroscleróticas.

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

Converse com o seu médico. Caso você tenha história pessoal ou familiar de doença arterial coronariana, é importante ter em mente que este SNP foi identificado em estudos como possível fator de risco para a suscetibilidade e progressão da aterosclerose. Tenha hábitos de vida saudáveis e faça seu checkup de saúde regularmente.

Estudo de referência: PMID: 17634449, 17554300, 18362232

**GENE: BAZ2B**

**SNP: rs46\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de doença cardíaca.

O gene BAZ2B codifica uma proteína que faz parte de um complexo envolvido na regulação da remodelação da cromatina, afetando a expressão de genes importantes para o desenvolvimento celular e processos epigenéticos. A BAZ2B desempenha um papel no controle da transcrição genética, regulando a acessibilidade do DNA para a maquinaria de transcrição.

Estudo de referência: PMID: 21738491

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - ATEROSCLEROSE**

**Seus resultados**

**GENE: CDKN2B-AS1**

**RISCO:** Risco levemente aumentado de doença cardíaca.

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

**SEUS ALELOS: AG**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene CDKN2B-AS1 é um RNA não codificante localizado no cromossomo 9p21, uma região associada ao risco de doenças cardiovasculares e câncer. Esse RNA regula a expressão de genes como CDKN2B, que controlam o ciclo celular, influenciando a proliferação e a senescência celular. Variantes no gene CDKN2B-AS1 têm sido associadas a um aumento do risco de infarto do miocárdio, aneurismas e outros problemas cardiovasculares, além de influenciar a predisposição a certos tipos de câncer.

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

Verifique os seus alelos para o rs2383206. Possuir alelos de risco em ambos os SNPs aumenta em até 40% o risco de doença cardíaca. Caso o seu risco seja muito aumentado e você tenha história familiar de doença cardíaca, converse com o seu médico.

Estudo de referência: PMID: 18459066

**GENE: PRRX1**

**RISCO:** Risco normal de fibrilação atrial e síndrome postural ortostática taquicardizante.

**SNP: rs3\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene PRRX1 codifica uma proteína que atua como fator de transcrição, regulando o desenvolvimento de tecidos durante a embriogênese, incluindo os tecidos esqueléticos e cardiovasculares. O PRRX1 é crucial para a formação adequada do esqueleto e do coração, e sua disfunção está associada a malformações cardíacas congênitas e problemas de desenvolvimento esquelético. Além disso, o gene tem sido implicado na transição epitélio-mesenquimal (EMT), um processo importante no desenvolvimento do câncer e na progressão de tumores.

Estudo de referência: PMID 22544366 [Meta-análise de ascendência europeia com 6.707 casos e 52.426 controles]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - ATEROSCLEROSE**

**Seus resultados**

### **080 - PAINEL VERSA | CARDIOVASCULAR - LIPOPROTEÍNA A**

A lipoproteína(a), ou Lp(a), é uma partícula de lipoproteína semelhante ao LDL ("mau colesterol"), mas com uma apoproteína adicional chamada apolipoproteína(a). Altos níveis de Lp(a) no sangue estão associados a um risco aumentado de doenças cardiovasculares, como aterosclerose e infarto do miocárdio, pois podem promover o acúmulo de placas nas artérias e a formação de coágulos. O nível de Lp(a) é amplamente determinado geneticamente e, diferentemente do colesterol LDL, não é significativamente afetado pela dieta ou pelo estilo de vida. Conhecer os níveis de Lp(a) pode ser importante para avaliar o risco cardiovascular e adotar estratégias de prevenção adequadas.

## **Genes Analisados**

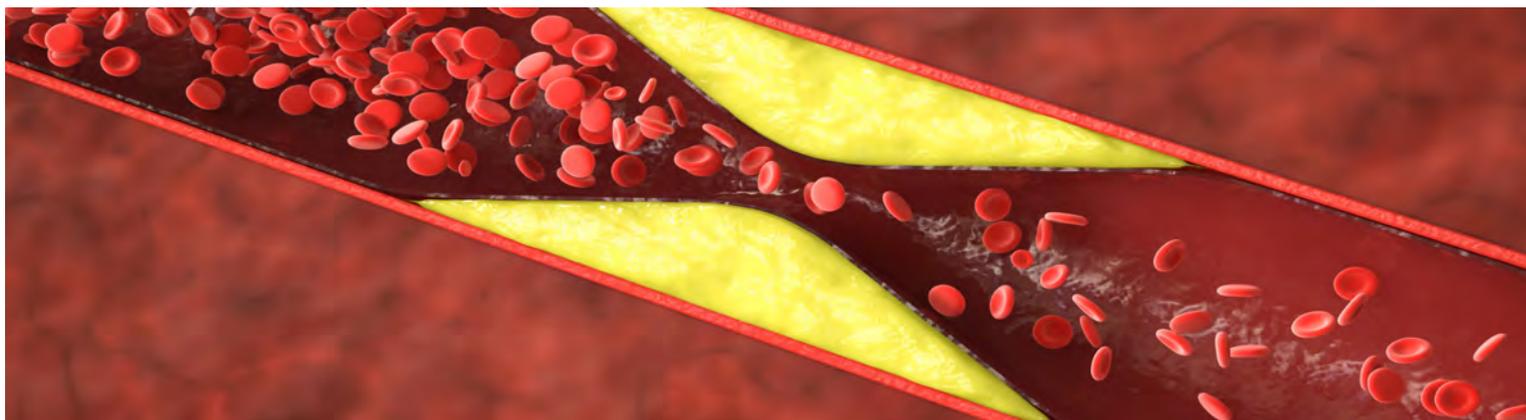
LPA,

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel crucial na determinação dos níveis de lipoproteína(a), ou Lp(a), no sangue. O gene LPA, que codifica a apolipoproteína(a), influencia diretamente a quantidade de Lp(a) circulante, com certas variantes genéticas associadas a níveis elevados. Diferentemente do colesterol LDL, os níveis de Lp(a) são majoritariamente herdados e não respondem significativamente a mudanças na dieta ou no estilo de vida. Altos níveis de Lp(a) aumentam o risco de doenças cardiovasculares, como aterosclerose e infarto, tornando o rastreamento genético uma ferramenta valiosa para identificar indivíduos com maior predisposição a problemas cardíacos e para estratégias preventivas personalizadas.

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

O gene LPA regula os níveis da lipoproteína(a), que pode se acumular nas artérias e aumentar o risco de aterosclerose e doenças cardiovasculares. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam predisposição a níveis elevados de Lp(a), independentemente da dieta. Nestes casos, é importante realizar exames laboratoriais específicos e discutir estratégias com o cardiologista, incluindo dieta anti-inflamatória, exercícios e, em alguns casos, terapias com foco em redução da Lp(a).



<https://jamanetwork.com/journals/jamacardiology/fullarticle/2771455>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31543191/>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28183512/>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - ATEROSCLEROSE

Seus resultados

**GENE: LPA**

**SNP: rs3\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Sem alelos de risco. Risco normal de Lp(a) elevada.

O gene LPA é responsável pela produção da lipoproteína(a), uma partícula no sangue que transporta colesterol e está envolvida no metabolismo lipídico. Altos níveis de lipoproteína(a), influenciados por variações no gene LPA, estão associados a um risco aumentado de doenças cardiovasculares, como aterosclerose, infarto e acidente vascular cerebral. A lipoproteína(a) pode contribuir para o acúmulo de placas nas artérias, aumentando o risco de obstrução. Diferente de outros fatores lipídicos, os níveis de LPA são fortemente influenciados por fatores genéticos, sendo menos responsivos à dieta e ao estilo de vida.

Estudo de referência: PMID 17569884

**GENE: LPA**

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

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de alelos de risco. Risco normal de Lp(a) elevada.

O gene LPA é responsável pela produção da lipoproteína(a), uma partícula no sangue que transporta colesterol e está envolvida no metabolismo lipídico. Altos níveis de lipoproteína(a), influenciados por variações no gene LPA, estão associados a um risco aumentado de doenças cardiovasculares, como aterosclerose, infarto e acidente vascular cerebral. A lipoproteína(a) pode contribuir para o acúmulo de placas nas artérias, aumentando o risco de obstrução. Diferente de outros fatores lipídicos, os níveis de LPA são fortemente influenciados por fatores genéticos, sendo menos responsivos à dieta e ao estilo de vida.

Estudo de referência: PMID 29128868, 24760552, 20032323

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - HIPERTENSÃO**

**Seus resultados**

### **081 - PAINEL VERSA | CARDIOVASCULAR - RISCO DE HIPERTENSÃO**

A hipertensão, ou pressão alta, é uma condição crônica em que a pressão do sangue nas artérias é constantemente elevada, sobrecarregando o coração e os vasos sanguíneos. Isso pode aumentar o risco de problemas graves, como doenças cardíacas, derrames e insuficiência renal. Fatores como dieta rica em sódio, sedentarismo, excesso de peso e estresse contribuem para o desenvolvimento da hipertensão, mas a predisposição genética também desempenha um papel significativo. Muitas vezes, a hipertensão é assintomática, sendo conhecida como "assassina silenciosa", e o tratamento inclui mudanças no estilo de vida e, em alguns casos, medicamentos para controlar a pressão arterial.

## **Genes Analisados**

**AGTR1,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel significativo no risco de desenvolver hipertensão, influenciando como o corpo regula a pressão arterial. Variantes em genes como o ACE e o AGT, que estão envolvidos no sistema renina-angiotensina, podem afetar o equilíbrio de fluidos e a constrição dos vasos sanguíneos, aumentando a predisposição à pressão alta. Além disso, a herança familiar pode determinar a forma como o corpo reage ao sal, ao estresse e a outros fatores ambientais. Embora a genética seja um fator importante, hábitos de vida saudáveis, como dieta e exercícios, continuam sendo essenciais para o controle da hipertensão.

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

O gene AGTR1 codifica o receptor da angiotensina II, envolvido na regulação da pressão arterial. Alterações nesse gene podem aumentar a sensibilidade à retenção de sódio e à vasoconstrição. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam predisposição à hipertensão. Nestes casos, recomenda-se atenção ao consumo de sal, prática regular de atividade física e monitoramento da pressão, além de considerar estratégias naturais ou medicamentosas caso necessário.



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC6165349/>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17492946/>

<https://bvsm.s.saude.gov.br/hipertensao>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - HIPERTENSÃO

Seus resultados

**GENE: AGTR1**

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

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de hipertensão; redução do risco de doença renal crônica.

O gene AGTR1 codifica o receptor da angiotensina II tipo 1 (AT1), que é fundamental no sistema renina-angiotensina, responsável pelo controle da pressão arterial e do equilíbrio de fluidos no corpo. Quando a angiotensina II se liga ao receptor AT1, ocorre a contração dos vasos sanguíneos, resultando no aumento da pressão arterial. O AGTR1 também regula a liberação de aldosterona, um hormônio que controla o equilíbrio de sódio e água, influenciando ainda mais a pressão arterial. Variantes no gene AGTR1 podem aumentar a predisposição a hipertensão e outras doenças cardiovasculares.

Estudo de referência: PMID: 15640279

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - TROMBOSE

Seus resultados

## **082 - PAINEL VERSA | CARDIOVASCULAR - COAGULOPATIAS E TROMBOSE**

A trombose é a formação de um coágulo sanguíneo dentro de um vaso, que pode bloquear o fluxo normal de sangue. Quando ocorre em uma veia profunda, principalmente nas pernas, é chamada de trombose venosa profunda (TVP). Se o coágulo se desloca e viaja para os pulmões, pode causar uma embolia pulmonar, uma condição grave e potencialmente fatal. Fatores de risco incluem imobilidade prolongada, cirurgias, uso de anticoncepcionais, tabagismo e predisposição genética. A trombose pode causar dor, inchaço e vermelhidão na área afetada, e o tratamento geralmente envolve anticoagulantes para evitar a formação de novos coágulos. A prevenção inclui manter-se ativo e, em alguns casos, o uso de medicamentos.

## **Genes Analisados**

**F5, FGA, FGB, FGG, F2, ITGB3, VWF, F11, LPL, SERPINC1, SELE, GP1BA, GP6,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel importante na predisposição à trombose, influenciando a formação e o controle dos coágulos sanguíneos. Variantes em genes como o F5 (mutação de Leiden) e o F2 (mutação da protrombina) aumentam significativamente o risco de trombose, pois afetam fatores de coagulação, tornando o sangue mais propenso a formar coágulos. Essas mutações genéticas podem ser herdadas e elevam o risco de eventos como trombose venosa profunda (TVP) e embolia pulmonar, especialmente em combinação com fatores ambientais, como imobilidade ou uso de anticoncepcionais. O rastreamento genético pode ajudar na prevenção e tratamento personalizado da trombose.

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

Este painel analisa genes relacionados à coagulação sanguínea. Alterações podem aumentar o risco de trombose venosa, AVC ou embolia. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam risco aumentado, mas algumas sinalizações amarelas representam risco dentro da normalidade, sendo fundamental verificar as recomendações específicas de cada variante. Nestes casos, o controle de fatores como sedentarismo, tabagismo, anticoncepcionais e cirurgias prolongadas é essencial.



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK545263/>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3935237/>  
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23900608/>  
<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1046/j.1365-2141.2000.02267.x>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3112044/>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - TROMBOSE**

**Seus resultados**

**GENE: F5**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Nenhuma cópia do Fator V de Leiden. Risco normal de trombose.

O gene F5 codifica o fator V, uma proteína de coagulação essencial para a formação de coágulos sanguíneos. O fator V atua como cofator na conversão da protrombina em trombina, o que leva à formação de fibrina e, conseqüentemente, ao coágulo sanguíneo. Mutações no gene F5, como a mutação do fator V de Leiden, aumentam o risco de trombose venosa profunda e outras condições relacionadas à hipercoagulação.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000130.5(F5):c.1601= (p.Arg534=)

**GENE: F2**

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

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante G20210A do gene da protrombina. Risco normal de trombose venosa profunda.

O gene F2 codifica a protrombina, uma proteína precursora da trombina, que é essencial para a coagulação do sangue. A trombina converte o fibrinogênio em fibrina, que forma a estrutura do coágulo sanguíneo. Mutações no gene F2, como a mutação do gene da protrombina G20210A, estão associadas a um risco aumentado de trombose venosa e outras condições de hipercoagulação.

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

Caso você seja portador de variantes de risco no gene F5 (Fator V de Leiden), o risco de trombose não pode ser excluído.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000506.5(F2):c.\*97G>A

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - TROMBOSE**

**Seus resultados**

**GENE: F11**

**RISCO:** Risco normal de trombose venosa e tromboembolismo.

**SNP: rs20\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene F11 codifica o fator XI da coagulação, uma proteína que desempenha um papel crucial na cascata de coagulação do sangue. A deficiência ou mutações no gene F11 podem resultar em distúrbios hemorrágicos, como a doença de Hemofilia C, que se caracteriza por um aumento do tempo de sangramento, mas geralmente não apresenta hemorragias espontâneas graves. Além disso, a variabilidade na função do fator XI também tem sido estudada em relação a condições trombóticas, uma vez que níveis elevados de fator XI estão associados a um risco aumentado de trombose venosa profunda e outras complicações relacionadas à coagulação.

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

Caso você possua variantes nos genes F5 e/ou F2, o risco de eventos trombóticos não pode ser excluído.

Estudo de referência: PMC6524901

**GENE: SERPINC1**

**RISCO:** Risco normal de tromboembolismo venoso.

**SNP: rs20\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene SERPINC1 codifica a antitrombina, uma proteína que inibe a trombina e outros fatores de coagulação, regulando o processo de coagulação do sangue. A antitrombina previne a formação excessiva de coágulos, e mutações no gene SERPINC1 podem levar à deficiência de antitrombina, resultando em um risco aumentado de trombose e outras complicações de coagulação.

Estudo de referência: PMID 29137435

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - TROMBOSE

Seus resultados

**GENE:** LPL

**SNP:** rs\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** AA

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

**RISCO:** Risco normal de tromboembolismo venoso.

O gene LPL codifica a lipoproteína lipase, uma enzima crucial no metabolismo de lipídios. A lipoproteína lipase hidrolisa triglicerídeos em lipoproteínas, como quilomícrons e lipoproteínas de densidade muito baixa (VLDL), liberando ácidos graxos livres que são utilizados como fonte de energia ou armazenados no tecido adiposo. Variantes no gene LPL podem afetar os níveis de triglicerídeos e o risco de doenças cardiovasculares, como aterosclerose.

Estudo de referência: PMID 16651467

**GENE:** FGA

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

**SEUS ALELOS:** TC

**CLASSIFICAÇÃO:** Regular

**RISCO:** Risco normal de acidente vascular cerebral; risco aumentado de trombose venosa profunda.

O gene FGA codifica a cadeia alfa do fibrinogênio, uma proteína essencial para a coagulação do sangue. O fibrinogênio é convertido em fibrina pela trombina durante a formação de coágulos sanguíneos. Variantes no gene FGA podem afetar a produção de fibrinogênio e a formação de coágulos, influenciando o risco de distúrbios de coagulação, como a trombose ou problemas de sangramento.

Estudo de referência: PMID 23944290

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - TROMBOSE**

**Seus resultados**

**GENE: FGB**

**SNP: rs18\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GA**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Ter cópias do alelo A neste gene aumenta os níveis de fibrinogênio e aumenta o risco de acidente vascular cerebral.

O gene FGB codifica a cadeia beta do fibrinogênio, uma das três cadeias polipeptídicas que compõem o fibrinogênio. A proteína fibrinogênio é fundamental para a coagulação do sangue, e a cadeia beta é essencial para sua função na formação de coágulos. Mutações no gene FGB podem alterar os níveis ou a função do fibrinogênio, influenciando o risco de distúrbios de coagulação e sangramento.

Estudo de referência: PMID: 20031576

**GENE: FGG**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de trombose venosa profunda.

O gene FGG codifica a cadeia gama do fibrinogênio, que, juntamente com as cadeias alfa e beta, forma o fibrinogênio funcional. O fibrinogênio é convertido em fibrina pela trombina, criando a matriz necessária para a formação de coágulos sanguíneos. Variantes no gene FGG podem afetar a estrutura e a função do fibrinogênio, aumentando o risco de distúrbios hemorrágicos ou de hipercoagulação.

Estudo de referência: PMID: 23650146

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - TROMBOSE**

**Seus resultados**

**GENE: FGG**

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

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de trombose venosa profunda.

O gene FGG codifica a cadeia gama do fibrinogênio, que, juntamente com as cadeias alfa e beta, forma o fibrinogênio funcional. O fibrinogênio é convertido em fibrina pela trombina, criando a matriz necessária para a formação de coágulos sanguíneos. Variantes no gene FGG podem afetar a estrutura e a função do fibrinogênio, aumentando o risco de distúrbios hemorrágicos ou de hipercoagulação.

Estudo de referência: PMID: 17445871

**GENE: ITGB3**

**SNP: rs59\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TC**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Risco um pouco aumentado de doença cardíaca. Menor benefício da aspirina para a prevenção de ataques cardíacos.

O gene ITGB3 codifica a subunidade beta-3 da integrina, uma proteína que medeia a adesão celular e o sinal de transdução, especialmente em plaquetas e células endoteliais. A integrina beta-3 é importante na formação de coágulos sanguíneos, pois facilita a agregação de plaquetas. Mutações no gene ITGB3 podem alterar a função plaquetária, influenciando o risco de distúrbios hemorrágicos ou trombóticos.

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

Ponto positivo: este alelo fornece maior proteção à infecção por Hantavírus.

Estudo de referência: PMC5421535

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - TROMBOSE**

**Seus resultados**

**GENE: GP1BA**

**SNP: rs22\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de trombose e doença coronariana.

O gene GP1BA codifica uma subunidade do complexo glicoproteico Ib-IX-V, que atua como um receptor para o fator de von Willebrand (VWF) nas plaquetas. Esse complexo é essencial para a adesão plaquetária em locais de lesão vascular e para o início da formação do coágulo. Variantes no gene GP1BA podem causar distúrbios de sangramento, como a síndrome de Bernard-Soulier, que resulta em defeitos na agregação plaquetária.

Estudo de referência: PMC8325125, PMID18403734

**GENE: GP6**

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

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Viscosidade plaquetária normal.

O gene GP6 codifica uma proteína chamada GP6 (Glycoprotein 6), que é um receptor encontrado nas plaquetas sanguíneas. A GP6 desempenha um papel crucial na ativação plaquetária, que é um processo fundamental na formação de coágulos sanguíneos. Quando há uma lesão nos vasos sanguíneos, o GP6 se liga ao colágeno exposto, ativando as plaquetas e desencadeando a cascata de coagulação, o que ajuda a estancar o sangramento e promover a cicatrização do vaso danificado. Além disso, a ativação do GP6 também pode desencadear a liberação de várias moléculas que atraem mais plaquetas para o local da lesão, amplificando a formação do coágulo.

Estudo de referência: PMID: 22821001

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - COLESTEROL HDL**

**Seus resultados**

### **083 - PAINEL VERSA | CARDIOVASCULAR - COLESTEROL HDL**

O colesterol HDL, conhecido como "bom colesterol", é uma lipoproteína que ajuda a remover o excesso de colesterol das artérias e transportá-lo de volta para o fígado, onde é eliminado. Níveis elevados de HDL estão associados a um menor risco de doenças cardiovasculares, pois o HDL ajuda a prevenir o acúmulo de placas nas artérias, que podem levar a aterosclerose, infarto e derrame. Manter níveis saudáveis de HDL pode ser favorecido por hábitos como atividade física regular, uma dieta equilibrada rica em gorduras saudáveis e evitar o tabagismo. O HDL desempenha um papel protetor crucial na saúde do coração.

## **Genes Analisados**

**CETP, LPL, LIPC,**

### **Relação Genética**

A genética tem um papel importante na determinação dos níveis de colesterol HDL. Variantes em genes como o CETP e o ABCA1, que regulam o transporte de colesterol e a formação de HDL, podem influenciar a quantidade de HDL no sangue. Pessoas com certas mutações genéticas podem ter níveis naturalmente mais baixos de HDL, independentemente de seus hábitos de vida, o que pode aumentar o risco de doenças cardiovasculares. No entanto, mesmo com predisposições genéticas, fatores como dieta, exercício físico e estilo de vida saudável podem ajudar a melhorar a função do HDL e a reduzir o risco de problemas cardíacos.

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

Este painel avalia genes que influenciam os níveis do colesterol HDL, conhecido como "colesterol bom". Alterações podem reduzir a eficiência no transporte reverso de colesterol. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam predisposição a níveis mais baixos de HDL. Nestes casos, é indicado manter uma dieta rica em gorduras boas (como abacate, azeite, peixes), praticar exercícios aeróbicos e evitar o tabagismo, que reduz ainda mais o HDL.



<https://medlineplus.gov/hdlthegoodcholesterol.html>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - COLESTEROL HDL

Seus resultados

**GENE: LIPC**

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

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Níveis aumentados de colesterol HDL.

O gene LIPC codifica a enzima lipase hepática, que desempenha um papel fundamental no metabolismo dos lipídios, especialmente no processamento das lipoproteínas de alta densidade (HDL) e de baixa densidade (LDL). A lipase hepática atua na remoção de triglicerídeos e fosfolipídios dessas lipoproteínas, facilitando a transformação das partículas lipoproteicas e influenciando os níveis de colesterol no sangue. Variantes no gene LIPC podem afetar a atividade da enzima, influenciando os níveis de HDL e LDL, o que impacta o risco de desenvolver doenças cardiovasculares, como aterosclerose e infarto do miocárdio.

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

A análise do risco de alterações no colesterol HDL não deve ser feita com base em apenas uma variante, desta forma, verifique o seu risco nas demais variantes apontadas neste painel.

Estudo de referência: PMID: 22073289, PMID: 18364377

**GENE: LPL**

**SNP: rs3\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Níveis normais de colesterol HDL.

O gene LPL codifica a lipoproteína lipase, uma enzima crucial no metabolismo de lipídios. A lipoproteína lipase hidrolisa triglicerídeos em lipoproteínas, como quilomícrons e lipoproteínas de densidade muito baixa (VLDL), liberando ácidos graxos livres que são utilizados como fonte de energia ou armazenados no tecido adiposo. Variantes no gene LPL podem afetar os níveis de triglicerídeos e o risco de doenças cardiovasculares, como aterosclerose.

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

A análise do risco de alterações no colesterol HDL não deve ser feita com base em apenas uma variante, desta forma, verifique o seu risco nas demais variantes apontadas neste painel.

Estudo de referência: PMID: 17952847

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - COLESTEROL HDL

Seus resultados

**GENE: CETP**

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

**SEUS ALELOS: CT**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Níveis mais baixos de colesterol HDL.

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.

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

A análise do risco de alterações no colesterol HDL não deve ser feita com base em apenas uma variante, desta forma, verifique o seu risco nas demais variantes apontadas neste painel.

Estudo de referência: PMID: 17952847

**GENE: CETP**

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

**SEUS ALELOS: GA**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Níveis de colesterol HDL ligeiramente mais altos e menor risco de ataque cardíaco.

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.

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

A análise do risco de alterações no colesterol HDL não deve ser feita com base em apenas uma variante, desta forma, verifique o seu risco nas demais variantes apontadas neste painel.

Estudo de referência: PMID 20031564

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - COLESTEROL HDL

Seus resultados

**GENE:** CETP

**SNP:** rs37\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** CA

**CLASSIFICAÇÃO:** Regular

**RISCO:** Níveis aumentados de colesterol HDL.

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: PMC5206900

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - COLESTEROL LDL**

**Seus resultados**

### **084 - PAINEL VERSA | CARDIOVASCULAR - COLESTEROL LDL**

O colesterol LDL, conhecido como "mau colesterol", é uma lipoproteína que transporta colesterol do fígado para as células. No entanto, quando presente em níveis elevados, o LDL pode se acumular nas paredes das artérias, formando placas que levam à aterosclerose, aumentando o risco de doenças cardiovasculares como infarto e derrame. Manter níveis baixos de LDL é essencial para a saúde do coração, e isso pode ser alcançado por meio de uma alimentação balanceada, rica em fibras e pobre em gorduras saturadas, além de atividade física regular. O controle do LDL é crucial para a prevenção de doenças cardíacas.

## **Genes Analisados**

**APOB, PCSK9, ABCG8, LDLR, HMGCR, SLCO1B1,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel fundamental na regulação dos níveis de colesterol LDL. Variantes em genes como o LDLR e o APOB, que estão envolvidos na remoção do LDL da circulação, podem resultar em níveis elevados de LDL no sangue, aumentando o risco de aterosclerose e doenças cardiovasculares. Pessoas com mutações no gene PCSK9 também podem apresentar dificuldades em controlar o colesterol LDL, mesmo com uma dieta saudável. Essas predisposições genéticas podem exigir abordagens mais intensivas, como o uso de medicamentos, para controlar os níveis de LDL e reduzir o risco de doenças cardíacas.

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

Esses genes regulam a produção, captação e transporte do LDL ("colesterol ruim"). Alterações podem levar a níveis elevados de LDL ou resistência a medicamentos, como estatinas. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de hipercolesterolemia. Nestes casos, é indicado acompanhamento médico, dieta com baixo teor de gorduras saturadas, e, se necessário, ajuste da medicação com base no perfil genético.



<https://medlineplus.gov/ldlthebadcholesterol.html>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - COLESTEROL LDL**

**Seus resultados**

**GENE: APOB**

**SNP: rs\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Provavelmente APOB normal. Colesterol LDL e triglicerídeos normais. Risco normal de doença cardíaca.

O gene APOB codifica a apolipoproteína B, um componente estrutural essencial das lipoproteínas de baixa densidade (LDL) e muito baixa densidade (VLDL), que são responsáveis pelo transporte de colesterol e triglicerídeos no sangue. A apolipoproteína B é fundamental para a estrutura e função dessas partículas lipídicas, facilitando sua ligação aos receptores LDL nas células, permitindo a remoção de colesterol do sangue. Mutações no gene APOB podem levar a distúrbios como a hipercolesterolemia familiar, aumentando o risco de doenças cardiovasculares.

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

A análise do risco de alterações no colesterol LDL não deve ser feita com base em apenas uma variante, desta forma, verifique o seu risco nas demais variantes apontadas neste painel.

Estudo de referência: PMID 17463246

**GENE: LDLR**

**SNP: rs\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Não foi localizado alelo de risco nesse SNP. Verifique as outras variantes associadas ao risco.

Sobre o gene:

A família de genes do receptor de lipoproteína de baixa densidade (LDLR) consiste em proteínas de superfície celular envolvidas na endocitose mediada por receptor de ligantes específicos. A lipoproteína de baixa densidade (LDL) é normalmente ligada à membrana celular e levada para dentro da célula terminando nos lisossomos onde a proteína é degradada e o colesterol é disponibilizado para repressão da enzima microsomal 3-hidroxi-3-metilglutaril coenzima A (HMG CoA) redutase, a etapa limitante da taxa na síntese do

Estudo de referência: PMID: 17517690

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - COLESTEROL LDL**

**Seus resultados**

**GENE: APOB**

**RISCO:** Níveis normais de colesterol LDL.

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

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

O gene APOB codifica a apolipoproteína B, um componente estrutural essencial das lipoproteínas de baixa densidade (LDL) e muito baixa densidade (VLDL), que são responsáveis pelo transporte de colesterol e triglicerídeos no sangue. A apolipoproteína B é fundamental para a estrutura e função dessas partículas lipídicas, facilitando sua ligação aos receptores LDL nas células, permitindo a remoção de colesterol do sangue. Mutações no gene APOB podem levar a distúrbios como a hipercolesterolemia familiar, aumentando o risco de doenças cardiovasculares.

Estudo de referência: PMC7034850

**GENE: ABCG8**

**RISCO:** Níveis mais altos de colesterol LDL.

**SNP: rs65\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

O gene ABCG8 codifica uma proteína transportadora que faz parte do sistema de transporte de esteróis, em parceria com a proteína codificada pelo gene ABCG5. Juntas, essas proteínas regulam a absorção e a excreção de colesterol e fitosteróis no fígado e nos intestinos. Mutações no gene ABCG8 podem levar a distúrbios do metabolismo do colesterol, como a sitosterolemia, uma condição em que há acúmulo anormal de fitosteróis, elevando o risco de doenças cardiovasculares.

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

A análise do risco de alterações no colesterol LDL não deve ser feita com base em apenas uma variante, desta forma, verifique o seu risco nas demais variantes apontadas neste painel.

Estudo de referência: PMID: 19060906 [Dislipidemia poligênica], PMID: 19951432 [Doença da artéria carótida]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - COLESTEROL LDL

Seus resultados

**GENE: PCSK9**

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

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de mutação. Colesterol LDL normal.

O gene PCSK9 codifica a proteína convertase subtilisina/quexina tipo 9, que regula a degradação dos receptores de LDL nas células hepáticas. A PCSK9 desempenha um papel importante no controle dos níveis de colesterol no sangue, pois, ao promover a degradação dos receptores de LDL, ela reduz a capacidade do fígado de remover colesterol LDL da circulação. Variantes no gene PCSK9 que aumentam sua atividade estão associadas à hipercolesterolemia, enquanto variantes que reduzem sua função são protetoras contra doenças cardiovasculares.

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

A análise do risco de alterações no colesterol LDL não deve ser feita com base em apenas uma variante, desta forma, verifique o seu risco nas demais variantes apontadas neste painel.

Estudo de referência: PMID 15893176

**GENE: PCSK9**

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

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Colesterol LDL normal.

O gene PCSK9 codifica a proteína convertase subtilisina/quexina tipo 9, que regula a degradação dos receptores de LDL nas células hepáticas. A PCSK9 desempenha um papel importante no controle dos níveis de colesterol no sangue, pois, ao promover a degradação dos receptores de LDL, ela reduz a capacidade do fígado de remover colesterol LDL da circulação. Variantes no gene PCSK9 que aumentam sua atividade estão associadas à hipercolesterolemia, enquanto variantes que reduzem sua função são protetoras contra doenças cardiovasculares.

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

A análise do risco de alterações no colesterol LDL não deve ser feita com base em apenas uma variante, desta forma, verifique o seu risco nas demais variantes apontadas neste painel.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_174936.3(PCSK9):c.646T>C (p.Phe216Leu)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - COLESTEROL LDL

Seus resultados

**GENE:** HMGCR

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

**SEUS ALELOS:** AA

**CLASSIFICAÇÃO:** Ruim

**RISCO:** Menor probabilidade de eficácia das estatinas na redução do LDL por meio da inibição do HMGCR. Risco mais alto de colesterol LDL elevado.

O gene HMGCR codifica a enzima HMG-CoA redutase, que é a enzima chave na via de síntese do colesterol. A HMG-CoA redutase converte HMG-CoA em ácido mevalônico, o primeiro passo na produção de colesterol. Essa enzima é alvo de medicamentos como as estatinas, que inibem sua atividade para reduzir os níveis de colesterol no sangue. Variantes no gene HMGCR podem influenciar a eficiência da síntese de colesterol e a resposta aos tratamentos com estatinas, impactando o risco de doenças cardiovasculares.

Estudo de referência: PMID 15199031

**GENE:** HMGCR

**SNP:** rs3\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** AA

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

**RISCO:** Níveis normais de colesterol LDL.

O gene HMGCR codifica a enzima HMG-CoA redutase, que é a enzima chave na via de síntese do colesterol. A HMG-CoA redutase converte HMG-CoA em ácido mevalônico, o primeiro passo na produção de colesterol. Essa enzima é alvo de medicamentos como as estatinas, que inibem sua atividade para reduzir os níveis de colesterol no sangue. Variantes no gene HMGCR podem influenciar a eficiência da síntese de colesterol e a resposta aos tratamentos com estatinas, impactando o risco de doenças cardiovasculares.

Estudo de referência: PMID 21427285

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - COLESTEROL LDL

Seus resultados

**GENE: SLCO1B1**

**SNP: rs4\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Baixo risco de miopatia no uso de estatinas como sinvastatina, pravastatina, rosuvastatina.

O gene SLCO1B1 codifica uma proteína transportadora que atua no fígado, facilitando a captação de estatinas e outros compostos orgânicos, incluindo ácidos biliares e hormônios. A função da SLCO1B1 é importante para o metabolismo de medicamentos, incluindo as estatinas, que são amplamente usadas para reduzir os níveis de colesterol. Variantes no gene SLCO1B1 podem alterar a eficiência do transporte de estatinas, resultando em efeitos colaterais, como a miopatia induzida por estatinas, e influenciando a eficácia do tratamento.

Estudo de referência: PMID: 16758257 [Nível 1A de toxicidade]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - TRIGLICÉRIDES

Seus resultados

### **085 - PAINEL VERSA | CARDIOVASCULAR - TRIGLICÉRIDES**

Os triglicerídeos são um tipo de gordura presente no sangue, formados a partir do excesso de calorias que o corpo não usa imediatamente. Eles são armazenados em células de gordura e liberados como fonte de energia entre as refeições. No entanto, níveis elevados de triglicerídeos podem aumentar o risco de doenças cardiovasculares, especialmente quando combinados com baixos níveis de colesterol HDL e altos níveis de LDL. Fatores como dieta rica em açúcares e gorduras, sedentarismo e predisposição genética podem elevar os triglicerídeos. Para mantê-los em níveis saudáveis, é importante adotar uma dieta equilibrada, praticar exercícios regularmente e controlar o peso.

## **Genes Analisados**

APOA5, APOC2,

### **Relação Genética**

A genética tem um papel importante na regulação dos níveis de triglicerídeos no sangue. Variantes em genes como o APOA5 e o LPL, que estão envolvidos no metabolismo de gorduras, podem afetar a capacidade do corpo de processar e eliminar triglicerídeos, resultando em níveis elevados. Pessoas com predisposições genéticas podem ter triglicerídeos altos, mesmo com hábitos alimentares saudáveis, aumentando o risco de doenças cardiovasculares. Entender essas variantes genéticas pode ajudar a personalizar estratégias de controle, como ajustes na dieta e, em alguns casos, o uso de medicamentos para reduzir os triglicerídeos e proteger a saúde do coração.

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

Os genes APOA5 e APOC2 participam da quebra e do transporte dos triglicérides no sangue. Alterações podem dificultar o metabolismo dessas gorduras, aumentando o risco cardiovascular. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam predisposição a triglicérides elevados. Nestes casos, recomenda-se reduzir carboidratos refinados, bebidas alcoólicas e açúcares simples, além de priorizar o consumo de ômega-3 e a prática regular de exercícios.



<https://altadiagnosticos.com.br/saude/triglicerideos>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - TRIGLICÉRIDES

Seus resultados

**GENE:** APOA5

**RISCO:** Níveis normais de triglicerídeos.

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

**SEUS ALELOS:** AA

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

O gene APOA5 codifica a apolipoproteína A5, uma proteína que desempenha um papel crucial na regulação dos níveis de triglicerídeos no plasma. A APOA5 facilita a remoção de triglicerídeos ao influenciar o metabolismo das lipoproteínas ricas em triglicerídeos, como quilomícrons e VLDL. Ela atua na ativação da lipoproteína lipase, a enzima responsável pela quebra de triglicerídeos em ácidos graxos. Variantes no gene APOA5 estão associadas a níveis elevados de triglicerídeos no sangue, o que aumenta o risco de doenças cardiovasculares, como aterosclerose.

Estudo de referência: PMID: 21130994

**GENE:** APOA5

**RISCO:** Aumento dos níveis de triglicerídeos.

**SNP:** rs65\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** TT

**CLASSIFICAÇÃO:** Ruim

O gene APOA5 codifica a apolipoproteína A5, uma proteína que desempenha um papel crucial na regulação dos níveis de triglicerídeos no plasma. A APOA5 facilita a remoção de triglicerídeos ao influenciar o metabolismo das lipoproteínas ricas em triglicerídeos, como quilomícrons e VLDL. Ela atua na ativação da lipoproteína lipase, a enzima responsável pela quebra de triglicerídeos em ácidos graxos. Variantes no gene APOA5 estão associadas a níveis elevados de triglicerídeos no sangue, o que aumenta o risco de doenças cardiovasculares, como aterosclerose.

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

Mantenha uma dieta equilibrada e mantenha-se ativo.

Estudo de referência: PMID: 29866721, 19732897 (Pop. Leste Asiático). PMID: 18078817 (América do Norte)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SAÚDE CARDIOVASCULAR - TRIGLICÉRIDES**

**Seus resultados**

**GENE: APOA5**

**RISCO:** Níveis normais de triglicerídeos.

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

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene APOA5 codifica a apolipoproteína A5, uma proteína que desempenha um papel crucial na regulação dos níveis de triglicerídeos no plasma. A APOA5 facilita a remoção de triglicerídeos ao influenciar o metabolismo das lipoproteínas ricas em triglicerídeos, como quilomícrons e VLDL. Ela atua na ativação da lipoproteína lipase, a enzima responsável pela quebra de triglicerídeos em ácidos graxos. Variantes no gene APOA5 estão associadas a níveis elevados de triglicerídeos no sangue, o que aumenta o risco de doenças cardiovasculares, como aterosclerose.

Estudo de referência: PMID 17463246

**GENE: APOC2**

**RISCO:** Níveis normais de triglicerídeos.

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

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene APOC2 codifica a apolipoproteína C2, que também é essencial para o metabolismo de triglicerídeos. A APOC2 atua como cofator da lipoproteína lipase, ativando essa enzima para que ela quebre triglicerídeos presentes em quilomícrons e lipoproteínas de densidade muito baixa (VLDL), facilitando sua remoção do sangue. Deficiências ou mutações no gene APOC2 podem resultar em hipertrigliceridemia grave, um distúrbio que causa acúmulo de triglicerídeos no sangue e aumenta o risco de pancreatite e doenças cardiovasculares.

Estudo de referência: PMC423392

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: HIPERCOLESTEROLEMIA FAMILIAR**

**Seus resultados**

### **085.1 - PAINEL VERSA | CARDIOVASCULAR - HIPERCOLESTEROLEMIA FAMILIAR**

A hipercolesterolemia familiar é uma condição genética que causa níveis elevados de colesterol LDL ("mau colesterol") desde o nascimento, aumentando significativamente o risco de desenvolver doenças cardiovasculares precoces, como infarto e aterosclerose. Ela é causada por mutações em genes como o LDLR, APOB ou PCSK9, que afetam a capacidade do corpo de remover o LDL do sangue. Pessoas com essa condição podem ter colesterol elevado, mesmo com uma dieta saudável, e geralmente necessitam de tratamento intensivo com medicamentos, como estatinas, para controlar os níveis de colesterol e prevenir complicações graves. O diagnóstico precoce é essencial para o manejo adequado da hipercolesterolemia familiar.

## **Genes Analisados**

**APOB, PCSK9,**

### **Relação Genética**

A hipercolesterolemia familiar é diretamente causada por mutações genéticas, principalmente nos genes LDLR, APOB, e PCSK9, que regulam a remoção do colesterol LDL do sangue. Essas mutações comprometem a capacidade do corpo de eliminar o colesterol LDL, resultando em níveis elevados desde a infância. A condição é hereditária e segue um padrão de herança autossômica dominante, o que significa que basta herdar uma cópia alterada do gene para desenvolver a doença. O diagnóstico genético pode ajudar na detecção precoce, permitindo a adoção de tratamentos preventivos, como o uso de medicamentos e mudanças no estilo de vida, para reduzir o risco de doenças cardíacas.

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

Este painel identifica variantes associadas à forma hereditária do colesterol alto. Alterações em APOB e PCSK9 estão entre as causas genéticas da condição. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam risco aumentado, mas nem todas as variantes patogênicas possíveis são analisadas, portanto um resultado negativo não exclui o diagnóstico clínico. Nestes casos, o histórico familiar, exames laboratoriais e avaliação médica são essenciais para confirmação e manejo. Para confirmação ou exclusão de hipótese diagnóstica, é recomendado o sequenciamento por NGS em painel específico.



Atualização da Diretriz Brasileira de Hipercolesterolemia Familiar – 2021.

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: HIPERCOLESTEROLEMIA FAMILIAR**

**Seus resultados**

**GENE: PCSK9**

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

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Hipercolesterolemia familiar: ausência de alelos de risco.

O gene PCSK9 codifica a proteína convertase subtilisina/quexina tipo 9, que regula a degradação dos receptores de LDL nas células hepáticas. A PCSK9 desempenha um papel importante no controle dos níveis de colesterol no sangue, pois, ao promover a degradação dos receptores de LDL, ela reduz a capacidade do fígado de remover colesterol LDL da circulação. Variantes no gene PCSK9 que aumentam sua atividade estão associadas à hipercolesterolemia, enquanto variantes que reduzem sua função são protetoras contra doenças cardiovasculares.

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

A análise do risco de alterações no colesterol LDL não deve ser feita com base em apenas uma variante, desta forma, verifique o seu risco nas demais variantes apontadas neste painel.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_174936.3(PCSK9):c.646T>C

**GENE: APOB**

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

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Hipercolesterolemia familiar tipo B: ausência de alelos de risco.

O gene APOB codifica a apolipoproteína B, um componente estrutural essencial das lipoproteínas de baixa densidade (LDL) e muito baixa densidade (VLDL), que são responsáveis pelo transporte de colesterol e triglicerídeos no sangue. A apolipoproteína B é fundamental para a estrutura e função dessas partículas lipídicas, facilitando sua ligação aos receptores LDL nas células, permitindo a remoção de colesterol do sangue. Mutações no gene APOB podem levar a distúrbios como a hipercolesterolemia familiar, aumentando o risco de doenças cardiovasculares.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000384.3(APOB):c.10579C>T (p.Arg3527Trp)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: HIPERCOLESTEROLEMIA FAMILIAR**

**Seus resultados**

**GENE: APOB**

**SNP: rs57\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de alelos patogênicos para hipercolesterolemia familiar.

O gene APOB codifica a apolipoproteína B, um componente estrutural essencial das lipoproteínas de baixa densidade (LDL) e muito baixa densidade (VLDL), que são responsáveis pelo transporte de colesterol e triglicerídeos no sangue. A apolipoproteína B é fundamental para a estrutura e função dessas partículas lipídicas, facilitando sua ligação aos receptores LDL nas células, permitindo a remoção de colesterol do sangue. Mutações no gene APOB podem levar a distúrbios como a hipercolesterolemia familiar, aumentando o risco de doenças cardiovasculares.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000384.3(APOB):c.10580G>T (p.Arg3527Leu)

**GENE: APOB**

**SNP: rs12\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de alelos patogênicos para hipercolesterolemia familiar.

O gene APOB codifica a apolipoproteína B, um componente estrutural essencial das lipoproteínas de baixa densidade (LDL) e muito baixa densidade (VLDL), que são responsáveis pelo transporte de colesterol e triglicerídeos no sangue. A apolipoproteína B é fundamental para a estrutura e função dessas partículas lipídicas, facilitando sua ligação aos receptores LDL nas células, permitindo a remoção de colesterol do sangue. Mutações no gene APOB podem levar a distúrbios como a hipercolesterolemia familiar, aumentando o risco de doenças cardiovasculares.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000384.3(APOB):c.10672C>T (p.Arg3558Cys) [Conflito de patogenicidade]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: **CARDIOMIOPATIA HIPERTRÓFICA**

**Seus resultados**

### **085.2 - PAINEL VERSA | CARDIOVASCULAR - CARDIOMIOPATIA HIPERTRÓFICA**

A cardiomiopatia hipertrófica é uma doença genética caracterizada pelo espessamento anormal do músculo cardíaco, principalmente nas paredes do ventrículo esquerdo. Esse espessamento pode dificultar o bombeamento eficiente de sangue pelo coração, levando a sintomas como falta de ar, dor no peito, palpitações e, em casos graves, desmaios ou arritmias fatais. A condição é geralmente hereditária, causada por mutações em genes que regulam as proteínas do músculo cardíaco, como o MYH7 e MYBPC3. O tratamento pode incluir medicamentos, implantes de desfibriladores e, em alguns casos, cirurgias para reduzir o espessamento. O diagnóstico precoce é fundamental para o manejo adequado da doença.

## **Genes Analisados**

**MYBPC3, MYH7, TNNT2,**

### **Relação Genética**

A cardiomiopatia hipertrófica é uma condição geneticamente determinada, geralmente causada por mutações em genes que controlam a produção de proteínas do músculo cardíaco, como o MYH7 e o MYBPC3. Essas mutações afetam a estrutura e função das células musculares do coração, levando ao espessamento anormal das paredes cardíacas. A condição é herdada de forma autossômica dominante, o que significa que basta herdar uma única cópia alterada do gene para desenvolver a doença. O rastreamento genético em familiares permite o diagnóstico precoce e a adoção de medidas preventivas, como monitoramento regular e tratamento, para evitar complicações graves, como arritmias e insuficiência cardíaca.

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

Esses genes estão relacionados à estrutura e contração do músculo cardíaco. Alterações podem predispor ao espessamento anormal do miocárdio, aumentando o risco de arritmias e morte súbita. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam predisposição à cardiomiopatia hipertrófica, mas nem todas as variantes patogênicas possíveis são analisadas. Por isso, o resultado negativo não exclui a doença – recomenda-se avaliação clínica e familiar em casos suspeitos. Para confirmação ou exclusão de hipótese diagnóstica, é recomendado o sequenciamento por NGS em painel específico.



<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33295458/>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CARDIOMIOPATIA HIPERTRÓFICA**

**Seus resultados**

**GENE: MYBPC3**

**SNP: rs39\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Cardiomiopatia hipertrófica: ausência de alelos de risco.

O gene MYBPC3 codifica a proteína C de ligação à miosina, que desempenha um papel essencial na regulação da função contrátil do músculo cardíaco. A MYBPC3 está envolvida na estrutura e estabilização dos sarcômeros, as unidades básicas de contração do músculo. Mutações no gene MYBPC3 estão associadas à cardiomiopatia hipertrófica, uma condição caracterizada pelo espessamento anormal do músculo cardíaco, que pode levar à insuficiência cardíaca e ao risco de arritmias.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000256.3(MYBPC3):c.772G>A (p.Glu258Lys)

**GENE: MYBPC3**

**SNP: rs37\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Cardiomiopatia hipertrófica: ausência de alelos de risco.

O gene MYBPC3 codifica a proteína C de ligação à miosina, que desempenha um papel essencial na regulação da função contrátil do músculo cardíaco. A MYBPC3 está envolvida na estrutura e estabilização dos sarcômeros, as unidades básicas de contração do músculo. Mutações no gene MYBPC3 estão associadas à cardiomiopatia hipertrófica, uma condição caracterizada pelo espessamento anormal do músculo cardíaco, que pode levar à insuficiência cardíaca e ao risco de arritmias.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000256.3(MYBPC3):c.1504C>G (p.Arg502Gly) [Conflito de patogenicidade]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CARDIOMIOPATIA HIPERTRÓFICA**

**Seus resultados**

**GENE: MYBPC3**

**SNP: rs39\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Cardiomiopatia hipertrófica: ausência de alelos de risco.

O gene MYBPC3 codifica a proteína C de ligação à miosina, que desempenha um papel essencial na regulação da função contrátil do músculo cardíaco. A MYBPC3 está envolvida na estrutura e estabilização dos sarcômeros, as unidades básicas de contração do músculo. Mutações no gene MYBPC3 estão associadas à cardiomiopatia hipertrófica, uma condição caracterizada pelo espessamento anormal do músculo cardíaco, que pode levar à insuficiência cardíaca e ao risco de arritmias.

Estudo de referência: Clinvar: NC\_000011.10:g.47337730dup

**GENE: MYH7**

**SNP: rs3\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Cardiomiopatia hipertrófica: ausência de alelos de risco.

O gene MYH7 codifica a cadeia pesada da beta-miosina, uma proteína motora fundamental na contração dos músculos esquelético e cardíaco. A MYH7 é um dos principais componentes do sarcômero, e suas mutações estão associadas a distúrbios como cardiomiopatia hipertrófica e cardiomiopatia dilatada, que afetam a função do coração e podem levar a insuficiência cardíaca, arritmias e morte súbita cardíaca.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000257.4(MYH7):c.746G>T (p.Arg249Leu)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: **CARDIOMIOPATIA HIPERTRÓFICA**

Seus resultados

**GENE: MYH7**

**SNP: rs3\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Cardiomiopatia hipertrófica: ausência de alelos de risco.

O gene MYH7 codifica a cadeia pesada da beta-miosina, uma proteína motora fundamental na contração dos músculos esquelético e cardíaco. A MYH7 é um dos principais componentes do sarcômero, e suas mutações estão associadas a distúrbios como cardiomiopatia hipertrófica e cardiomiopatia dilatada, que afetam a função do coração e podem levar a insuficiência cardíaca, arritmias e morte súbita cardíaca.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000257.4(MYH7):c.1207C>G (p.Arg403Gly)

**GENE: MYH7**

**SNP: rs12\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Cardiomiopatia hipertrófica: ausência de alelos de risco.

O gene MYH7 codifica a cadeia pesada da beta-miosina, uma proteína motora fundamental na contração dos músculos esquelético e cardíaco. A MYH7 é um dos principais componentes do sarcômero, e suas mutações estão associadas a distúrbios como cardiomiopatia hipertrófica e cardiomiopatia dilatada, que afetam a função do coração e podem levar a insuficiência cardíaca, arritmias e morte súbita cardíaca.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000257.4(MYH7):c.1750G>T (p.Gly584Cys)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: **CARDIOMIOPATIA HIPERTRÓFICA**

Seus resultados

**GENE: TNNT2**

**SNP: rs743\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Cardiomiopatia hipertrófica: ausência de alelos de risco.

O gene TNNT2 codifica a troponina T, uma proteína reguladora essencial para o processo de contração muscular no coração. A TNNT2 faz parte do complexo de troponinas que controla a interação entre actina e miosina no músculo cardíaco, permitindo a contração em resposta ao cálcio. Mutações no gene TNNT2 estão associadas a cardiomiopatia hipertrófica e cardiomiopatia dilatada, aumentando o risco de insuficiência cardíaca e arritmias.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_001276345.2(TNNT2):c.421C>G (p.Arg141Gly)

**GENE: TNNT2**

**SNP: rs72\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Cardiomiopatia hipertrófica: ausência de alelos de risco.

O gene TNNT2 codifica a troponina T, uma proteína reguladora essencial para o processo de contração muscular no coração. A TNNT2 faz parte do complexo de troponinas que controla a interação entre actina e miosina no músculo cardíaco, permitindo a contração em resposta ao cálcio. Mutações no gene TNNT2 estão associadas a cardiomiopatia hipertrófica e cardiomiopatia dilatada, aumentando o risco de insuficiência cardíaca e arritmias.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_001276345.2(TNNT2):c.547C>A (p.Arg183=)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: CARDIOMIOPATIA HIPERTRÓFICA

Seus resultados

**GENE: TNNT2**

**SNP: rs39\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Cardiomiopatia hipertrófica: ausência de alelos de risco.

O gene TNNT2 codifica a troponina T, uma proteína reguladora essencial para o processo de contração muscular no coração. A TNNT2 faz parte do complexo de troponinas que controla a interação entre actina e miosina no músculo cardíaco, permitindo a contração em resposta ao cálcio. Mutações no gene TNNT2 estão associadas a cardiomiopatia hipertrófica e cardiomiopatia dilatada, aumentando o risco de insuficiência cardíaca e arritmias.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_001276345.2(TNNT2):c.304C>G (p.Arg102Gly)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: RISCO DE ARRITMIAS CARDÍACAS**

**Seus resultados**

### **085.3 - PAINEL VERSA | CARDIOVASCULAR - ARRITMIAS CARDÍACAS**

A genética tem um papel crucial na predisposição às arritmias cardíacas, que são alterações no ritmo normal do coração. Mutações em genes que regulam os canais iônicos cardíacos, como o SCN5A, que afeta o canal de sódio, e o KCNH2, que regula o potássio, podem desestabilizar a condução elétrica do coração, levando a batimentos irregulares. Algumas condições hereditárias, como a síndrome do QT longo e a taquicardia ventricular, estão diretamente ligadas a essas mutações genéticas. Pessoas com histórico familiar de arritmias cardíacas ou morte súbita podem ter um risco genético elevado, e o rastreamento genético pode ajudar no diagnóstico precoce e no tratamento preventivo.

## **Genes Analisados**

**SCN5A, KCNQ1,**

### **Relação Genética**

Arritmias cardíacas são alterações no ritmo normal do coração, que podem causar batimentos irregulares, rápidos ou lentos. Entre os tipos mais comuns estão a fibrilação atrial, onde os átrios batem de maneira rápida e irregular, e a fibrilação ventricular, uma arritmia grave que pode levar à parada cardíaca. A síndrome do QT longo é outra arritmia, caracterizada por um intervalo QT prolongado no eletrocardiograma, que pode resultar em desmaios ou morte súbita. Essas condições podem ser causadas por fatores genéticos, como mutações em genes que regulam os canais iônicos do coração, ou adquiridas devido a doenças cardíacas, medicamentos ou desequilíbrios eletrolíticos. O tratamento varia de medicamentos a dispositivos como marcapassos ou desfibriladores.

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

Os genes SCN5A e KCNQ1 estão ligados à condução elétrica do coração e alterações neles podem predispor a arritmias, como a Síndrome do QT Longo. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de instabilidade elétrica e eventos cardíacos. No entanto, nem todas as variantes patogênicas são analisadas, e um resultado negativo não exclui a possibilidade de doença. Para confirmação ou exclusão de hipótese diagnóstica, é recomendado o sequenciamento por NGS em painel específico.



<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33295458/>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE ARRITMIAS CARDÍACAS**

**Seus resultados**

**GENE: KCNQ1**

**SNP: rs19\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Síndrome de Romano-Ward/QT longo: não foram localizados alelos de risco nessa variante.

Na função cardíaca, o KCNQ1 desempenha um papel essencial na regulação do ritmo cardíaco, contribuindo para a manutenção de um batimento regular e coordenado. Alterações ou mutações no gene KCNQ1 podem levar a distúrbios no ritmo cardíaco, como a síndrome de QT longo, uma condição que pode causar arritmias potencialmente fatais. Além disso, a disfunção do canal KCNQ1 está associada a outras condições, como a fibrilação atrial, refletindo sua importância na saúde cardiovascular e na eletrofisiologia cardíaca.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000218.3(KCNQ1):c.692G>T (p.Arg231Leu)

**GENE: SCN5A**

**SNP: rs13\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Síndrome de Romano-Ward/QT longo: não foram localizados alelos de risco nessa variante.

Alterações ou mutações no gene SCN5A podem resultar em disfunções na condução elétrica do coração, levando a condições como a síndrome de Brugada, a síndrome de QT longo e a fibrilação atrial. Essas condições estão associadas a um risco elevado de arritmias e morte súbita cardíaca. Portanto, o SCN5A é um gene fundamental na eletrofisiologia cardíaca e na saúde cardiovascular, sendo alvo de pesquisa para entender melhor suas implicações em distúrbios do ritmo cardíaco.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000335.5(SCN5A):c.5381A>G (p.Tyr1794Cys)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: RISCO DE ARRITMIAS CARDÍACAS**

**Seus resultados**

**GENE: SCN5A**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Síndrome de Romano-Ward/QT longo: não foram localizados alelos de risco nessa variante.

Alterações ou mutações no gene SCN5A podem resultar em disfunções na condução elétrica do coração, levando a condições como a síndrome de Brugada, a síndrome de QT longo e a fibrilação atrial. Essas condições estão associadas a um risco elevado de arritmias e morte súbita cardíaca. Portanto, o SCN5A é um gene fundamental na eletrofisiologia cardíaca e na saúde cardiovascular, sendo alvo de pesquisa para entender melhor suas implicações em distúrbios do ritmo cardíaco.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000335.5(SCN5A):c.4865G>A (p.Arg1622Gln)

**GENE: SCN5A**

**SNP: rs13\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Síndrome de Romano-Ward/QT longo: não foram localizados alelos de risco nessa variante.

Alterações ou mutações no gene SCN5A podem resultar em disfunções na condução elétrica do coração, levando a condições como a síndrome de Brugada, a síndrome de QT longo e a fibrilação atrial. Essas condições estão associadas a um risco elevado de arritmias e morte súbita cardíaca. Portanto, o SCN5A é um gene fundamental na eletrofisiologia cardíaca e na saúde cardiovascular, sendo alvo de pesquisa para entender melhor suas implicações em distúrbios do ritmo cardíaco.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000335.5(SCN5A):c.4864C>A (p.Arg1622=)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: RISCO DE ARRITMIAS CARDÍACAS

Seus resultados

**GENE: SCN5A**

**SNP: rs13\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Síndrome de Brugada/Romano-Ward/QT longo: não foram localizados alelos de risco nessa variante.

Alterações ou mutações no gene SCN5A podem resultar em disfunções na condução elétrica do coração, levando a condições como a síndrome de Brugada, a síndrome de QT longo e a fibrilação atrial. Essas condições estão associadas a um risco elevado de arritmias e morte súbita cardíaca. Portanto, o SCN5A é um gene fundamental na eletrofisiologia cardíaca e na saúde cardiovascular, sendo alvo de pesquisa para entender melhor suas implicações em distúrbios do ritmo cardíaco.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000335.5(SCN5A):c.3820G>A (p.Asp1274Asn)

**GENE: SCN5A**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Síndrome de Brugada: não foram localizados alelos de risco nessa variante.

Alterações ou mutações no gene SCN5A podem resultar em disfunções na condução elétrica do coração, levando a condições como a síndrome de Brugada, a síndrome de QT longo e a fibrilação atrial. Essas condições estão associadas a um risco elevado de arritmias e morte súbita cardíaca. Portanto, o SCN5A é um gene fundamental na eletrofisiologia cardíaca e na saúde cardiovascular, sendo alvo de pesquisa para entender melhor suas implicações em distúrbios do ritmo cardíaco.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000335.5(SCN5A):c.5767G>A (p.Ala1923Thr) [Conflito de patogenicidade]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: RISCO DE ARRITMIAS CARDÍACAS**

**Seus resultados**

**GENE: SCN5A**

**SNP: rs13\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Síndrome de Brugada: não foram localizados alelos de risco nessa variante.

Alterações ou mutações no gene SCN5A podem resultar em disfunções na condução elétrica do coração, levando a condições como a síndrome de Brugada, a síndrome de QT longo e a fibrilação atrial. Essas condições estão associadas a um risco elevado de arritmias e morte súbita cardíaca. Portanto, o SCN5A é um gene fundamental na eletrofisiologia cardíaca e na saúde cardiovascular, sendo alvo de pesquisa para entender melhor suas implicações em distúrbios do ritmo cardíaco.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000335.5(SCN5A):c.5380T>C (p.Tyr1794His)

**GENE: SCN5A**

**SNP: rs13\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Síndrome de Brugada: não foram localizados alelos de risco nessa variante.

Alterações ou mutações no gene SCN5A podem resultar em disfunções na condução elétrica do coração, levando a condições como a síndrome de Brugada, a síndrome de QT longo e a fibrilação atrial. Essas condições estão associadas a um risco elevado de arritmias e morte súbita cardíaca. Portanto, o SCN5A é um gene fundamental na eletrofisiologia cardíaca e na saúde cardiovascular, sendo alvo de pesquisa para entender melhor suas implicações em distúrbios do ritmo cardíaco.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000335.5(SCN5A):c.4259G>A (p.Trp1420Ter)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: RISCO DE ARRITMIAS CARDÍACAS**

**Seus resultados**

**GENE: SCN5A**

**SNP: rs13\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Síndrome de Brugada: não foram localizados alelos de risco nessa variante.

Alterações ou mutações no gene SCN5A podem resultar em disfunções na condução elétrica do coração, levando a condições como a síndrome de Brugada, a síndrome de QT longo e a fibrilação atrial. Essas condições estão associadas a um risco elevado de arritmias e morte súbita cardíaca. Portanto, o SCN5A é um gene fundamental na eletrofisiologia cardíaca e na saúde cardiovascular, sendo alvo de pesquisa para entender melhor suas implicações em distúrbios do ritmo cardíaco.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000335.5(SCN5A):c.4219G>A (p.Gly1407Arg)

**GENE: SCN5A**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Síndrome de Brugada: não foram localizados alelos de risco nessa variante.

Alterações ou mutações no gene SCN5A podem resultar em disfunções na condução elétrica do coração, levando a condições como a síndrome de Brugada, a síndrome de QT longo e a fibrilação atrial. Essas condições estão associadas a um risco elevado de arritmias e morte súbita cardíaca. Portanto, o SCN5A é um gene fundamental na eletrofisiologia cardíaca e na saúde cardiovascular, sendo alvo de pesquisa para entender melhor suas implicações em distúrbios do ritmo cardíaco.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000335.5(SCN5A):c.362G>A (p.Arg121Gln)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: PERSONALIDADE E COMPORTAMENTO

Seus resultados

## **086 - PAINEL VERSA | MENTE - PERSONALIDADE E COMPORTAMENTO**

A personalidade é o conjunto de características, padrões de pensamento, emoções e comportamentos que definem como uma pessoa interage com o mundo e com os outros. Ela é moldada por uma combinação de fatores genéticos e ambientais, incluindo experiências de vida, cultura e relações sociais. Traços de personalidade, como extroversão, abertura e neuroticismo, variam entre os indivíduos e influenciam suas reações, escolhas e estilos de vida. Embora seja relativamente estável ao longo da vida, a personalidade pode evoluir em resposta a mudanças nas circunstâncias ou ao desenvolvimento pessoal.

## **Genes Analisados**

COMT, TPH2, HTR2A, DRD4, DRD3, HTR2B, TCF4,

### **Relação Genética**

A genética influencia as tendências de personalidade ao afetar a forma como o cérebro processa neurotransmissores e hormônios relacionados ao comportamento. O gene COMT está envolvido na regulação da dopamina, um neurotransmissor associado à motivação e à recompensa, influenciando traços como tomada de riscos e controle emocional. Já o gene OXTR, que codifica o receptor de ocitocina, está relacionado à empatia, confiança e comportamento social. Variantes nesses genes podem predispor indivíduos a serem mais ou menos sociáveis, empáticos ou impulsivos, destacando a interação entre genética e ambiente na formação da personalidade.

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

Este painel analisa genes envolvidos na regulação dos neurotransmissores dopamina e serotonina, que influenciam traços como impulsividade, empatia, busca por novidades e estabilidade emocional. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam tendência a maior reatividade emocional ou comportamentos mais intensos. Conhecer esse perfil permite desenvolver estratégias de autorregulação, estimular ambientes equilibrados e promover o autoconhecimento como ferramenta para melhorar relações pessoais e decisões diárias.



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4739500/>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: PERSONALIDADE E COMPORTAMENTO

## Seus resultados

**GENE: COMT**

**SNP: rs46\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GA**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Atividade intermediária da enzima COMT, portanto, níveis moderados (nem altos, nem baixos) de dopamina extracelular pré-frontal. Perfil multitarefas. Maior risco de sobrecarga ocupacional. Maior proteção contra esquizofrenia.

O gene COMT codifica a enzima catecol-O-metiltransferase, que é responsável pela degradação de neurotransmissores como dopamina, noradrenalina e adrenalina, especialmente no córtex pré-frontal do cérebro. A dopamina é crucial para funções como regulação do humor, controle cognitivo e tomada de decisões. Variantes no gene COMT podem afetar a eficiência da degradação da dopamina, influenciando traços de personalidade, como tolerância ao estresse, impulsividade e função executiva, além de estar associadas a distúrbios como ansiedade e esquizofrenia.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Portadores de alelos AG/GA possuem características mistas entre os dois perfis principais, apresentando bom desempenho no planejamento (alelo G) e execução de tarefas (alelo A). É comum que indivíduos AG/GA não gostem tanto de trabalho em grupo, pois se sentem mais aptos a planejar e executar tarefas, podendo ser mais críticos em relação às tarefas apresentadas por seus pares. Por ser um perfil com tendência "multitarefas", há, também, maior risco de sobrecarga emocional e ocupacional.

Estudo de referência: PMID: 17008817

**GENE: DRD3**

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

**SEUS ALELOS: GA**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Comportamento menos "rígido". Menos metódico, menos insistente no padrão. Melhor capacidade de adaptação.

O gene DRD3 codifica o receptor de dopamina D3, que está envolvido na regulação de funções emocionais e cognitivas, como motivação, prazer e comportamento de recompensa. O DRD3 é predominante nas áreas do cérebro ligadas à emoção e cognição. Variantes no gene DRD3 podem estar relacionadas a características de personalidade, como impulsividade e busca por novidades, além de estarem associadas a condições como esquizofrenia e transtornos do humor.

Estudo de referência: PMID: 21691864

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: PERSONALIDADE E COMPORTAMENTO

## Seus resultados

**GENE:** TPH2

**SNP:** rs4\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** TT

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

**RISCO:** Risco normal de transtorno obsessivo-compulsivo (TOC) de início precoce. Menor tendência à oscilação grave de humor.

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.

Estudo de referência: PMID: 16146581

**GENE:** HTR2A

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

**SEUS ALELOS:** GG

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

**RISCO:** Quantidade normal de receptores de serotonina 2A no córtex pré-frontal. Risco reduzido de retraimento social.

O gene HTR2A codifica o receptor de serotonina 2A (5-HT2A), que desempenha um papel crucial na sinalização de serotonina no cérebro e em outras partes do corpo. O receptor 5-HT2A está envolvido em diversas funções biológicas, incluindo regulação do humor, percepção, cognição e comportamento. Ele também influencia o sono, o apetite e a resposta ao estresse. Variantes no gene HTR2A têm sido associadas a uma variedade de condições neuropsiquiátricas, como depressão, esquizofrenia e ansiedade, além de influenciar a resposta a medicamentos antidepressivos e antipsicóticos.

Estudo de referência: PMID 23842608

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: PERSONALIDADE E COMPORTAMENTO

## Seus resultados

**GENE: DRD4**

**SNP: rs18\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Entedia com mais facilidade. Maior suscetibilidade à busca de novidades.

O gene DRD4 codifica o receptor de dopamina D4, que influencia a motivação e o comportamento relacionado à busca por recompensas. O DRD4 está associado a traços de personalidade, como busca de sensações, impulsividade e curiosidade. Variantes no gene DRD4, como o alelo de 7 repetições, foram associadas a maior predisposição a comportamentos de risco e maior sensibilidade a recompensas, além de estar ligado a distúrbios como o transtorno do déficit de atenção e hiperatividade (TDAH).

Estudo de referência: PMID 17574217

**GENE: HTR2A**

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

**SEUS ALELOS: CT**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Menor pontuação em teste de inteligência emocional (Mayer-Salovey-Caruso Emotional Intelligence Test). Pontuação mais alta na Escala de Alexitimia de Toronto.

O gene HTR2A codifica o receptor de serotonina 2A (5-HT2A), que desempenha um papel crucial na sinalização de serotonina no cérebro e em outras partes do corpo. O receptor 5-HT2A está envolvido em diversas funções biológicas, incluindo regulação do humor, percepção, cognição e comportamento. Ele também influencia o sono, o apetite e a resposta ao estresse. Variantes no gene HTR2A têm sido associadas a uma variedade de condições neuropsiquiátricas, como depressão, esquizofrenia e ansiedade, além de influenciar a resposta a medicamentos antidepressivos e antipsicóticos.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

A IM é a capacidade de reconhecer rapidamente as expressões emocionais de outras pessoas e de expressar e gerenciar as próprias emoções. A alexitimia pode ser vista como um bloqueio parcial da inteligência emocional. Como a alexitimia se relaciona com a inteligência emocional? A relação é negativa e direta: quanto maior a alexitimia, geralmente menor a inteligência emocional. O presente estudo utilizou o teste Mayer-Salovey-Caruso Emotional Intelligence Test para a avaliação de 280 voluntários. Outros estudos indicam que a inteligência emocional parece ser maior nas mulheres.

Estudo de referência: PMID 36699706

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: PERSONALIDADE E COMPORTAMENTO

Seus resultados

**GENE:** TCF4

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

**SEUS ALELOS:** TT

**CLASSIFICAÇÃO:** Ruim

**RISCO:** Tendência mais forte de sentir mais solidão (resposta emocional negativa ao isolamento).

O gene TCF4 codifica um fator de transcrição que regula o desenvolvimento cerebral e a plasticidade sináptica, sendo crucial para o funcionamento cognitivo. Alterações no gene TCF4 estão associadas a distúrbios neuropsiquiátricos, como esquizofrenia e autismo. Variantes no gene TCF4 podem influenciar a cognição, a memória e o processamento emocional, afetando características de personalidade e comportamento.

Estudo de referência: PMID 29970889

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: BIG FIVE - PERSONALIDADE - ABERTURA**

**Seus resultados**

### **086.1 - PAINEL VERSA | 5 FATORES DA PERSONALIDADE - ABERTURA**

A dimensão da personalidade abertura se refere à tendência de uma pessoa ser criativa, curiosa, imaginativa e aberta a novas experiências e ideias. Indivíduos com maior domínio nessa dimensão tendem a apreciar arte, explorar novidades, questionar o convencional e buscar aprendizado constante. Já pessoas com menor domínio de abertura costumam preferir rotinas, familiaridade e praticidade, sendo mais conservadoras em suas opiniões e estilos de vida. Nenhum dos extremos é melhor ou pior — a abertura influencia como cada pessoa se relaciona com o mundo, com suas preferências por inovação, mudança e conhecimento.

## **Genes Analisados**

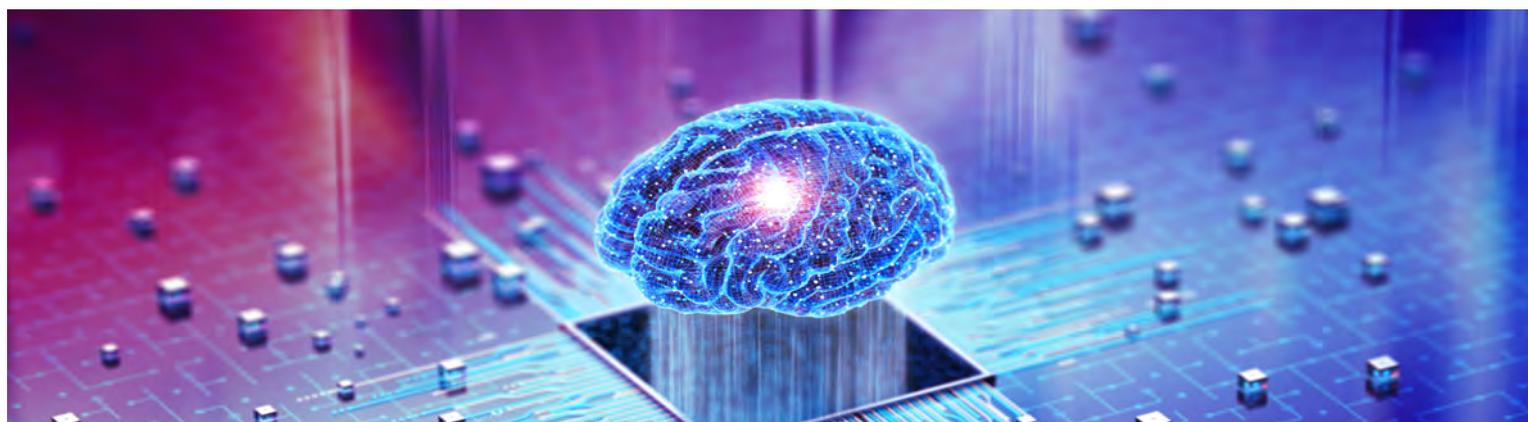
**DBH, Intergene, ZNF285B, FUNDC1,**

### **Relação Genética**

Estudos como o "Genome-wide association scan for five major dimensions of personality" e o "Meta-analysis of genome-wide association studies for personality" buscaram identificar variantes genéticas associadas a cada uma das cinco dimensões da personalidade. Os fenótipos de personalidade, medidos por vários questionários, são representados por pontuações quantitativas contínuas para cada uma das cinco características. A Abertura indica até que ponto uma pessoa está aberta a novas experiências e ideias. Alguém com um alto nível de abertura é imaginativo, curioso e de mente aberta.

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

Os genes analisados neste painel estão ligados à criatividade, interesse por novas ideias e capacidade de pensamento abstrato — características associadas ao traço de Abertura à Experiência, nos modelos de personalidade. Alterações genéticas podem modular a intensidade com que esses traços se expressam. Sinalizações amarelas ou vermelhas podem indicar a menor abertura ou curiosidade. Nesses casos, estimular vivências culturais, aprendizado contínuo e expressão criativa pode fortalecer esse aspecto da personalidade.



[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23903073](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23903073)

[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21173776](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21173776)

[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27067015](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27067015)

[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29255261](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29255261)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

### Categoria no resumo: BIG FIVE - PERSONALIDADE - ABERTURA

### Seus resultados

**GENE:** ZNF285B

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

**SEUS ALELOS:** TT

**CLASSIFICAÇÃO:** Ruim

**RISCO:** Pontuação reduzida para abertura em teste de cinco dimensões da personalidade. Extroversão reduzida: mais introvertido e reservado. Menos sociável, menos confiante, emocionalmente reflexivo.

No contexto do sistema nervoso, ZNF285B pode estar envolvido em processos cruciais de desenvolvimento neuronal e plasticidade sináptica, que são fundamentais para a formação e modulação de conexões entre os neurônios. O cérebro utiliza a regulação genética para adaptar suas redes neuronais ao longo do tempo, seja por aprendizado, memória ou resposta a experiências.

#### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Indivíduos com baixa pontuação em Abertura tendem a valorizar a familiaridade, a rotina e a tradição. São mais práticos, realistas e preferem estruturas já consolidadas, demonstrando menor interesse por abstrações ou inovações.

Estudo de referência: PMC2874623 [3972 indivíduos - população geneticamente isolada na Sardenha]

**GENE:** DBH

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

**SEUS ALELOS:** CC

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

**RISCO:** Scores mais baixos de busca de novidades. Menos neuroticismo. Menos impulsivo e baixa tendência à hostilidade agressiva.

O gene DBH codifica a dopamina beta-hidroxilase, uma enzima essencial para a conversão de dopamina em noradrenalina (ou norepinefrina), um neurotransmissor fundamental no cérebro e em outras partes do sistema nervoso. A dopamina é convertida em noradrenalina pela ação da dopamina beta-hidroxilase, e a noradrenalina desempenha um papel crucial na regulação do humor, atenção, resposta ao estresse e várias funções cognitivas. No contexto cerebral, a noradrenalina está envolvida em processos como a atenção, a memória de trabalho, a motivação e a regulação emocional.

#### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

No contexto da saúde e bem-estar, compreender o nível de Abertura pode auxiliar na personalização de estratégias terapêuticas, educacionais e motivacionais. Indivíduos mais abertos, por exemplo, podem responder melhor a abordagens inovadoras ou baseadas em experimentação, enquanto pessoas menos abertas podem se beneficiar de planos estruturados e progressivos.

Estudo de referência: PMID 18982239

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: BIG FIVE - PERSONALIDADE - CONSCIENCIOSIDADE

Seus resultados

## **086.2 - PAINEL VERSA | MENTE - 5 FATORES DA PERSONALIDADE - CONSCIENCIOSIDADE**

A dimensão da personalidade conscienciosidade está relacionada à organização, disciplina, responsabilidade e foco em metas. Indivíduos com maior domínio nessa dimensão tendem a ser planejados, persistentes, confiáveis e cuidadosos com detalhes, mostrando alta autodisciplina. Já pessoas com menor domínio podem ser mais impulsivas, desorganizadas e ter dificuldade em manter rotinas ou cumprir prazos. A conscienciosidade influencia diretamente o desempenho em tarefas e a capacidade de manter hábitos consistentes, sendo um traço ligado à realização pessoal e profissional.

## **Genes Analisados**

IGF2BP3, COL19A1,

### **Relação Genética**

Estudos como o "Genome-wide association scan for five major dimensions of personality" buscaram identificar variantes genéticas associadas a cada uma das cinco dimensões da personalidade. Os fenótipos de personalidade, medidos por vários questionários, são representados por pontuações quantitativas contínuas para cada uma das cinco características. Conscienciosidade (versus falta de confiabilidade) é o traço de personalidade de ser cuidadoso ou diligente. É a qualidade de ser justo com os outros e se responsabilizar moralmente pelo seu trabalho.

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

Os genes analisados neste painel influenciam a organização, disciplina e autocontrole, traços associados à conscienciosidade. Alterações em IGF2BP3 e COL19A1 podem modular a tendência a ser mais cuidadoso, persistente e responsável. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam menor predisposição a esses comportamentos. Nestes casos, criar rotinas claras, usar lembretes visuais e praticar o foco em metas pode ajudar no fortalecimento da estrutura pessoal e produtividade.



[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23903073](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23903073)

[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21173776](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21173776)

[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27067015](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27067015)

[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29255261](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29255261)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: BIG FIVE - PERSONALIDADE - CONSCIENCIOSIDADE**

**Seus resultados**

**GENE: IGF2BP3**

**SNP: rs3\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Conscienciosidade muito aumentada. Preferência pelo comportamento planejado em vez do espontâneo.

No contexto cerebral, o IGF2BP3 está envolvido em processos cruciais para o funcionamento do sistema nervoso, como a plasticidade sináptica, a cicatrização neuronal e a formação de conexões neurais. A proteína pode influenciar a expressão de genes necessários para o desenvolvimento e a manutenção das células nervosas, ajudando na comunicação entre os neurônios. Esse papel é especialmente importante durante o desenvolvimento do cérebro e em processos como a aprendizagem e a memória, onde a regulação precisa da expressão gênica é fundamental.

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

Pessoas com alta pontuação nessa dimensão tendem a ser organizadas, persistentes, confiáveis e orientadas por objetivos. Mostram maior propensão a cumprir prazos, manter rotinas e agir com cautela e precisão.

Estudo de referência: PMID 23903073

**GENE: COL19A1**

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

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Pontuação reduzida para conscienciosidade no teste NEO Five-Factor Inventory.

O COL19A1 está presente em diversas áreas do sistema nervoso central, incluindo o cérebro, e contribui para a formação e a manutenção da rede estrutural que suporta os neurônios. Ele participa na organização do espaço extracelular ao redor das células nervosas, ajudando na formação de sinapses e na comunicação entre os neurônios. Alterações ou mutações no gene COL19A1 podem levar a disfunções na matriz extracelular, o que pode afetar o desenvolvimento do cérebro e levar a distúrbios neurológicos. Embora mais pesquisas sejam necessárias para entender completamente o papel desse gene nas doenças cerebrais, evidências sugerem que ele pode estar envolvido em condições como o autismo e outros distúrbios do desenvolvimento cerebral.

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

Use o autoconhecimento a seu favor: Baixa conscienciosidade pode estar associada a impulsividade ou procrastinação. Reconhecer esses padrões ajuda a criar estratégias — como colocar lembretes visuais ou evitar ambientes muito tentadores.

Estudo de referência: PMC2874623 [3972 indivíduos - população geneticamente isolada na Sardenha]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: BIG FIVE - PERSONALIDADE - EXTROVERSÃO**

**Seus resultados**

### **086.3 - PAINEL VERSA | MENTE - 5 FATORES DA PERSONALIDADE - EXTROVERSÃO**

A dimensão da personalidade extroversão refere-se ao grau de sociabilidade, energia e entusiasmo que uma pessoa demonstra em interações sociais. Indivíduos com maior domínio nessa dimensão tendem a ser comunicativos, assertivos, animados e sentir-se revitalizados em ambientes com outras pessoas. Já aqueles com menor domínio são mais reservados, introspectivos e preferem atividades solitárias ou em pequenos grupos, sem que isso indique timidez ou insegurança. A extroversão influencia como cada pessoa busca estímulos e se conecta socialmente, mas tanto extrovertidos quanto introvertidos podem ter relacionamentos saudáveis e vidas sociais ricas, cada um ao seu modo.

## **Genes Analisados**

**ZNF285B, CDH23, CDH13,**

### **Relação Genética**

Estudos como o "Genome-wide association scan for five major dimensions of personality" buscaram identificar variantes genéticas associadas a cada uma das cinco dimensões da personalidade. Extroversão (versus introversão) reflete a capacidade de entusiasmos. Pessoas extrovertidas são falantes e não se importam em ser o centro das atenções. **IMPORTANTE: GENE BDNF:** Variantes nesse gene têm sido associadas a níveis mais altos de introversão. Verifique os seus alelos de BDNF no painel 090. Transtornos do Humor e Depressão.

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

Os genes deste painel influenciam a sociabilidade, energia em grupo e expressão emocional. Alterações em ZNF285B, CDH23 e CDH13 podem impactar a facilidade de interação social. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam tendência à introversão ou retraimento. Vale lembrar que o gene BDNF, analisado no painel de transtornos do humor, também impacta diretamente esse traço — sua baixa expressão está relacionada à introversão. Ambientes acolhedores e treinamentos sociais podem ser úteis para desenvolver a extroversão.



[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23903073](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23903073)

[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21173776](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21173776)

[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27067015](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27067015)

[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29255261](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29255261)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

## Categoria no resumo: BIG FIVE - PERSONALIDADE - EXTROVERSÃO

## Seus resultados

**GENE: ZNF285B**

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

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Pontuação reduzida para abertura em teste de cinco dimensões da personalidade. Extroversão reduzida: mais introvertido e reservado. Menos sociável, menos confiante, emocionalmente reflexivo.

No contexto do sistema nervoso, ZNF285B pode estar envolvido em processos cruciais de desenvolvimento neuronal e plasticidade sináptica, que são fundamentais para a formação e modulação de conexões entre os neurônios. O cérebro utiliza a regulação genética para adaptar suas redes neuronais ao longo do tempo, seja por aprendizado, memória ou resposta a experiências.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Indivíduos com baixa pontuação em Abertura tendem a valorizar a familiaridade, a rotina e a tradição. São mais práticos, realistas e preferem estruturas já consolidadas, demonstrando menor interesse por abstrações ou inovações.

Estudo de referência: PMC2874623 [3972 indivíduos - população geneticamente isolada na Sardenha]

**GENE: CDH13**

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

**SEUS ALELOS: AG**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Pontuação levemente reduzida para extroversão no teste Revised NEO Personality Inventory (NEO-PI-R).

O gene CDH13 codifica a cadherina 13, uma proteína de adesão celular que desempenha um papel importante na organização das células no cérebro e em outros tecidos. No cérebro, a CDH13 tem um papel importante na plasticidade sináptica, que é a capacidade dos neurônios de se adaptarem e alterarem suas conexões com base em experiências e aprendizado. Isso é crucial para funções cognitivas, como memória, aprendizado e comportamento. Além disso, a cadherina 13 também está envolvida na regulação do crescimento neuronal e na manutenção da integridade das células cerebrais.

Alterações no gene CDH13 têm sido associadas a vários distúrbios neurológicos e psiquiátricos, como

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Indivíduos com baixa extroversão (frequentemente classificados como introvertidos) preferem interações sociais mais discretas, ambientes tranquilos e atividades que exijam menor exposição. Isso não significa ausência de habilidades sociais, mas uma preferência por contextos com menor carga estimulante.

Estudo de referência: PMC2874623 [3972 indivíduos - população geneticamente isolada na Sardenha]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: BIG FIVE - PERSONALIDADE - EXTROVERSÃO**

**Seus resultados**

**GENE: CDH23**

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

**SEUS ALELOS: AC**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Pontuação mais alta para extroversão no teste de cinco dimensões da personalidade.

O gene CDH23 codifica a cadherina 23, uma proteína que faz parte de uma família de proteínas de adesão celular. A cadherina 23 é essencial para a formação e a manutenção de conexões entre células, particularmente nas células do sistema nervoso. Ela desempenha um papel crucial na aderência celular e na estabilidade das sinapses, estruturas responsáveis pela comunicação entre os neurônios. No cérebro, a cadherina 23 é especialmente importante nas células ciliadas da cóclea, que estão envolvidas na audição, mas também tem um papel no cérebro, onde é implicada em processos de plasticidade neuronal, maturação sináptica e desenvolvimento neuronal. Alterações ou mutações no gene CDH23 têm sido associadas a

Estudo de referência: PMID 18957941

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: BIG FIVE - PERSONALIDADE - AMABILIDADE**

**Seus resultados**

### **086.4 - PAINEL VERSA | 5 FATORES DA PERSONALIDADE - AMABILIDADE**

A dimensão da personalidade amabilidade (ou afabilidade) reflete o grau de empatia, gentileza, cooperação e consideração que uma pessoa demonstra nas relações interpessoais. Indivíduos com maior domínio nessa dimensão tendem a ser calorosos, confiáveis, altruístas e dispostos a ajudar os outros. Já aqueles com menor domínio podem ser mais competitivos, céticos ou diretos, priorizando suas próprias necessidades e opiniões. A amabilidade influencia a qualidade das interações sociais e a facilidade em construir relações harmoniosas, mas seu equilíbrio depende do contexto e da personalidade como um todo.

## **Genes Analisados**

**CLOCK, Intergene,**

### **Relação Genética**

Estudos como o "Genome-wide association scan for five major dimensions of personality" buscaram identificar variantes genéticas associadas a cada uma das cinco dimensões da personalidade. Os fenótipos de personalidade, medidos por vários questionários, são representados por pontuações quantitativas contínuas para cada uma das cinco características. Amabilidade (versus antagonismo) é a tendência de mostrar compaixão, confiança e ser útil, altruísta ou cooperativo com os outros.

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

O gene CLOCK, além de sua função no ciclo circadiano, também influencia traços emocionais e sociais. Alterações nesse gene podem impactar o comportamento cooperativo e a empatia. Sinalizações amarelas ou vermelhas podem indicar menor amabilidade, maior tendência à crítica ou competitividade — traço que, em alguns modelos, é chamado de "antagonismo". Nestes casos, desenvolver habilidades sociais e de escuta ativa pode melhorar as relações interpessoais e o convívio em grupo.



[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23903073](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23903073)

[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21173776](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21173776)

[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27067015](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27067015)

[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29255261](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29255261)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: BIG FIVE - PERSONALIDADE - AMABILIDADE**

**Seus resultados**

**GENE: CLOCK**

**SNP: rs68\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GA**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Pontuação mais baixa para amabilidade no teste de cinco dimensões da personalidade. Amabilidade levemente reduzida. Menos amigável.

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.

Estudo de referência: PMID 18957941 [Grupo de 3972 sardos. Replicado em amostra americana]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: BIG FIVE - PERSONALIDADE - NEUROTICISMO

Seus resultados

### **086.5 - PAINEL VERSA | MENTE - 5 FATORES DA PERSONALIDADE - NEUROTICISMO**

A dimensão da personalidade neuroticismo está relacionada à estabilidade emocional e à tendência de experimentar emoções negativas, como ansiedade, irritabilidade e tristeza. Indivíduos com maior domínio nessa dimensão tendem a ser mais sensíveis ao estresse, reagindo com maior intensidade a situações desafiadoras ou incertas. Já pessoas com menor domínio de neuroticismo são geralmente mais calmas, resilientes e emocionalmente equilibradas, mesmo diante de pressões. Essa característica não define o valor da pessoa, mas influencia como ela lida com emoções, conflitos e adversidades no dia a dia.

## **Genes Analisados**

DBH, SNAP25,

### **Relação Genética**

Estudos como o "Genome-wide association scan for five major dimensions of personality" e o "Meta-analysis of genome-wide association studies for personality" buscaram identificar variantes genéticas associadas a cada uma das cinco dimensões da personalidade. Os fenótipos de personalidade, medidos por vários questionários, são representados por pontuações quantitativas contínuas para cada uma das cinco características. O neuroticismo (versus estabilidade emocional) é uma tendência a experimentar facilmente emoções negativas ante eventos comuns da vida.

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

DBH e SNAP25 estão envolvidos na regulação dopaminérgica e noradrenérgica, afetando o controle emocional e a reatividade a estressores. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam tendência a maior ansiedade, instabilidade emocional ou sensibilidade ao ambiente. Curiosamente, há relação entre neuroticismo e o traço de abertura: pessoas menos abertas a experiências costumam ser também menos impulsivas e emocionalmente mais estáveis. Técnicas de mindfulness e regulação emocional são indicadas para esses perfis.



[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23903073](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23903073)

[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21173776](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/21173776)

[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27067015](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27067015)

[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29255261](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/29255261)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: BIG FIVE - PERSONALIDADE - NEUROTICISMO

## Seus resultados

**GENE:** DBH

**SNP:** rs16\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** CC

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

**RISCO:** Scores mais baixos de busca de novidades. Menos neuroticismo. Menos impulsivo e baixa tendência à hostilidade agressiva.

O gene DBH codifica a dopamina beta-hidroxilase, uma enzima essencial para a conversão de dopamina em noradrenalina (ou norepinefrina), um neurotransmissor fundamental no cérebro e em outras partes do sistema nervoso. A dopamina é convertida em noradrenalina pela ação da dopamina beta-hidroxilase, e a noradrenalina desempenha um papel crucial na regulação do humor, atenção, resposta ao estresse e várias funções cognitivas. No contexto cerebral, a noradrenalina está envolvida em processos como a atenção, a memória de trabalho, a motivação e a regulação emocional.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

No contexto da saúde e bem-estar, compreender o nível de Abertura pode auxiliar na personalização de estratégias terapêuticas, educacionais e motivacionais. Indivíduos mais abertos, por exemplo, podem responder melhor a abordagens inovadoras ou baseadas em experimentação, enquanto pessoas menos abertas podem se beneficiar de planos estruturados e progressivos.

Estudo de referência: PMID 18982239

**GENE:** SNAP25

**SNP:** rs36\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** GG

**CLASSIFICAÇÃO:** Ruim

**RISCO:** Neuroticismo aumentado. Maior instabilidade emocional, ansiedade, oscilações de humor, baixa autoestima e menor resiliência ao estresse. Baixa habilidade de pensamento associativo convergente.

O gene SNAP25 codifica a proteína SNAP-25, que é um componente essencial do complexo que facilita a fusão de vesículas sinápticas e a liberação de neurotransmissores nas sinapses. Essa proteína desempenha um papel fundamental na comunicação entre neurônios e na plasticidade sináptica, que são vitais para o aprendizado e a memória. Alterações ou variantes no gene SNAP25 podem influenciar a função sináptica e estão associadas a condições como esquizofrenia e transtornos do humor.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Esse traço não está diretamente relacionado a uma condição clínica, mas sim à tendência disposicional de reagir emocionalmente aos desafios da vida. Pessoas com altos níveis de neuroticismo tendem a experimentar emoções negativas com maior frequência e intensidade — como ansiedade, irritabilidade, insegurança ou tristeza.

Estudo de referência: PMID 21173776, 30083479 [Testes: Guildford Unusual Using Test e Remote Associates Test]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: OCITOCINA E EMPATIA**

**Seus resultados**

### **086.6 - PAINEL VERSA | MENTE - CAPACIDADE DE EMPATIA**

A ocitocina, conhecida como o "hormônio do amor", desempenha um papel crucial na regulação de emoções e comportamentos sociais, como sensibilidade emocional e empatia. Ela é liberada em momentos de interação social, como abraços, contato físico e vínculos afetivos, promovendo sentimentos de confiança e conexão entre as pessoas. A sensibilidade à ocitocina varia entre indivíduos, influenciada por fatores genéticos, como o gene OXTR, que codifica o receptor de ocitocina. Pessoas com maior sensibilidade à ocitocina tendem a demonstrar níveis mais elevados de empatia e habilidades sociais, sendo mais capazes de compreender e responder às emoções dos outros.

## **Genes Analisados**

**OXTR,**

### **Relação Genética**

A genética influencia os níveis de ocitocina e a forma como o corpo responde a esse hormônio. O gene OXTR, que codifica o receptor de ocitocina, desempenha um papel importante na sensibilidade à ocitocina. Variantes nesse gene podem afetar a capacidade do corpo de reconhecer e utilizar a ocitocina, impactando o comportamento social, a empatia e o vínculo emocional. Pessoas com certas variantes genéticas podem ter uma resposta mais acentuada ou reduzida à ocitocina, o que pode influenciar a forma como interagem socialmente e processam emoções. Assim, a predisposição genética pode afetar diretamente a maneira como a ocitocina regula a conexão social e emocional.

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

O gene OXTR codifica o receptor da ocitocina, hormônio relacionado ao vínculo, empatia e leitura emocional. Alterações nesse gene podem afetar a resposta afetiva e social. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam menor expressão do receptor e maior dificuldade na percepção emocional do outro. Quando a sinalização é vermelha, indicando expressão muito reduzida de OXTR, estudos apontam correlação com traços de espectro autista. Treinos de habilidades sociais e contato afetivo seguro são importantes para fortalecer esse aspecto.



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4739500/>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

## Categoria no resumo: OCITOCINA E EMPATIA

## Seus resultados

**GENE: OXTR**

**SNP: rs53\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Mais empatia compassiva e mais otimista. Mais sociável. A rejeição social afeta os níveis de cortisol e a pressão arterial. Risco aumentado de ansiedade de separação (adulto e criança). Maior ansiedade em adultos deprimidos.

O gene OXTR codifica o receptor de ocitocina, um hormônio envolvido na regulação de comportamentos sociais, empatia e vínculo emocional. A ocitocina desempenha um papel importante nas interações sociais, nas respostas ao estresse e na formação de vínculos afetivos. Variantes no gene OXTR podem influenciar a sensibilidade à ocitocina e estão associadas a diferenças na empatia, confiança e comportamento social, além de estarem relacionadas a condições como autismo e transtornos de ansiedade.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Estudos demonstram que os portadores de alelos GG no SNP rs53576 se beneficiam mais de apoio emocional e são mais propensos a apoiarem os seus pares.

Estudo de referência: PMID 19934046 [Empatia], 20724662 [Suporte/Estresse], 19376182 [Solidão], 22084107 [Social]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: RISCO DE VÍCIOS E COMPULSÕES

Seus resultados

### **087 - PAINEL VERSA | MENTE - SENSAÇÃO DE RECOMPENSA E DEPENDÊNCIA**

A dopamina é um neurotransmissor crucial no cérebro, envolvido em várias funções, como controle motor, motivação, recompensa e regulação do humor. Ela desempenha um papel central no sistema de recompensas, influenciando comportamentos ligados ao prazer e à motivação para atingir objetivos. Além disso, níveis equilibrados de dopamina são essenciais para o bem-estar emocional e cognitivo. Desequilíbrios na dopamina estão associados a várias condições, como depressão, Parkinson e dependência. Estímulos positivos, como atividades prazerosas e exercício físico, podem aumentar a liberação de dopamina, promovendo sensação de satisfação e prazer.

## **Genes Analisados**

**DRD2, DRD1, CHRNA5, SLC6A3, FAAH, DRD3,**

### **Relação Genética**

A genética influencia a produção e a regulação da dopamina, afetando a forma como o cérebro responde à sensação de recompensa. O gene DRD2, por exemplo, codifica receptores de dopamina e está relacionado à sensibilidade do sistema de recompensa. Variantes nesse gene podem afetar a maneira como uma pessoa experimenta prazer e motivação, tornando alguns indivíduos mais suscetíveis a buscar estímulos intensos ou a desenvolver dependências. Além disso, o gene COMT regula a degradação da dopamina no cérebro, influenciando a capacidade de manter níveis estáveis desse neurotransmissor, o que impacta o controle emocional e a busca por recompensas.

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

Este painel avalia genes envolvidos no sistema dopaminérgico e no controle da resposta à recompensa. Alterações em DRD2, FAAH e SLC6A3 podem aumentar a sensibilidade ao prazer imediato e à impulsividade. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de compulsões, dependência ou busca excessiva por estímulos. Nestes casos, recomenda-se estratégias de autocontrole, atenção plena e ambientes estruturados que reduzam exposições a gatilhos compulsivos.



<https://www.snpedia.com/index.php/Dopamine/all>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: RISCO DE VÍCIOS E COMPULSÕES

## Seus resultados

**GENE: DRD1**

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

**SEUS ALELOS: GA**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Expressão DRD1 intermediária. Sensação de recompensa levemente prejudicada.

O gene DRD1 codifica o receptor de dopamina D1, que é o receptor de dopamina mais abundante no cérebro e desempenha um papel crucial na regulação de funções cognitivas, emocionais e motoras. O receptor D1 está envolvido na mediação dos efeitos da dopamina, facilitando a ativação de vias de sinalização que promovem a motivação, o aprendizado, a memória e a sensação de recompensa. Esse receptor também influencia o comportamento relacionado à busca de recompensas e ao controle de impulsos. Variantes no gene DRD1 podem estar associadas a diferenças na motivação, cognição e resposta ao estresse, além de influenciar a predisposição a distúrbios como esquizofrenia, transtornos de humor e dependência de substâncias.

Estudo de referência: PMID: 18092181

**GENE: DRD1**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de compulsão e comportamento aditivo. Bom desempenho no planejamento estratégico.

O gene DRD1 codifica o receptor de dopamina D1, que é o receptor de dopamina mais abundante no cérebro e desempenha um papel crucial na regulação de funções cognitivas, emocionais e motoras. O receptor D1 está envolvido na mediação dos efeitos da dopamina, facilitando a ativação de vias de sinalização que promovem a motivação, o aprendizado, a memória e a sensação de recompensa. Esse receptor também influencia o comportamento relacionado à busca de recompensas e ao controle de impulsos. Variantes no gene DRD1 podem estar associadas a diferenças na motivação, cognição e resposta ao estresse, além de influenciar a predisposição a distúrbios como esquizofrenia, transtornos de humor e dependência de substâncias.

Estudo de referência: PMID: 19500151

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: RISCO DE VÍCIOS E COMPULSÕES

## Seus resultados

**GENE: DRD3**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Sensação de recompensa prejudicada. Pior cognição executiva em pacientes com psicose. Aumento do risco de compulsão e comportamento aditivo. Mais chances de dependência de álcool. Resposta aumentada à paroxetina.

O gene DRD3 codifica o receptor de dopamina D3, que está envolvido na regulação de funções emocionais e cognitivas, como motivação, prazer e comportamento de recompensa. O DRD3 é predominante nas áreas do cérebro ligadas à emoção e cognição. Variantes no gene DRD3 podem estar relacionadas a características de personalidade, como impulsividade e busca por novidades, além de estarem associadas a condições como esquizofrenia e transtornos do humor.

Estudo de referência: PMID: 25660313 [Alcoolismo], 18351593 [Função executiva], PharmGKB: 982047849

**GENE: SLC6A3**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Em alcoólatras, probabilidade de beber mais. Aumento do desejo por bebida alcoólica. 2x maior risco de abstinência severa de álcool. Aumento do risco de tabagismo precoce.

O gene SLC6A3 codifica o transportador de dopamina (DAT), uma proteína responsável pela recaptação da dopamina das sinapses de volta para os neurônios, regulando assim os níveis desse neurotransmissor no cérebro. A dopamina está envolvida em funções cruciais, como controle motor, recompensa, motivação e regulação do humor. O transportador DAT desempenha um papel fundamental na modulação da sinalização dopaminérgica, influenciando o equilíbrio entre excitação e inibição neuronal. Variantes no gene SLC6A3 estão associadas a diferenças na sensibilidade à dopamina, o que pode impactar o comportamento, a predisposição a vícios, transtornos como TDAH e condições como a doença de Parkinson.

Estudo de referência: PMID 14685824

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: RISCO DE VÍCIOS E COMPULSÕES

## Seus resultados

**GENE: CHRNA5**

**SNP: rs16\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GA**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Risco ligeiramente maior de dependência de nicotina.

O gene CHRNA5 codifica uma subunidade do receptor nicotínico de acetilcolina, que está envolvido na transmissão sináptica no sistema nervoso central e periférico. Esse receptor responde à acetilcolina e também à nicotina, desempenhando um papel importante na regulação do vício em nicotina e tabagismo. Variantes no gene CHRNA5 estão associadas a um risco aumentado de dependência de nicotina, bem como a maior suscetibilidade a doenças relacionadas ao tabagismo, como câncer de pulmão e doenças cardiovasculares.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Este SNP também está associado ao menor risco de dependência de cocaína.

Estudo de referência: PMID 18519524

**GENE: FAAH**

**SNP: rs3\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CA**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Aumento do risco de abuso de substâncias.

O gene FAAH codifica a enzima amida hidrolase de ácido graxo, que está envolvida na degradação de endocanabinoides, como a anandamida. Os endocanabinoides são neurotransmissores que regulam o humor, a dor, o apetite e o estresse, atuando em receptores canabinoides no cérebro. A FAAH é responsável por regular os níveis de endocanabinoides, e variantes no gene FAAH podem influenciar a resposta ao estresse, à dor e à ansiedade, bem como a predisposição a comportamentos aditivos e o controle emocional.

Estudo de referência: PMID 27394933

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: RISCO DE VÍCIOS E COMPULSÕES**

**Seus resultados**

**GENE: FAAH**

**SNP: rs41\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Aumento do risco de transtorno por uso de cannabis.

O gene FAAH codifica a enzima amida hidrolase de ácido graxo, que está envolvida na degradação de endocanabinoides, como a anandamida. Os endocanabinoides são neurotransmissores que regulam o humor, a dor, o apetite e o estresse, atuando em receptores canabinoides no cérebro. A FAAH é responsável por regular os níveis de endocanabinoides, e variantes no gene FAAH podem influenciar a resposta ao estresse, à dor e à ansiedade, bem como a predisposição a comportamentos aditivos e o controle emocional.

Estudo de referência: PMC4983484

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: RISCO DE ANSIEDADE**

**Seus resultados**

### **088 - PAINEL VERSA | MENTE - RISCO DE ANSIEDADE**

A ansiedade é uma resposta natural do corpo ao estresse, caracterizada por sentimentos de preocupação, apreensão e medo em relação a eventos futuros. Embora seja normal sentir ansiedade ocasionalmente, a ansiedade crônica ou desproporcional pode interferir na vida diária e evoluir para transtornos de ansiedade, como transtorno de ansiedade generalizada ou fobia. Fatores genéticos, ambientais e psicológicos contribuem para o desenvolvimento da ansiedade, que pode ser gerida através de técnicas de relaxamento, terapia cognitivo-comportamental e, em alguns casos, medicação. A identificação precoce e o tratamento adequado são essenciais para melhorar a qualidade de vida de quem sofre de ansiedade.

## **Genes Analisados**

**ADORA2A, TPH2, OXTR, RGS2, SLC6A4,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel importante na predisposição à ansiedade, influenciando a regulação de neurotransmissores como a serotonina, dopamina e GABA, que afetam o humor e a resposta ao estresse. Variantes genéticas podem aumentar a sensibilidade ao estresse e o risco de desenvolver transtornos de ansiedade. Além disso, mutações no gene COMT, que regula a degradação de dopamina, podem impactar o controle emocional e a resposta a situações estressantes. Embora a genética contribua para a ansiedade, fatores ambientais e psicológicos também desempenham um papel importante no seu desenvolvimento.

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

Este painel avalia genes ligados à regulação da serotonina, ocitocina e sensibilidade ao estresse. Alterações podem levar a maior reatividade emocional e ansiedade antecipatória. ADORA2A, sensível à cafeína e outros estimulantes, pode agravar sintomas ansiosos. OXTR, quando hiperexpresso, está relacionado à ansiedade de separação. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior vulnerabilidade à ansiedade. Nestes casos, técnicas de relaxamento, atividade física e atenção à ingestão de cafeína são fundamentais.



<https://www.healthline.com/health/mental-health/is-anxiety-genetic#causes>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: RISCO DE ANSIEDADE

## Seus resultados

**GENE: ADORA2A**

**SNP: rs57\*\*\*\*\***

**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]

**GENE: OXTR**

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

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Mais empatia compassiva e mais otimista. Mais sociável. A rejeição social afeta os níveis de cortisol e a pressão arterial. Risco aumentado de ansiedade de separação (adulto e criança). Maior ansiedade em adultos deprimidos.

O gene OXTR codifica o receptor de ocitocina, um hormônio envolvido na regulação de comportamentos sociais, empatia e vínculo emocional. A ocitocina desempenha um papel importante nas interações sociais, nas respostas ao estresse e na formação de vínculos afetivos. Variantes no gene OXTR podem influenciar a sensibilidade à ocitocina e estão associadas a diferenças na empatia, confiança e comportamento social, além de estarem relacionadas a condições como autismo e transtornos de ansiedade.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Estudos demonstram que os portadores de alelos GG no SNP rs53576 se beneficiam mais de apoio emocional e são mais propensos a apoiarem os seus pares.

Estudo de referência: PMID 19934046 [Empatia], 20724662 [Suporte/Estresse], 19376182 [Solidão], 22084107 [Social]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: RISCO DE ANSIEDADE

## Seus resultados

**GENE:** TPH2

**SNP:** rs4\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** GG

**CLASSIFICAÇÃO:** Ruim

**RISCO:** Pontuações mais altas nos traços de personalidade relacionados à ansiedade. Conversão reduzida de triptofano em serotonina, maior risco de TDAH e depressão. Menor resposta ao citalopram.

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:

Verifique seu gene BDNF. As interações entre diferentes variantes genéticas também podem ser importantes. Existem alguns estudos interessantes que analisam a combinação de portadores dos genótipos rs4570625 com os genótipos BDNF (rs6265). Aqueles com rs4570625 GG e rs6265 TT eram mais propensos a ter "inibição prejudicada de conteúdo emocional negativo" [PMC5047464].

Estudo de referência: PMID 28342337 [Ansiedade], 29314569 [Depressão], 27199691 [Trapaça], PharmGKB: 14447040

**GENE:** RGS2

**SNP:** rs4\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** CC

**CLASSIFICAÇÃO:** Ruim

**RISCO:** 4x mais risco de transtorno de ansiedade generalizada.

O gene RGS2 codifica a proteína reguladora de sinalização G (RGS2), que desempenha um papel importante na modulação das vias de sinalização mediadas por receptores acoplados à proteína G, incluindo aqueles relacionados à regulação de neurotransmissores como a serotonina e a noradrenalina. A RGS2 atua limitando a duração e a intensidade das respostas de neurotransmissão, ajudando a controlar a excitação e o estresse. Variantes no gene RGS2 têm sido associadas a um risco aumentado de ansiedade, pois alterações na função dessa proteína podem prejudicar a regulação adequada das respostas ao estresse e à excitabilidade emocional, aumentando a vulnerabilidade ao desenvolvimento de transtornos de ansiedade.

Estudo de referência: PMID 18316676

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: RISCO DE ANSIEDADE

Seus resultados

**GENE: SLC6A4**

**SNP: rs14\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CT**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Aumento da suscetibilidade ao transtorno do pânico e transtorno de ansiedade social.

O gene SLC6A4 codifica o transportador de serotonina (SERT), uma proteína responsável pela recaptação da serotonina das sinapses de volta para os neurônios, regulando os níveis desse neurotransmissor no cérebro. A serotonina desempenha um papel crucial na regulação do humor, emoções e resposta ao estresse. Variantes no gene SLC6A4, como o polimorfismo 5-HTTLPR, estão associadas ao risco de ansiedade, pois influenciam a eficiência do transporte de serotonina. Indivíduos com certas variantes podem ter maior sensibilidade ao estresse e menor regulação emocional, o que aumenta a vulnerabilidade ao desenvolvimento de transtornos de ansiedade e depressão.

Estudo de referência: PMID: 18663369

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CORTISOL E RISCO DE ESTRESSE PÓS-TRAUMÁTICO**

**Seus resultados**

### **089 - PAINEL VERSA | MENTE - TRANSTORNO DO ESTRESSE PÓS-TRAUMÁTICO**

O estresse pós-traumático (TEPT) é um transtorno de ansiedade que ocorre após a exposição a eventos traumáticos, como acidentes, violência ou desastres naturais. Pessoas com TEPT podem reviver a experiência traumática por meio de flashbacks, pesadelos e reações emocionais intensas, além de evitarem situações que lembram o trauma. O TEPT também pode causar sintomas como insônia, irritabilidade e dificuldade de concentração. Fatores genéticos, predisposição psicológica e o ambiente influenciam o desenvolvimento do transtorno. O tratamento geralmente envolve terapia cognitivo-comportamental e, em alguns casos, medicamentos para ajudar a controlar os sintomas e melhorar a qualidade de vida.

## **Genes Analisados**

**FKBP5, CHCR1, CRHR1, NR3C2, SERPINA6, NR3C1,**

### **Relação Genética**

A genética influencia a regulação do cortisol, o principal hormônio do estresse, e está diretamente relacionada à resposta ao estresse pós-traumático (TEPT). Variantes em genes como o FKBP5, que regula a sensibilidade do corpo ao cortisol, podem afetar a forma como o organismo responde ao estresse, aumentando o risco de desenvolver TEPT após eventos traumáticos. Pessoas com certas predisposições genéticas podem ter uma resposta exagerada ou prolongada ao cortisol, o que dificulta a recuperação do trauma. Compreender essas interações genéticas ajuda a identificar indivíduos com maior risco de TEPT e permite a personalização de tratamentos para controlar os níveis de estresse e sintomas.

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

Os genes deste painel regulam a resposta ao estresse e à liberação do cortisol. Alterações em FKBP5, CRHR1 e NR3C1 podem gerar hipersensibilidade ao estresse e maior risco de distúrbios relacionados a traumas. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de desregulação do eixo HPA. Nestes casos, intervenções como psicoterapia, técnicas de respiração e exercícios regulares ajudam a modular a resposta ao estresse e promover a resiliência emocional.



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK538239/>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24269030/>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/21257974/>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30470559/>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: CORTISOL E RISCO DE ESTRESSE PÓS-TRAUMÁTICO

Seus resultados

**GENE:** CHCR1

**SNP:** rs11\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** AA

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

**RISCO:** Risco normal de ansiedade. Risco normal de transtorno do estresse pós-traumático.

O gene CRHR1 codifica o receptor do hormônio liberador de corticotropina (CRH), que desempenha um papel central na regulação da resposta ao estresse através do eixo hipotálamo-hipófise-adrenal (HPA). O CRH estimula a liberação de cortisol, o hormônio do estresse. Variantes no gene CRHR1 estão associadas à regulação da resposta ao estresse e à vulnerabilidade ao transtorno de estresse pós-traumático (TEPT), influenciando como o organismo reage e se adapta a eventos traumáticos.

Estudo de referência: PMID: 19596121 [Interação de SNPs do CRHR1 com maus-tratos na infância]

**GENE:** CRHR1

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

**SEUS ALELOS:** CC

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

**RISCO:** Risco normal de transtorno do estresse pós-traumático.

O gene CRHR1 codifica o receptor do hormônio liberador de corticotropina (CRH), que é um regulador chave da resposta ao estresse através do eixo hipotálamo-hipófise-adrenal (HPA). O receptor CRHR1 está envolvido na liberação de cortisol em resposta ao estresse. Variantes no gene CRHR1 podem influenciar a reatividade ao estresse e a capacidade do organismo de regular os níveis de cortisol, aumentando a vulnerabilidade à depressão. Indivíduos com variantes nesse gene podem ter uma resposta exacerbada ao estresse, o que pode contribuir para o desenvolvimento de transtornos depressivos.

Estudo de referência: PMC3957120

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CORTISOL E RISCO DE ESTRESSE PÓS-TRAUMÁTICO**

**Seus resultados**

**GENE: CRHR1**

**RISCO:** Risco normal de depressão.

**SNP: rs24\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene CRHR1 codifica o receptor do hormônio liberador de corticotropina (CRH), que é um regulador chave da resposta ao estresse através do eixo hipotálamo-hipófise-adrenal (HPA). O receptor CRHR1 está envolvido na liberação de cortisol em resposta ao estresse. Variantes no gene CRHR1 podem influenciar a reatividade ao estresse e a capacidade do organismo de regular os níveis de cortisol, aumentando a vulnerabilidade à depressão. Indivíduos com variantes nesse gene podem ter uma resposta exacerbada ao estresse, o que pode contribuir para o desenvolvimento de transtornos depressivos.

Estudo de referência: PMC3957120

**GENE: FKBP5**

**RISCO:** Recuperação do cortisol: normal. Risco normal de ansiedade.

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

**SEUS ALELOS: TC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene FKBP5 codifica uma proteína que regula a sensibilidade dos receptores de glicocorticoides, influenciando a intensidade e a duração da resposta ao cortisol, o principal hormônio do estresse. O FKBP5 desempenha um papel importante na modulação do eixo HPA. Variantes nesse gene podem aumentar a reatividade ao estresse e estão associadas a uma maior predisposição ao desenvolvimento de TEPT, uma vez que podem alterar a resposta biológica a traumas.

Estudo de referência: PMID 18702710

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: CORTISOL E RISCO DE ESTRESSE PÓS-TRAUMÁTICO

Seus resultados

**GENE: FKBP5**

**SNP: rs3\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CA**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Recuperação incompleta do cortisol. Risco aumentado de depressão e ansiedade.

O gene FKBP5 codifica uma proteína que regula a sensibilidade dos receptores de glicocorticoides, influenciando a intensidade e a duração da resposta ao cortisol, o principal hormônio do estresse. O FKBP5 desempenha um papel importante na modulação do eixo HPA. Variantes nesse gene podem aumentar a reatividade ao estresse e estão associadas a uma maior predisposição ao desenvolvimento de TEPT, uma vez que podem alterar a resposta biológica a traumas.

Estudo de referência: PMID: 27601205

**GENE: NR3C2**

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

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Cortisol plasmático normal. Reatividade normal às adversidades. Risco normal de transtorno do estresse pós-traumático.

O gene NR3C2 codifica o receptor de mineralocorticoides, que medeia a resposta ao hormônio aldosterona e também tem um papel importante na regulação do estresse ao influenciar a reatividade ao cortisol no cérebro. O receptor de mineralocorticoides ajuda a controlar a regulação emocional e a resposta ao estresse. Alterações no gene NR3C2 podem influenciar a vulnerabilidade ao TEPT, uma vez que esse receptor modula a reação ao estresse e a recuperação após eventos traumáticos.

Estudo de referência: PMID: 24304824 [Estudo realizado com crianças]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: CORTISOL E RISCO DE ESTRESSE PÓS-TRAUMÁTICO

Seus resultados

**GENE: NR3C1**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Baixo risco de resistência ao cortisol.

O gene NR3C1 codifica o receptor de glicocorticoides, que é ativado pelo cortisol, regulando a resposta do organismo ao estresse. Esse receptor desempenha um papel crucial no feedback negativo do eixo HPA, ajudando a controlar a liberação de cortisol. Variantes no gene NR3C1 podem alterar a sensibilidade ao cortisol, influenciando a capacidade de regular o estresse e aumentando o risco de desenvolver TEPT após a exposição a traumas.

Estudo de referência: PMID: 21164266 [Resist. ao cortisol], Clinvar: NM\_000176.3(NR3C1):c.66G>A (p.Glu22=)

**GENE: SERPINA6**

**SNP: rs116\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CT**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Menos de globulina de ligação ao cortisol, menos cortisol plasmático.

No contexto do cortisol plasmático, o gene SERPINA6 codifica a proteína corticosteroid-binding globulin (CBG), também conhecida como transcortina. A CBG é responsável por transportar a maior parte do cortisol no sangue, mantendo-o inativo enquanto está ligado. Apenas o cortisol livre, não ligado à CBG, está disponível para penetrar nas células e exercer seus efeitos biológicos, que incluem a regulação do metabolismo, a resposta ao estresse e a função imunológica. Variantes no gene SERPINA6 podem afetar os níveis de CBG, influenciando a quantidade de cortisol livre no plasma e, conseqüentemente, a resposta ao estresse, a homeostase e o risco de condições como síndrome de Cushing ou fadiga crônica.

Estudo de referência: PMID: 24691024

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: TRANSTORNOS DO HUMOR E DEPRESSÃO

Seus resultados

### **090 - PAINEL VERSA | MENTE - TRANSTORNOS DO HUMOR E DEPRESSÃO**

A depressão é um transtorno de humor caracterizado por sentimentos persistentes de tristeza, perda de interesse em atividades, fadiga e alterações no sono e apetite. Ela afeta a maneira como uma pessoa pensa, sente e lida com a vida cotidiana. A depressão pode ser desencadeada por fatores biológicos, psicológicos e sociais, incluindo predisposição genética, estresse prolongado e traumas. Ela pode variar de leve a grave, sendo, em alguns casos, debilitante. O tratamento geralmente envolve uma combinação de psicoterapia, medicamentos antidepressivos e mudanças no estilo de vida, ajudando a restaurar o equilíbrio emocional e melhorar a qualidade de vida.

## **Genes Analisados**

**BDNF, NCAN, MTHFR, TPH2, PER3, HTR2A, HTR1A, HTR1B, CRHR1, ANK3,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel significativo no risco de desenvolver depressão, influenciando a regulação de neurotransmissores como serotonina, dopamina e noradrenalina, que afetam o humor e a resposta ao estresse. Variantes em genes como o HTR1B, relacionado à serotonina, podem aumentar a vulnerabilidade à depressão, especialmente em resposta a eventos estressantes. Além disso, genes que influenciam a resposta ao cortisol, o hormônio do estresse, também podem contribuir para o desenvolvimento do transtorno. Embora a genética aumente o risco, fatores ambientais e de estilo de vida também são importantes na manifestação da depressão.

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

Este painel avalia genes ligados à produção de neurotransmissores, neuroplasticidade e ritmos biológicos. Alterações em BDNF, HTR2A e ANK3 estão entre os principais marcadores de risco para depressão e transtornos de humor. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior vulnerabilidade emocional. Nestes casos, exercícios físicos, regulação do sono e suporte psicoterapêutico são estratégias importantes, podendo ser associados a suplementação ou acompanhamento médico conforme o perfil genético.



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

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: TRANSTORNOS DO HUMOR E DEPRESSÃO

## 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

**GENE: HTR1A**

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

**SEUS ALELOS: CG**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Risco ligeiramente maior de impulsividade e depressão. Menor eficácia da lurasidona na depressão e maior eficácia do CBD na depressão.

Sobre o gene:

Este gene codifica um receptor acoplado à proteína G para 5-hidroxitriptamina (serotonina) e pertence à subfamília de receptores de 5-hidroxitriptamina. A serotonina tem sido implicada em vários processos fisiológicos e condições patológicas. A inativação desse gene em camundongos resulta em comportamento consistente com aumento da ansiedade e resposta ao estresse. A mutação no promotor deste gene tem sido associada a febres periódicas dependentes do ciclo menstrual.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Se você possui 2 alelos T no gene BDNF (rs6265), o risco de depressão pode ser muito aumentado.

Estudo de referência: PMID 30664620 [Depressão], PharmGKB: 1451129880 [Lurasidona], PMID 18789789 [CBD]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

## Categoria no resumo: TRANSTORNOS DO HUMOR E DEPRESSÃO

## Seus resultados

**GENE: HTR1B**

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

**SEUS ALELOS: CG**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Risco um pouco aumentado de depressão, ansiedade após eventos estressantes da vida, risco aumentado de comportamento agressivo na infância, TDAH. Baixo risco de agitação no uso de citalopram.

O gene HTR1B codifica o receptor de serotonina 1B (5-HT1B), que desempenha um papel importante na regulação dos níveis de serotonina no cérebro, influenciando o humor, o comportamento e a resposta ao estresse. O receptor 5-HT1B modula a liberação de serotonina e de outros neurotransmissores, como dopamina e noradrenalina, que são cruciais para a regulação do humor. Variantes no gene HTR1B têm sido associadas a uma maior vulnerabilidade ao risco de depressão, pois podem alterar o equilíbrio da serotonina, impactando a resposta emocional e o comportamento em situações de estresse.

Estudo de referência: PMID 22945537, PharmGKB: 1448112052

**GENE: HTR2A**

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

**SEUS ALELOS: GA**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Resposta ao estresse levemente prejudicada. Ligeiro aumento no risco de depressão, pânico no estresse crônico.

O gene HTR2A codifica o receptor de serotonina 2A (5-HT2A), que desempenha um papel crucial na sinalização de serotonina no cérebro e em outras partes do corpo. O receptor 5-HT2A está envolvido em diversas funções biológicas, incluindo regulação do humor, percepção, cognição e comportamento. Ele também influencia o sono, o apetite e a resposta ao estresse. Variantes no gene HTR2A têm sido associadas a uma variedade de condições neuropsiquiátricas, como depressão, esquizofrenia e ansiedade, além de influenciar a resposta a medicamentos antidepressivos e antipsicóticos.

Estudo de referência: PMID 20431430

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: TRANSTORNOS DO HUMOR E DEPRESSÃO**

**Seus resultados**

**GENE: TPH2**

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

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de depressão e menor tendência a comportamentos de risco.

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.

Estudo de referência: PMC2939585

**GENE: CRHR1**

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

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de depressão.

O gene CRHR1 codifica o receptor do hormônio liberador de corticotropina (CRH), que é um regulador chave da resposta ao estresse através do eixo hipotálamo-hipófise-adrenal (HPA). O receptor CRHR1 está envolvido na liberação de cortisol em resposta ao estresse. Variantes no gene CRHR1 podem influenciar a reatividade ao estresse e a capacidade do organismo de regular os níveis de cortisol, aumentando a vulnerabilidade à depressão. Indivíduos com variantes nesse gene podem ter uma resposta exacerbada ao estresse, o que pode contribuir para o desenvolvimento de transtornos depressivos.

Estudo de referência: PMC3957120

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: TRANSTORNOS DO HUMOR E DEPRESSÃO**

**Seus resultados**

**GENE: ANK3**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de transtorno bipolar.

O gene ANK3 codifica a proteína ankyrin G, que desempenha um papel crucial na estabilização e na organização das membranas celulares, especialmente em neurônios. A ankyrin G é fundamental para a ancoragem de canais iônicos e receptores na membrana celular, influenciando a excitabilidade neuronal e a transmissão de sinais elétricos. Alterações ou variantes no gene ANK3 têm sido associadas a um aumento do risco de transtornos de humor, como transtorno bipolar e depressão. Essas variantes podem afetar a função neuronal e a comunicação entre células nervosas, resultando em desregulação emocional e comportamental, o que contribui para a vulnerabilidade a esses transtornos.

Estudo de referência: PMC8371237, PMID 28079488, 29068871, 27177275

**GENE: PER3**

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

**SEUS ALELOS: AC**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Risco aumentado de transtorno bipolar.

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.

Estudo de referência: PMID 29042894

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: TRANSTORNOS DO HUMOR E DEPRESSÃO

## Seus resultados

**GENE:** NCAN

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

**SEUS ALELOS:** GG

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

**RISCO:** Risco normal de transtorno bipolar ou esquizofrenia.

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 21353194

**GENE:** MTHFR

**SNP:** rs18\*\*\*\*\*

**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

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: MEMÓRIA E APRENDIZADO**

**Seus resultados**

### **091 - PAINEL VERSA | MENTE - MEMÓRIA E APRENDIZADO**

A capacidade cognitiva refere-se ao conjunto de habilidades mentais que permitem aprender, raciocinar, resolver problemas e tomar decisões. A memória, um aspecto crucial da cognição, envolve o armazenamento e a recuperação de informações. Ambas estão intimamente ligadas ao funcionamento do cérebro e são influenciadas por fatores genéticos, ambientais e estilos de vida. A boa saúde cognitiva e da memória é essencial para o aprendizado e o desempenho diário, e pode ser mantida por meio de atividades estimulantes, alimentação equilibrada, exercício físico e sono adequado. A deterioração dessas funções pode ocorrer com o envelhecimento ou em condições neurodegenerativas.

## **Genes Analisados**

**DRD2, APOE, WWC1, MET, Intergene, TOMM40,**

### **Relação Genética**

A genética da memória tem sido cada vez mais investigada, revelando que variações em genes específicos influenciam diretamente a forma como armazenamos e recuperamos informações. Genes como DRD2, TOMM40, WWC1 (KIBRA) e MET desempenham papéis importantes nesses processos. O DRD2 está ligado à dopamina e aos circuitos de motivação e aprendizado. O TOMM40 influencia a memória episódica e a velocidade de processamento. O WWC1 atua na plasticidade sináptica, e o MET regula o crescimento neuronal e a memória de trabalho.

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

Este painel analisa genes que influenciam funções cognitivas, como memória de trabalho e armazenamento de longo prazo. Sinalizações vermelhas indicam perfil dentro da média populacional. Sinalizações amarelas e verdes podem estar associadas a maior desempenho em tarefas cognitivas, dependendo da variante específica. Nestes casos, é possível potencializar esses recursos com estratégias de estudo personalizadas, estimulação cognitiva e rotinas de aprendizado progressivo.



<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8634864/>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: MEMÓRIA E APRENDIZADO

## Seus resultados

**GENE:** Intergene

**SNP:** rs72\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** TT

**CLASSIFICAÇÃO:** Ruim

**RISCO:** Volume do hipocampo dentro da média. Memória de longo prazo normal.

Regiões intergênicas são segmentos do DNA localizados entre os genes, que não codificam proteínas diretamente. Embora por muito tempo tenham sido consideradas "DNA lixo", pesquisas recentes mostram que essas regiões desempenham papéis regulatórios importantes, como controlar a expressão gênica e influenciar a estrutura do DNA. Elementos intergênicos podem conter sequências que regulam quando e onde genes próximos são ativados, e também podem abrigar enhancers, promotores e outras sequências regulatórias. Essas regiões intergênicas podem impactar processos biológicos essenciais e estão ligadas a variações genéticas que influenciam a suscetibilidade a diversas doenças.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

O hipocampo é uma estrutura cerebral crítica envolvida na aprendizagem e na memória. Em particular, está associado à capacidade de formar memórias de longo prazo relacionada a fatos e acontecimentos.

Estudo de referência: PMID: 22504421

**GENE:** WWC1

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

**SEUS ALELOS:** CC

**CLASSIFICAÇÃO:** Ruim

**RISCO:** Capacidade de memória episódica reduzida.

O gene WWC1 codifica a proteína WW e C2 domínios 1, que desempenha um papel importante na sinalização celular e na regulação de processos neurais, incluindo memória e aprendizado. A WWC1 está envolvida na modulação da atividade de proteínas sinalizadoras, como as quinases, e na organização da estrutura da membrana celular, influenciando a plasticidade sináptica — a capacidade das conexões entre neurônios de se fortalecer ou enfraquecer com base na atividade. Essa plasticidade é fundamental para a formação de memórias e a adaptação de circuitos neurais durante o aprendizado. Estudos sugerem que variantes no gene WWC1 podem impactar a capacidade cognitiva e a susceptibilidade a distúrbios de memória, enfatizando sua

Estudo de referência: PMID 17053149

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: MEMÓRIA E APRENDIZADO

## Seus resultados

**GENE: TOMM40**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Desempenho muito aumentado de memória verbal.

O gene TOMM40 codifica uma proteína envolvida na importação de proteínas mitocondriais, facilitando a passagem de proteínas precursoras para dentro das mitocôndrias. A função adequada das mitocôndrias é essencial para a produção de energia nas células cerebrais, o que é fundamental para processos de memória e aprendizado. Variantes no gene TOMM40 têm sido associadas a um risco aumentado de doenças neurodegenerativas, como a doença de Alzheimer, e podem impactar a função cognitiva e a capacidade de aprendizado.

Estudo de referência: PMID 28800603

**GENE: APOE**

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

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Maior desempenho de memória verbal relacionada ao envelhecimento.

O gene APOE codifica a apolipoproteína E, uma proteína envolvida no transporte e metabolismo de lipídios, incluindo colesterol e triglicerídeos, no corpo. A APOE desempenha um papel essencial na manutenção dos níveis de colesterol, facilitando a remoção de lipídios do sangue e sua distribuição para os tecidos. Existem três variantes principais desse gene (APOE e2, e3, e e4), que influenciam de maneiras diferentes o risco de doenças cardiovasculares e neurológicas. A variante APOE e4 está associada a um risco aumentado de desenvolver doenças como Alzheimer e aterosclerose, enquanto a variante APOE e2 pode oferecer proteção contra essas condições.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Sobre o estudo de referência: uma análise do desempenho de memória diferencial em populações mais velhas, medido por pontuações de testes de memória verbal, foi usada para identificar os marcadores genéticos associados às habilidades de memória relacionadas à idade.

Estudo de referência: PMID 28800603

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: MEMÓRIA E APRENDIZADO

## Seus resultados

**GENE: DRD2**

**RISCO:** Memória de trabalho mais fraca.

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

O gene DRD2 codifica o receptor de dopamina tipo 2 (D2), que é essencial para a sinalização dopaminérgica no cérebro. A dopamina é um neurotransmissor fundamental no controle de diversas funções, como motivação, prazer, humor e comportamento alimentar. O receptor D2 desempenha um papel crucial na regulação do sistema de recompensa, influenciando a resposta ao prazer e ao consumo de alimentos, especialmente os ricos em calorias. Variantes no gene DRD2 podem afetar a sensibilidade à dopamina, influenciando o comportamento alimentar, o risco de dependências e o desenvolvimento de obesidade e distúrbios do humor.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

A memória de trabalho é a memória de curto prazo que nos permite armazenar e processar informações. Se sua memória de trabalho estiver prejudicada, você, por exemplo, não será capaz de manter uma conversa por dificuldade em lembrar o que acabou de dizer. Normalmente, a pessoa "intermediária" pode manter cerca de sete 'itens' em sua memória de trabalho simultaneamente, mas esse número varia.

Estudo de referência: PMID 19512960

**GENE: DRD2**

**RISCO:** Melhor desempenho no teste de memória de trabalho.

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

Potencial de ligação ao receptor D2 aumentado. Melhor

**SEUS ALELOS: AA**

aprendizado baseado em regras e no reforço negativo.

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene DRD2 codifica o receptor de dopamina tipo 2 (D2), que é essencial para a sinalização dopaminérgica no cérebro. A dopamina é um neurotransmissor fundamental no controle de diversas funções, como motivação, prazer, humor e comportamento alimentar. O receptor D2 desempenha um papel crucial na regulação do sistema de recompensa, influenciando a resposta ao prazer e ao consumo de alimentos, especialmente os ricos em calorias. Variantes no gene DRD2 podem afetar a sensibilidade à dopamina, influenciando o comportamento alimentar, o risco de dependências e o desenvolvimento de obesidade e distúrbios do humor.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

O reforço negativo não significa punição; pelo contrário, ele visa incentivar o comportamento desejado. Quando um comportamento resulta na remoção de algo desagradável, a pessoa tende a repetir esse comportamento no futuro para evitar a experiência negativa.

Estudo de referência: PMID 19258022

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

## Categoria no resumo: MEMÓRIA E APRENDIZADO

## Seus resultados

**GENE: MET**

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

**SEUS ALELOS: TC**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Neurocognição normal; capacidade normal de recordar nomes de rostos conhecidos e mais facilidade de reconhecer emoções.

O gene MET codifica o receptor do fator de crescimento hepatócito, que está envolvido na sinalização celular que promove o crescimento neuronal e a plasticidade sináptica. A ativação do receptor MET é importante para a formação de novas sinapses e para a modulação da memória e do aprendizado. Variantes no gene MET têm sido associadas a distúrbios neuropsiquiátricos, incluindo esquizofrenia, e podem influenciar o desenvolvimento cognitivo e a capacidade de aprender.

Estudo de referência: PMID: 22558359

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

## Categoria no resumo: LINGUAGEM E COMUNICAÇÃO

Seus resultados

### **091.1 - PAINEL VERSA | MENTE - LINGUAGEM E COMUNICAÇÃO**

A capacidade de linguagem e comunicação é uma habilidade essencial do ser humano, que permite expressar pensamentos, emoções e ideias, além de construir relações sociais. Ela envolve processos complexos no cérebro, como compreensão, fala, leitura e escrita, e se desenvolve desde os primeiros anos de vida. A linguagem é influenciada por fatores neurológicos, ambientais e também genéticos, e é fundamental para o aprendizado e a interação com o mundo. Dificuldades na comunicação podem afetar o desenvolvimento social e acadêmico, por isso o estímulo adequado e, quando necessário, acompanhamento profissional, são importantes para promover uma comunicação eficaz e saudável.

## **Genes Analisados**

**DRD2, CNTNAP2, Intergene, CHRM2, NOS1AP, ABCC13,**

### **Relação Genética**

A capacidade de linguagem e comunicação é influenciada por uma combinação de fatores ambientais e genéticos, envolvendo áreas do cérebro responsáveis pela fala, compreensão e interação social. Genes como o CNTNAP2 estão ligados ao desenvolvimento da linguagem e à conexão entre neurônios, sendo associados a distúrbios de linguagem e autismo. O NOS1AP influencia a sinalização neural e pode afetar o processamento da linguagem. Já o ABCC13, embora pouco ativo em humanos, é um marcador genético presente em estudos sobre variações populacionais ligadas à comunicação. O DRD2, relacionado ao sistema de dopamina, está associado à motivação e ao controle cognitivo, aspectos importantes para a fluência e a interação verbal. Essas influências genéticas ajudam a

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

Este painel avalia genes relacionados ao processamento da linguagem, fluência verbal e interação social. CNTNAP2 e CHRM2 estão ligados à aquisição da fala e ao uso eficiente da linguagem. Alterações podem afetar a clareza na expressão ou a velocidade de processamento verbal. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior sensibilidade na área da comunicação. Nestes casos, a prática da leitura em voz alta, atividades de escuta ativa e exposição a diferentes contextos sociais ajudam a desenvolver o potencial comunicativo.



[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23738518](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23738518)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: LINGUAGEM E COMUNICAÇÃO

## Seus resultados

**GENE: CNTNAP2**

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

**SEUS ALELOS: TC**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Possivelmente risco reduzido de atraso no desenvolvimento da fala e/ou comprometimento da verbalização.

O gene CNTNAP2 codifica a proteína contactina-associated protein 2, que é importante para o desenvolvimento e a função das conexões neuronais. Essa proteína está envolvida na formação de circuitos neurais e na plasticidade sináptica, que são essenciais para a memória e o aprendizado. Variantes no gene CNTNAP2 têm sido associadas a transtornos do espectro autista e a dificuldades de linguagem, indicando seu papel na cognição e no desenvolvimento neuropsicológico.

Estudo de referência: PMID: 18987363

**GENE: CHRM2**

**SNP: rs3\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Aumento de 4 a 8 pontos no Quociente de Inteligência. Ligado à maior inteligência verbal.

O gene CHRM2 codifica o receptor muscarínico tipo 2, que é um receptor de acetilcolina envolvido na modulação da neurotransmissão. Esse receptor tem um papel significativo na regulação da função cognitiva, memória e aprendizado, sendo importante para a plasticidade sináptica. Alterações ou variantes no gene CHRM2 têm sido associadas a diferenças na capacidade de aprendizado e à suscetibilidade a distúrbios neuropsiquiátricos.

Estudo de referência: PMC2198911

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

## Categoria no resumo: LINGUAGEM E COMUNICAÇÃO

## Seus resultados

**GENE:** NOS1AP

**SNP:** rs11\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** AA

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

**RISCO:** Tendência mais forte para ter habilidade de leitura de palavras melhorada.

O gene NOS1AP codifica uma proteína que interage com a óxido nítrico sintase neuronal (NOS1), influenciando a sinalização do óxido nítrico no cérebro. O óxido nítrico é um importante neurotransmissor envolvido na modulação da plasticidade sináptica, que é fundamental para o aprendizado e a memória. Variantes no gene NOS1AP têm sido associadas a condições psiquiátricas, como esquizofrenia e transtornos de humor, destacando seu papel na função cognitiva.

Estudo de referência: PMID 23738518 [GWAS para investigar a base genética da leitura e da linguagem]

**GENE:** Intergene

**SNP:** rs76\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** CT

**CLASSIFICAÇÃO:** Regular

**RISCO:** Tendência intermediária para ter habilidade de leitura de palavras melhorada.

Regiões intergênicas são segmentos do DNA localizados entre os genes, que não codificam proteínas diretamente. Embora por muito tempo tenham sido consideradas "DNA lixo", pesquisas recentes mostram que essas regiões desempenham papéis regulatórios importantes, como controlar a expressão gênica e influenciar a estrutura do DNA. Elementos intergênicos podem conter sequências que regulam quando e onde genes próximos são ativados, e também podem abrigar enhancers, promotores e outras sequências regulatórias. Essas regiões intergênicas podem impactar processos biológicos essenciais e estão ligadas a variações genéticas que influenciam a suscetibilidade a diversas doenças.

Estudo de referência: PMID 23738518

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: LINGUAGEM E COMUNICAÇÃO

## Seus resultados

**GENE: ABCC13**  
**SNP: rs2\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: GG**  
**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Tendência à maior habilidade de leitura de palavras e não palavras. Melhor consciência fonológica e memória de trabalho fonológica.

O gene ABCC13 codifica uma proteína transportadora que pode influenciar a homeostase celular e a proteção contra toxinas, embora sua função específica ainda não seja totalmente compreendida. Algumas evidências sugerem que esse gene pode estar envolvido na modulação de respostas neurais e na proteção do cérebro contra danos, o que pode impactar a memória e o aprendizado. A relação direta com processos cognitivos ainda requer mais investigação.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

A repetição de não palavras está relacionada principalmente à consciência fonológica e à memória de trabalho fonológica, duas habilidades fundamentais para o desenvolvimento da linguagem e da leitura. Consciência fonológica: Capacidade de perceber, manipular e lembrar sons da fala (fonemas), essencial para a decodificação de palavras. Memória de trabalho fonológica: Permite manter e manipular sons temporariamente, crucial para aprender novas palavras, compreender sentenças complexas e desenvolver fluência leitora.

Estudo de referência: PMID 23738518

**GENE: DRD2**  
**SNP: rs2\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: CC**  
**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Fluência verbal reduzida em testes de pensamento divergente.

O gene DRD2 codifica o receptor de dopamina tipo 2 (D2), que é essencial para a sinalização dopaminérgica no cérebro. A dopamina é um neurotransmissor fundamental no controle de diversas funções, como motivação, prazer, humor e comportamento alimentar. O receptor D2 desempenha um papel crucial na regulação do sistema de recompensa, influenciando a resposta ao prazer e ao consumo de alimentos, especialmente os ricos em calorias. Variantes no gene DRD2 podem afetar a sensibilidade à dopamina, influenciando o comportamento alimentar, o risco de dependências e o desenvolvimento de obesidade e distúrbios do humor.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Faça exercícios de pensamento divergente verbal. Estimule sua mente com desafios que pedem múltiplas respostas. Exemplos: "Quantos usos diferentes você consegue imaginar para uma colher?" ou "Liste o maior número de palavras que começam com a letra P." ou "Quantas formas diferentes você pode descrever a emoção 'alegria'?". Quanto mais você treina, mais fácil se torna acessar palavras rapidamente.

Estudo de referência: doi: 10.1080/10400419.2014.874267

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: CIÊNCIAS EXATAS

Seus resultados

**091.2 - PAINEL VERSA | MENTE - CIÊNCIAS EXATAS**

A capacidade matemática e lógica é a habilidade de raciocinar com precisão, identificar padrões, resolver problemas e lidar com números de forma eficiente. Ela envolve áreas específicas do cérebro, como o lobo parietal, e é essencial não apenas em contextos acadêmicos, mas também no cotidiano, em tarefas como planejamento, análise e tomada de decisões. Essa capacidade é influenciada por fatores ambientais, como o estímulo educacional, e também por fatores genéticos, que afetam funções cognitivas como atenção, memória de trabalho e velocidade de processamento. Desenvolver o raciocínio lógico-matemático fortalece habilidades mentais importantes para a aprendizagem e a vida prática.

**Genes Analisados**

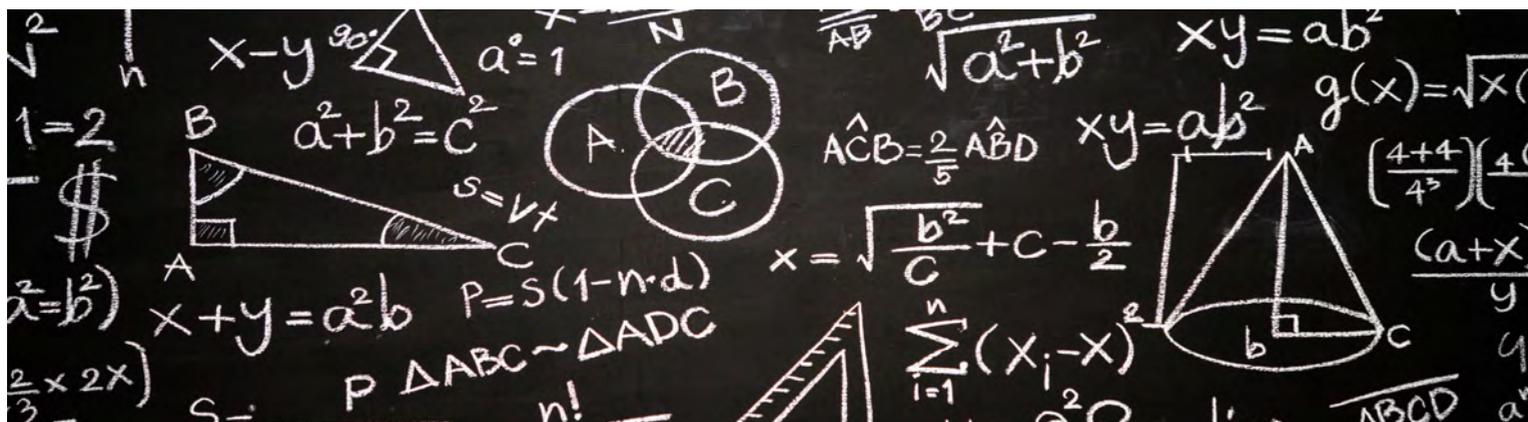
ZNF512, SPOCK1,

**Relação Genética**

A capacidade matemática e lógica está associada a funções cognitivas como raciocínio abstrato, atenção e memória de trabalho, e pode ser influenciada por fatores genéticos. Estudos indicam que genes como ZNF512 e SPOCK1 estão relacionados ao desempenho em tarefas numéricas e à estrutura cerebral envolvida nesse tipo de raciocínio. O gene ZNF512 está ligado ao desenvolvimento de áreas do cérebro responsáveis pela linguagem e habilidades analíticas, enquanto o SPOCK1 influencia a formação de conexões neurais e a plasticidade cerebral, fundamentais para o aprendizado lógico-matemático. Essas variantes genéticas ajudam a explicar por que algumas pessoas têm mais facilidade natural com números e lógica.

**Como analisar os resultados?**

Genes como ZNF512 e SPOCK1 estão ligados ao desenvolvimento cognitivo e ao desempenho em raciocínio lógico e matemática. Sinalizações amarelas ou verdes podem estar associadas a maior desempenho nessas habilidades. Já a sinalização vermelha indica padrão populacional comum. Nestes casos, é interessante estimular o uso de lógica e resolução de problemas desde cedo, por meio de jogos, desafios numéricos e métodos ativos de ensino.

[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28155865](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/28155865)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CIÊNCIAS EXATAS**

**Seus resultados**

**GENE: ZNF512**

**SNP: rs18\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TG**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Desempenho matemático normal. A aprendizagem baseada em raciocínio lógico pode ser uma boa estratégia.

O gene ZNF512 codifica uma proteína de dedo de zinco que atua como um fator de transcrição, regulando a expressão de genes envolvidos no desenvolvimento neuronal e na plasticidade sináptica. Embora seu papel exato na memória e no aprendizado ainda esteja sendo investigado, alterações na função de ZNF512 podem influenciar processos cognitivos e estão associados a condições neuropsiquiátricas.

**GENE: SPOCK1**

**SNP: rs11\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Tendência mais forte para ter habilidade matemática melhorada.

O gene SPOCK1 codifica uma proteína envolvida na matriz extracelular e na modulação da adesão celular, que desempenha um papel importante na plasticidade sináptica e na função neuronal. A proteína SPOCK1 está implicada na comunicação entre neurônios e na manutenção da integridade das sinapses, influenciando processos de memória e aprendizado. Variantes no gene podem afetar a função cognitiva e a plasticidade neural.

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: INTELIGÊNCIA**

**Seus resultados**

### **091.3 - PAINEL VERSA | MENTE - INTELIGÊNCIA**

O QI (Quociente de Inteligência) mede principalmente a capacidade lógica, verbal e matemática, sendo um indicador do raciocínio analítico e da resolução de problemas. No entanto, a inteligência vai além do QI. Outras formas de inteligência, como a inteligência emocional, são igualmente importantes para o sucesso e o bem-estar. A inteligência emocional envolve reconhecer, compreender e gerenciar as próprias emoções e as dos outros, favorecendo relações interpessoais saudáveis e tomadas de decisão mais equilibradas. Existem também inteligências múltiplas, como a musical, corporal, espacial e interpessoal, que refletem diferentes talentos e habilidades. Cada pessoa possui uma combinação única dessas inteligências, moldadas por fatores genéticos, ambientais e experiências de vida.

## **Genes Analisados**

**HTR2A, CHRM2, SNAP25, HMGA2, PLXNB2,**

### **Relação Genética**

A inteligência é uma habilidade complexa que envolve raciocínio, aprendizado, memória e adaptação a novas situações. Fatores genéticos contribuem para essa capacidade, e genes como SNAP25 e CHRM2 têm sido associados ao desempenho cognitivo. O gene SNAP25 está envolvido na comunicação entre os neurônios, influenciando funções como atenção e memória de trabalho. Já o gene CHRM2 está ligado à atividade dos receptores muscarínicos de acetilcolina, neurotransmissores importantes para o aprendizado, a flexibilidade cognitiva e a velocidade de processamento. Essas influências genéticas ajudam a explicar as diferenças individuais na capacidade intelectual e na forma como cada pessoa processa informações.

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

Este painel analisa genes que influenciam o desempenho geral em testes de QI, memória e velocidade de processamento. Sinalizações amarelas ou verdes podem estar relacionadas ao aumento de desempenho cognitivo em determinadas tarefas. Sinalizações vermelhas indicam perfil dentro da média populacional. Estímulos adequados ao longo da vida, como leitura, resolução de problemas e aprendizagem contínua, são essenciais para maximizar o potencial individual.



<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16801949/>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: INTELIGÊNCIA

## Seus resultados

**GENE: PLXNB2**

**RISCO:** Tendência à habilidade cognitiva normal.

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

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

O gene PLXNB2 codifica a proteína Plexina B2, que pertence a uma família de receptores envolvidos na regulação da sinalização celular e na modulação do comportamento das células em resposta a estímulos extracelulares. A Plexina B2 está particularmente associada à resposta a moléculas chamadas semaforinas, que desempenham um papel crucial no desenvolvimento e na organização do sistema nervoso, além de influenciar processos como a migração celular, a formação de vasos sanguíneos e a regeneração de tecidos.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

O estudo de referência utilizou amostra de altas e extremamente altas habilidades cognitivas. Não indica déficit, apenas ausência da predisposição à performance excepcional. O desempenho cognitivo pode ser bom ou muito bom, dependendo de fatores ambientais.

Estudo de referência: PMID 26239293

**GENE: HMGA2**

**RISCO:** Capacidade craniana normal e inteligência normal.

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

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

O gene HMGA2 codifica uma proteína que atua como um fator de transcrição e desempenha um papel na regulação da expressão gênica durante o desenvolvimento e a diferenciação celular. A proteína HMGA2 é importante para a plasticidade sináptica, que é fundamental para a memória e o aprendizado. Alterações na função do gene HMGA2 podem influenciar a capacidade cognitiva e estão associadas a distúrbios do desenvolvimento.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

É importante reforçar estratégias pedagógicas progressivas, respeitando o tempo do indivíduo e priorizando abordagens visuais ou práticas.

Estudo de referência: PMC3635491

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

## Categoria no resumo: INTELIGÊNCIA

## Seus resultados

**GENE: CHRM2**

**RISCO:** Inteligência aumentada em adultos.

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

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene CHRM2 codifica o receptor muscarínico tipo 2, que é um receptor de acetilcolina envolvido na modulação da neurotransmissão. Esse receptor tem um papel significativo na regulação da função cognitiva, memória e aprendizado, sendo importante para a plasticidade sináptica. Alterações ou variantes no gene CHRM2 têm sido associadas a diferenças na capacidade de aprendizado e à suscetibilidade a distúrbios neuropsiquiátricos.

Estudo de referência: PMC2198911

**GENE: SNAP25**

**RISCO:** Aumento de 2 a 4 pontos no Quociente de Inteligência.

**SNP: rs3\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene SNAP25 codifica a proteína SNAP-25, que é um componente essencial do complexo que facilita a fusão de vesículas sinápticas e a liberação de neurotransmissores nas sinapses. Essa proteína desempenha um papel fundamental na comunicação entre neurônios e na plasticidade sináptica, que são vitais para o aprendizado e a memória. Alterações ou variantes no gene SNAP25 podem influenciar a função sináptica e estão associadas a condições como esquizofrenia e transtornos do humor.

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

## Categoria no resumo: INTELIGÊNCIA

## Seus resultados

**GENE: HTR2A**

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

**SEUS ALELOS: CT**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Menor pontuação em teste de inteligência emocional (Mayer-Salovey-Caruso Emotional Intelligence Test). Pontuação mais alta na Escala de Alexitimia de Toronto.

O gene HTR2A codifica o receptor de serotonina 2A (5-HT2A), que desempenha um papel crucial na sinalização de serotonina no cérebro e em outras partes do corpo. O receptor 5-HT2A está envolvido em diversas funções biológicas, incluindo regulação do humor, percepção, cognição e comportamento. Ele também influencia o sono, o apetite e a resposta ao estresse. Variantes no gene HTR2A têm sido associadas a uma variedade de condições neuropsiquiátricas, como depressão, esquizofrenia e ansiedade, além de influenciar a resposta a medicamentos antidepressivos e antipsicóticos.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

A IM é a capacidade de reconhecer rapidamente as expressões emocionais de outras pessoas e de expressar e gerenciar as próprias emoções. A alexitimia pode ser vista como um bloqueio parcial da inteligência emocional. Como a alexitimia se relaciona com a inteligência emocional? A relação é negativa e direta: quanto maior a alexitimia, geralmente menor a inteligência emocional. O presente estudo utilizou o teste Mayer-Salovey-Caruso Emotional Intelligence Test para a avaliação de 280 voluntários. Outros estudos indicam que a inteligência emocional parece ser maior nas mulheres.

Estudo de referência: PMID 36699706

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: ENGAJAMENTO EDUCACIONAL**

**Seus resultados**

### **091.4 - PAINEL VERSA | MENTE - ENGAJAMENTO EDUCACIONAL**

O engajamento educacional e o nível de escolaridade estão fortemente ligados ao desenvolvimento de habilidades cognitivas, sociais e emocionais ao longo da vida. O engajamento reflete o interesse, a motivação e a participação ativa do indivíduo no processo de aprendizagem, enquanto o nível de escolaridade influencia diretamente as oportunidades profissionais, a qualidade de vida e a saúde. Esses fatores são moldados por contextos familiares, culturais e socioeconômicos, mas também possuem influência genética. Estudos mostram que predisposições genéticas podem afetar a curiosidade intelectual, a persistência e a resposta ao ambiente escolar, contribuindo para o percurso educacional de cada pessoa.

## **Genes Analisados**

**Intergene, BCL11A, LRRN2, SPRED2,**

### **Relação Genética**

A escolaridade, ou seja, o tempo que uma pessoa permanece nos estudos, é influenciada por diversos fatores, incluindo o ambiente familiar, oportunidades sociais e também a genética. Genes como LRRN2 e BCL11A foram associados, em estudos populacionais, à tendência de alcançar níveis mais altos de escolaridade. O gene LRRN2 está relacionado ao desenvolvimento neurológico e à aprendizagem, enquanto BCL11A participa da formação de conexões cerebrais envolvidas na memória e no raciocínio. Embora o efeito genético seja pequeno e não determine o sucesso escolar, essas informações podem ajudar a prever estilos de aprendizagem e orientar estratégias educacionais mais personalizadas e eficazes.

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

Este painel avalia genes ligados à motivação para o aprendizado, interesse escolar e perseverança em contextos acadêmicos. BCL11A e LRRN2 estão associados ao desenvolvimento cerebral, enquanto SPRED2 influencia habilidades cognitivas e emocionais. Sinalizações amarelas e verdes indicam maior tendência ao engajamento educacional. Nestes casos, o estímulo contínuo ao aprendizado, com desafios intelectuais e suporte positivo, pode potencializar ainda mais o desempenho escolar e acadêmico.



[https://www.snpedia.com/index.php/Talk:Educational\\_attainment](https://www.snpedia.com/index.php/Talk:Educational_attainment)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

## Categoria no resumo: ENGAJAMENTO EDUCACIONAL

## Seus resultados

**GENE:** LRRN2

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

**SEUS ALELOS:** GG

**CLASSIFICAÇÃO:** Ruim

**RISCO:** Tendência ao menor engajamento escolar/universitário. Possivelmente menos anos de dedicação à educação.

O gene LRRN2 codifica uma proteína rica em repetições de leucina, altamente expressa no sistema nervoso central e importante na formação e estabilização de conexões neuronais. A atuação do LRRN2 nesses processos é vital para a montagem da arquitetura neural que dará suporte às funções cognitivas superiores, como memória, aprendizado e linguagem. Alterações na expressão ou função desse gene podem afetar a organização sináptica e o equilíbrio entre conexões excitadoras e inibitórias, o que pode impactar diretamente a eficiência da comunicação entre neurônios.

Estudos recentes vêm associando variantes no LRRN2 a traços cognitivos, como desempenho escolar, além de

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

A presença de variantes genéticas associadas a menor engajamento não determina o desempenho educacional de forma isolada. Esses resultados devem ser sempre interpretados à luz do contexto social, histórico de vida e estilo de aprendizagem do indivíduo. Foque em estratégias de reforço positivo, uso de metas de curto prazo e ambientes de estudo com menor sobrecarga.

Estudo de referência: PMID 30038396 [GWAS com 1,1 milhão de indivíduos e 1.271 SNPs]

**GENE:** BCL11A

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

**SEUS ALELOS:** AA

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

**RISCO:** Tendência ao maior engajamento escolar/universitário. Possivelmente mais anos de dedicação à educação [PMID 30038396].

O gene BCL11A exerce um papel fundamental no desenvolvimento do sistema nervoso central, especialmente durante a formação do córtex cerebral. Sua ação é particularmente importante na formação das camadas do córtex cerebral, contribuindo para a definição da identidade de neurônios piramidais e das trajetórias de suas projeções. Alterações na expressão ou função desse gene têm sido associadas a distúrbios do neurodesenvolvimento, incluindo transtornos do espectro autista e déficits cognitivos. Essas evidências reforçam a ideia de que o BCL11A está diretamente envolvido em funções cerebrais superiores e pode influenciar características cognitivas e comportamentais desde as fases iniciais do desenvolvimento neural.

Estudo de referência: PMID 30038396

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: ENGAJAMENTO EDUCACIONAL

## Seus resultados

**GENE:** Intergene

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

**SEUS ALELOS:** GG

**CLASSIFICAÇÃO:** Ruim

**RISCO:** Tendência à redução dos anos de educação.

Regiões intergênicas são segmentos do DNA localizados entre os genes, que não codificam proteínas diretamente. Embora por muito tempo tenham sido consideradas "DNA lixo", pesquisas recentes mostram que essas regiões desempenham papéis regulatórios importantes, como controlar a expressão gênica e influenciar a estrutura do DNA. Elementos intergênicos podem conter sequências que regulam quando e onde genes próximos são ativados, e também podem abrigar enhancers, promotores e outras sequências regulatórias. Essas regiões intergênicas podem impactar processos biológicos essenciais e estão ligadas a variações genéticas que influenciam a suscetibilidade a diversas doenças.

Estudo de referência: PMID 27225129 [GWAS com 293.723 indivíduos do UK Biobank]

**GENE:** SPRED2

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

**SEUS ALELOS:** AG

**CLASSIFICAÇÃO:** Regular

**RISCO:** Tendência ao aumento dos anos de educação.

O gene SPRED2 (Sprouty Related EVH1 Domain Containing 2) pertence à família SPRED, que atua como reguladora negativa da via de sinalização RAS/MAPK — uma via crucial para o desenvolvimento celular, incluindo o desenvolvimento e a plasticidade do sistema nervoso. Estudos em modelos animais mostram que a ausência ou disfunção do SPRED2 pode levar a hiperatividade da via RAS/MAPK, o que está associado a déficits de memória, impulsividade, ansiedade e comportamentos semelhantes aos observados em transtornos neuropsiquiátricos, como o autismo. Além disso, pesquisas genômicas em humanos têm apontado variantes no SPRED2 associadas a traços cognitivos, incluindo anos de escolaridade, desempenho acadêmico e inteligência

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Estudo de associação em todo o genoma (GWAS) para nível educacional que estende nossa amostra de descoberta anterior de 101.069 indivíduos para 293.723 indivíduos, e um estudo de replicação em uma amostra independente de 111.349 indivíduos do UK Biobank.

Estudo de referência: PMID 27225129 [GWAS com 293.723 indivíduos do UK Biobank]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CRIATIVIDADE**

**Seus resultados**

### **091.5 - PAINEL VERSA | MENTE - CRIATIVIDADE**

A capacidade criativa é a habilidade de gerar ideias novas, originais e úteis, conectando informações de maneiras inovadoras. Ela está presente em diversas áreas, como arte, ciência, negócios e resolução de problemas do dia a dia. A criatividade envolve tanto o pensamento divergente — que permite explorar múltiplas possibilidades — quanto a flexibilidade mental para enxergar além do óbvio. Essa capacidade é influenciada por fatores ambientais, emocionais e também genéticos, além de ser potencializada por estímulos como leitura, experiências culturais e desafios intelectuais. Estimular a criatividade é essencial para o desenvolvimento pessoal e para a inovação em qualquer campo.

## **Genes Analisados**

**DRD2, COMT, MAPT, TPH1,**

### **Relação Genética**

A criatividade está ligada a processos complexos do cérebro, envolvendo emoções, pensamento flexível e a capacidade de fazer conexões inovadoras. Estudos mostram que a genética influencia esse potencial criativo, com destaque para genes como TPH1 e COMT. O gene TPH1 está relacionado à produção de serotonina, neurotransmissor que afeta o humor e a sensibilidade emocional — aspectos importantes para a expressão criativa. Já o gene COMT regula a degradação da dopamina no cérebro, influenciando funções cognitivas como memória, tomada de decisão e pensamento divergente, fundamentais para a geração de ideias originais. Essas variantes genéticas ajudam a explicar por que algumas pessoas têm maior facilidade para desenvolver e expressar sua

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

Os genes deste painel estão ligados ao pensamento divergente, resolução de problemas por insight e originalidade. COMT regula a dopamina no córtex pré-frontal, influenciando a fluência verbal e flexibilidade cognitiva. DRD2 e TPH1 atuam em circuitos de recompensa e emoção, fundamentais no processo criativo. Sinalizações amarelas ou vermelhas podem indicar predisposição a maior sensibilidade emocional e pensamento fora do convencional. Nestes casos, estimular ambientes expressivos, arte, escrita e improvisação pode fortalecer esse traço.



[www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24782743](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/24782743)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: CRIATIVIDADE

## Seus resultados

**GENE:** TPH1

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

**SEUS ALELOS:** GT

**CLASSIFICAÇÃO:** Regular

**RISCO:** Possivelmente pontuações aumentadas em criatividade figural, numérica.

O gene TPH1 codifica a triptófano hidroxilase 1, uma enzima responsável pela conversão do aminoácido triptofano em serotonina, um neurotransmissor essencial para várias funções cerebrais, como a regulação do humor, do sono, do apetite e da motivação. A serotonina é um dos principais neurotransmissores envolvidos na modulação do sistema nervoso central, e sua produção depende da atividade da TPH1. No contexto cerebral, a serotonina desempenha um papel crucial na regulação emocional, no controle da ansiedade, no comportamento social e na qualidade do sono. A disfunção na síntese de serotonina, devido a alterações no gene TPH1, pode estar associada a vários distúrbios neuropsiquiátricos, como depressão.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Apesar de agirem em domínios diferentes (visual vs. matemático), a criatividade figurativa e numérica compartilham processos mentais semelhantes, como: pensamento divergente para gerar múltiplas soluções ou representações, originalidade para criar algo novo ou incomum, flexibilidade cognitiva para mudar de estratégia ou forma de pensar rapidamente e elaboração para detalhar e desenvolver ideias iniciais.

Estudo de referência: PMID 16403463

**GENE:** COMT

**SNP:** rs73\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** AA

**CLASSIFICAÇÃO:** Ruim

**RISCO:** Pontuação de fluência figural reduzida. Menor criatividade visual.

O gene COMT codifica a enzima catecol-O-metiltransferase, que é responsável pela degradação de neurotransmissores como dopamina, noradrenalina e adrenalina, especialmente no córtex pré-frontal do cérebro. A dopamina é crucial para funções como regulação do humor, controle cognitivo e tomada de decisões. Variantes no gene COMT podem afetar a eficiência da degradação da dopamina, influenciando traços de personalidade, como tolerância ao estresse, impulsividade e função executiva, além de estar associadas a distúrbios como ansiedade e esquizofrenia.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Pesquisadores investigaram a relação entre os genes COMT e DRD2 e o potencial criativo, com foco especial no papel da dopamina nos processos cognitivos envolvidos na criatividade. Em um estudo com 543 universitários saudáveis, variantes do gene COMT foram analisadas e os participantes realizaram testes de pensamento divergente, avaliando fluência verbal e figural. Os resultados mostraram que o SNP rs737865, no gene COMT, está associado a maior fluência figural e também à originalidade figurativa, especialmente em indivíduos com pelo menos uma cópia do alelo C.

Estudo de referência: PMID 24782743

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: CRIATIVIDADE

## Seus resultados

**GENE: COMT**

**SNP: rs59\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Pontuação de fluência figural reduzida. Menor criatividade visual.

O gene COMT codifica a enzima catecol-O-metiltransferase, que é responsável pela degradação de neurotransmissores como dopamina, noradrenalina e adrenalina, especialmente no córtex pré-frontal do cérebro. A dopamina é crucial para funções como regulação do humor, controle cognitivo e tomada de decisões. Variantes no gene COMT podem afetar a eficiência da degradação da dopamina, influenciando traços de personalidade, como tolerância ao estresse, impulsividade e função executiva, além de estar associadas a distúrbios como ansiedade e esquizofrenia.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Pesquisadores investigaram a relação entre os genes COMT e DRD2 e o potencial criativo, com foco especial no papel da dopamina nos processos cognitivos envolvidos na criatividade. Em um estudo com 543 universitários saudáveis, variantes do gene COMT foram analisadas e os participantes realizaram testes de pensamento divergente, avaliando fluência verbal e figural. Os resultados mostraram que o SNP rs5993883, no gene COMT, está associado a maior fluência figural e também à originalidade figurativa, especialmente em indivíduos com pelo menos uma cópia do alelo G.

Estudo de referência: PMID 24782743

**GENE: DRD2**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Pensamento divergente reduzido. Menor capacidade de gerar múltiplas ideias ou soluções para uma mesma questão.

O gene DRD2 codifica o receptor de dopamina tipo 2 (D2), que é essencial para a sinalização dopaminérgica no cérebro. A dopamina é um neurotransmissor fundamental no controle de diversas funções, como motivação, prazer, humor e comportamento alimentar. O receptor D2 desempenha um papel crucial na regulação do sistema de recompensa, influenciando a resposta ao prazer e ao consumo de alimentos, especialmente os ricos em calorias. Variantes no gene DRD2 podem afetar a sensibilidade à dopamina, influenciando o comportamento alimentar, o risco de dependências e o desenvolvimento de obesidade e distúrbios do humor.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Pratique escrita criativa e improvisação verbal. Tente: Escrever pequenos textos com limite de tempo (ex: 5 minutos). Fazer jogos como "improviso de palavras" (ex: contar uma história só com palavras que comecem com determinada letra). Participar de grupos de teatro, debates ou apresentações orais. Tudo isso estimula a agilidade verbal e a capacidade de formar frases rapidamente.

Estudo de referência: doi: 10.1080/10400419.2014.874267

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: CRIATIVIDADE

Seus resultados

**GENE: MAPT**

**SNP: rs47\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Aumento da capacidade de sincronização de batidas; maior habilidade musical.

O gene MAPT codifica a proteína tau, que é fundamental para a estabilização dos microtúbulos nas células neuronais. A proteína tau é importante para a manutenção da estrutura celular e para a sinalização dentro dos neurônios. Alterações na função ou na expressão do gene MAPT têm sido associadas a distúrbios neurodegenerativos, como a doença de Alzheimer, e podem afetar processos de memória e aprendizado.

Estudo de referência: PMC9489530

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

Versa Full Mulher | Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE TDAH**

**Seus resultados**

### **091.6 - PAINEL VERSA | MENTE - RISCO DE TDAH**

O Transtorno de Déficit de Atenção e Hiperatividade (TDAH) é uma condição neurodesenvolvimental que afeta crianças e adultos, caracterizada por sintomas de desatenção, impulsividade e hiperatividade. Pessoas com TDAH podem ter dificuldade em manter o foco, seguir instruções, controlar impulsos e organizar tarefas. O transtorno impacta o desempenho escolar, profissional e as relações sociais, mas pode ser manejado com tratamento adequado, que inclui acompanhamento psicológico, intervenções comportamentais e, em alguns casos, medicação. O diagnóstico precoce é essencial para melhorar a qualidade de vida e desenvolver estratégias de adaptação mais eficazes.

## **Genes Analisados**

**OPRM1, TPH2, DRD4, DBH, SLC6A3, DDC, SNAP25,**

### **Relação Genética**

O TDAH possui forte componente genético, com diversas vias biológicas envolvidas em sua predisposição. Estudos identificam variantes em genes que afetam os sistemas de dopamina e noradrenalina, neurotransmissores fundamentais para a regulação da atenção e do controle impulsivo. Genes como o DRD4 e o DAT1 (SLC6A3), ligados à transmissão dopaminérgica, estão entre os mais associados ao risco de TDAH, influenciando a atividade em regiões cerebrais como o córtex pré-frontal. Essas vias genéticas ajudam a explicar a base neurobiológica do transtorno e abrem caminho para estratégias de tratamento mais personalizadas e eficazes.

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

O painel de TDAH analisa genes ligados à regulação da dopamina e da serotonina, como DDC, SLC6A3, HTR1B e SNAP25, que influenciam atenção, impulsividade e controle de comportamento. Alterações nessas vias podem comprometer a sinalização neurológica e favorecer sintomas de desatenção, inquietação ou impulsividade. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior predisposição ao Transtorno de Déficit de Atenção e Hiperatividade. Nestes casos, é importante avaliar os sintomas com um profissional especializado e adotar estratégias como rotina estruturada, atividade física e, se necessário, suporte medicamentoso individualizado.



<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29892054/>

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

Versa Full Mulher | Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE TDAH****Seus resultados****GENE: DDC****RISCO:** Risco aumentado de TDAH e transtornos de conduta.**SNP: rs37\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: CT****CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene DDC codifica a dopa-descarboxilase, uma enzima essencial no metabolismo dos neurotransmissores, responsável pela conversão de L-Dopa (levodopa) em dopamina e 5-hidroxitriptofano (5-HTP) em serotonina. A dopamina e a serotonina são neurotransmissores chave no cérebro, envolvidos em várias funções, como controle motor, humor, comportamento, aprendizado e regulação emocional. A DDC desempenha um papel crítico na síntese desses neurotransmissores, sendo especialmente importante na regulação do sistema nervoso central. Deficiências ou disfunções no gene podem levar a distúrbios neurológicos, como Parkinson e outros problemas relacionados ao humor e função cognitiva.

Estudo de referência: PMID: 24163823

**GENE: DDC****RISCO:** Possivelmente risco aumentado de TDAH.**SNP: rs9\*\*\*\*\*****SEUS ALELOS: TC****CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene DDC codifica a dopa-descarboxilase, uma enzima essencial no metabolismo dos neurotransmissores, responsável pela conversão de L-Dopa (levodopa) em dopamina e 5-hidroxitriptofano (5-HTP) em serotonina. A dopamina e a serotonina são neurotransmissores chave no cérebro, envolvidos em várias funções, como controle motor, humor, comportamento, aprendizado e regulação emocional. A DDC desempenha um papel crítico na síntese desses neurotransmissores, sendo especialmente importante na regulação do sistema nervoso central. Deficiências ou disfunções no gene podem levar a distúrbios neurológicos, como Parkinson e outros problemas relacionados ao humor e função cognitiva.

Estudo de referência: PMID: 17938636

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

Versa Full Mulher | Completo  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE TDAH****Seus resultados**

**GENE: TPH2** **RISCO:** Risco aumentado de TDAH.  
**SNP: rs1\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: TT**  
**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

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.

Estudo de referência: PMID: 15940290

**GENE: SLC6A3** **RISCO:** Possivelmente risco aumentado de TDAH.  
**SNP: rs1\*\*\*\*\***  
**SEUS ALELOS: GC**  
**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene SLC6A3 codifica o transportador de dopamina (DAT), uma proteína responsável pela recaptação da dopamina das sinapses de volta para os neurônios, regulando assim os níveis desse neurotransmissor no cérebro. A dopamina está envolvida em funções cruciais, como controle motor, recompensa, motivação e regulação do humor. O transportador DAT desempenha um papel fundamental na modulação da sinalização dopaminérgica, influenciando o equilíbrio entre excitação e inibição neuronal. Variantes no gene SLC6A3 estão associadas a diferenças na sensibilidade à dopamina, o que pode impactar o comportamento, a predisposição a vícios, transtornos como TDAH e condições como a doença de Parkinson.

Estudo de referência: PMID: 19576958, PMID: 18668530

Nome: Modelo Versa Full Mulher

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

### Categoria no resumo: RISCO DE TDAH

### Seus resultados

**GENE: SNAP25**

**SNP: rs3\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Aumento da desatenção no TDAH; erros de omissão em crianças com TDAH; diminuição da conectividade no córtex pré-frontal.

O gene SNAP25 codifica a proteína SNAP-25, que é um componente essencial do complexo que facilita a fusão de vesículas sinápticas e a liberação de neurotransmissores nas sinapses. Essa proteína desempenha um papel fundamental na comunicação entre neurônios e na plasticidade sináptica, que são vitais para o aprendizado e a memória. Alterações ou variantes no gene SNAP25 podem influenciar a função sináptica e estão associadas a condições como esquizofrenia e transtornos do humor.

Estudo de referência: PMID: 28783930

**GENE: OPRM1**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Eficácia aumentada. Indivíduos com o genótipo CC podem ter escores de estimulação e euforia aumentados após a exposição a anfetaminas em comparação com o genótipo TT.

O gene OPRM1 codifica o receptor mu-opiídeo 1, uma proteína que é um dos principais receptores no sistema nervoso central para os opioides endógenos, como as endorfinas, e exógenos, como a morfina. O receptor OPRM1 está envolvido na modulação da dor, no prazer e em várias funções fisiológicas, como o controle do humor, a regulação da ansiedade e a euforia. A ativação desse receptor tem um efeito analgésico, ou seja, ajuda a reduzir a dor, além de influenciar o prazer e a recompensa.

Estudo de referência: PharmGKB: 1043880664

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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**

### **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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: INFLAMAÇÃO

## Seus resultados

**GENE:** CIAS1

**SNP:** rs35\*\*\*\*\*

**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:** rs18\*\*\*\*\*

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

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

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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: TNFRSF1A**

**RISCO:** Normal, melhor resposta a medicamentos anti-TNF.

**SNP: rs18\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: INFLAMAÇÃO

## Seus resultados

**GENE: TNFRSF1B****RISCO:** Sinalização inflamatória aumentada.**SNP:** rs10\*\*\*\*\***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, como

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INFLAMAÇÃO**

**Seus resultados**

**GENE: IL17A**

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

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de quadros inflamatórios.

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**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Sinalização inflamatória de IL17A normal.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INFLAMAÇÃO**

**Seus resultados**

**GENE: IL1B**

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

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de gengivite.

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**

**SNP: rs\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AT**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Possivelmente sinalização de IL8 normal, risco normal de periodontite.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: INFLAMAÇÃO**

**Seus resultados**

**GENE: IL2**

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

**SEUS ALELOS: CA**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Possivelmente risco normal de periodontite crônica.

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**

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

**SEUS ALELOS: TC**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Expressão de citocina anti-inflamatória IL-10 normal. Risco normal/aumentado de condições inflamatórias. Chances aumentadas de doença gengival.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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: IL13**

**SNP: rs18\*\*\*\*\***

**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]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SISTEMA AUTOIMUNE E AUTOINFLAMATÓRIO**

**Seus resultados**

### **093 - PAINEL VERSA | INFLAMAÇÃO - RISCO DE DOENÇAS AUTOIMUNES**

As doenças autoimunes ocorrem quando o sistema imunológico, que normalmente protege o corpo contra infecções, ataca erroneamente as próprias células e tecidos saudáveis. Esse ataque pode afetar diversos órgãos e sistemas, resultando em condições como lúpus, artrite reumatoide, esclerose múltipla e diabetes tipo 1. A causa exata das doenças autoimunes não é totalmente compreendida, mas acredita-se que uma combinação de predisposição genética e fatores ambientais, como infecções ou estresse, esteja envolvida. O tratamento geralmente foca em controlar os sintomas e reduzir a resposta imune com medicamentos imunossupressores e anti-inflamatórios.

## **Genes Analisados**

**HLA-DQ2.5, HLA-DQ8, HLA-DQ2.2, HLA-DRA, HLA-C, NLRP3, HLA-B27, MEFV, TPO,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel fundamental no risco de desenvolver doenças autoimunes. Variantes em genes que regulam o sistema imunológico, como o HLA (antígeno leucocitário humano), podem predispor o corpo a reconhecer seus próprios tecidos como invasores, desencadeando uma resposta autoimune. Além disso, genes como o PTPN22 e o CTLA4 estão associados a um risco maior de doenças como artrite reumatoide, lúpus e diabetes tipo 1. Embora a genética aumente a susceptibilidade, fatores ambientais, como infecções, estresse e dieta, também influenciam o desenvolvimento dessas condições. Entender as predisposições genéticas pode ajudar no diagnóstico precoce e no manejo preventivo das doenças autoimunes.

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

HLA-DQ2.2, HLA-DRA, HLA-C, NLRP3, HLA-B27, MEFV, TPO

Este painel identifica variantes associadas a maior risco de respostas imunes desreguladas, predispondo a doenças autoimunes (como lúpus, tireoidite, artrite) ou autoinflamatórias (como febre mediterrânea). Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior suscetibilidade genética. Nestes casos, é essencial monitorar sintomas precoces, manter uma rotina anti-inflamatória e, se necessário, realizar investigação clínica complementar com exames imunológicos.



<https://medlineplus.gov/autoimmunediseases.html>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: SISTEMA AUTOIMUNE E AUTOINFLAMATÓRIO

Seus resultados

**GENE: HLA-B27**

**SNP: rs4\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Variante comum, sem alelo de risco. Risco normal de doença autoimune.

O gene HLA-B27 codifica uma proteína do complexo principal de histocompatibilidade de classe I (MHC classe I), que é crucial para a apresentação de antígenos às células T do sistema imunológico. O HLA-B27 é especialmente conhecido por sua associação com várias doenças autoimunes, incluindo espondilite anquilosante e artrite reativa. Indivíduos que possuem a variante HLA-B27 têm um risco aumentado de desenvolver essas condições, pois essa proteína pode influenciar a resposta imune a antígenos específicos, levando a reações autoimunes.

Estudo de referência: PMID: 22231927

**GENE: HLA-B27**

**SNP: rs11\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Variante comum, sem alelo de risco. Risco normal de doença autoimune.

O gene HLA-B27 codifica uma proteína do complexo principal de histocompatibilidade de classe I (MHC classe I), que é crucial para a apresentação de antígenos às células T do sistema imunológico. O HLA-B27 é especialmente conhecido por sua associação com várias doenças autoimunes, incluindo espondilite anquilosante e artrite reativa. Indivíduos que possuem a variante HLA-B27 têm um risco aumentado de desenvolver essas condições, pois essa proteína pode influenciar a resposta imune a antígenos específicos, levando a reações autoimunes.

Estudo de referência: PMID: 22231927

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SISTEMA AUTOIMUNE E AUTOINFLAMATÓRIO**

**Seus resultados**

**GENE: HLA-DRA**

**SNP: rs3\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Variante comum, sem alelo de risco. Risco normal de esclerose múltipla.

O gene HLA-DRA codifica uma subunidade alfa da molécula do complexo principal de histocompatibilidade de classe II (MHC classe II), que desempenha um papel fundamental na regulação do sistema imunológico. As moléculas de MHC classe II, como a formada pelo gene HLA-DRA, estão presentes em células especializadas, como células dendríticas, macrófagos e células B, e são responsáveis por apresentar fragmentos de antígenos (pequenas partes de patógenos) às células T auxiliares. Esse processo de apresentação de antígenos é crucial para iniciar e regular a resposta imune adaptativa, permitindo que o corpo reconheça e responda a infecções e outras ameaças. Variantes no gene HLA-DRA podem influenciar a suscetibilidade a doenças autoimunes e a

Estudo de referência: PMID: 20593013

**GENE: HLA-DRA**

**SNP: rs31\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de doenças autoimunes. Risco normal de narcolepsia.

O gene HLA-DRA codifica uma subunidade alfa da molécula do complexo principal de histocompatibilidade de classe II (MHC classe II), que desempenha um papel fundamental na regulação do sistema imunológico. As moléculas de MHC classe II, como a formada pelo gene HLA-DRA, estão presentes em células especializadas, como células dendríticas, macrófagos e células B, e são responsáveis por apresentar fragmentos de antígenos (pequenas partes de patógenos) às células T auxiliares. Esse processo de apresentação de antígenos é crucial para iniciar e regular a resposta imune adaptativa, permitindo que o corpo reconheça e responda a infecções e outras ameaças. Variantes no gene HLA-DRA podem influenciar a suscetibilidade a doenças autoimunes e a

Estudo de referência: PMID: 19412176 [Narcolepsia], PMID: 19433080 [Esclerose Múltipla]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: SISTEMA AUTOIMUNE E AUTOINFLAMATÓRIO

Seus resultados

**GENE: HLA-DQ2.5**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de doença autoimune (doença celíaca, lúpus).

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**

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

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de doença celíaca.

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SISTEMA AUTOIMUNE E AUTOINFLAMATÓRIO**

**Seus resultados**

**GENE: HLA-DQ2.2**

**SNP: rs47\*\*\*\*\***

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SISTEMA AUTOIMUNE E AUTOINFLAMATÓRIO**

**Seus resultados**

**GENE: HLA-DQ2.2**

**RISCO:** Negativo para HLA-DQ2.2.

**SNP: rs77\*\*\*\*\***

**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

**GENE: HLA-C**

**RISCO:** Risco normal de psoríase.

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene HLA-C codifica uma proteína do MHC de classe I, que desempenha um papel importante na apresentação de antígenos a células T citotóxicas, ajudando o sistema imunológico a identificar e eliminar células infectadas ou tumorais. O HLA-C também está envolvido na regulação da resposta imune e na prevenção de infecções virais. Variantes no gene HLA-C têm sido associadas a diferentes respostas imunológicas e a riscos variados de infecções e doenças autoimunes.

Estudo de referência: PMID: 18369459

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SISTEMA AUTOIMUNE E AUTOINFLAMATÓRIO**

**Seus resultados**

**GENE: HLA-C**

**SNP: rs12\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de psoríase.

O gene HLA-C codifica uma proteína do MHC de classe I, que desempenha um papel importante na apresentação de antígenos a células T citotóxicas, ajudando o sistema imunológico a identificar e eliminar células infectadas ou tumorais. O HLA-C também está envolvido na regulação da resposta imune e na prevenção de infecções virais. Variantes no gene HLA-C têm sido associadas a diferentes respostas imunológicas e a riscos variados de infecções e doenças autoimunes.

Estudo de referência: PMID: 19169255

**GENE: TPO**

**SNP: rs20\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Risco aumentado de doença autoimune da tireoide.

O gene TPO codifica a trombopoietina, um hormônio produzido principalmente pelo fígado e pelos rins, que regula a produção de plaquetas na medula óssea. A trombopoietina é essencial para a hematopoiese, estimulando a diferenciação e a proliferação de megacariócitos, as células que dão origem às plaquetas. A produção adequada de TPO é crucial para a manutenção da homeostase plaquetária e para a prevenção de distúrbios hemorrágicos.

Estudo de referência: PMID: 28845025

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SISTEMA AUTOIMUNE E AUTOINFLAMATÓRIO**

**Seus resultados**

**GENE: MEFV**

**SNP: rs37\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de Febre familiar do Mediterrâneo.

O gene MEFV codifica a proteína pyrin, que desempenha um papel importante na regulação da resposta inflamatória. A proteína pyrin é um componente do inflamassoma, um complexo que ativa a caspase-1 e promove a liberação de citocinas inflamatórias como IL-1 $\beta$  e IL-18. Mutações no gene MEFV estão associadas à febre familiar do Mediterrâneo, uma condição autoinflamatória que causa episódios recorrentes de febre e dor abdominal, evidenciando a importância desse gene na regulação da inflamação e na resposta imune.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000243.3(MEFV):c.442G>A (p.Glu148Lys) [Significado incerto - VUS]

**GENE: MEFV**

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

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de Febre familiar do Mediterrâneo.

O gene MEFV codifica a proteína pyrin, que desempenha um papel importante na regulação da resposta inflamatória. A proteína pyrin é um componente do inflamassoma, um complexo que ativa a caspase-1 e promove a liberação de citocinas inflamatórias como IL-1 $\beta$  e IL-18. Mutações no gene MEFV estão associadas à febre familiar do Mediterrâneo, uma condição autoinflamatória que causa episódios recorrentes de febre e dor abdominal, evidenciando a importância desse gene na regulação da inflamação e na resposta imune.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000243.3(MEFV):c.2084A>T (p.Lys695Met) [Significado incerto - VUS]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SISTEMA AUTOIMUNE E AUTOINFLAMATÓRIO**

**Seus resultados**

**GENE: MEFV**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de Febre familiar do Mediterrâneo.

O gene MEFV codifica a proteína pyrin, que desempenha um papel importante na regulação da resposta inflamatória. A proteína pyrin é um componente do inflamassoma, um complexo que ativa a caspase-1 e promove a liberação de citocinas inflamatórias como IL-1 $\beta$  e IL-18. Mutações no gene MEFV estão associadas à febre familiar do Mediterrâneo, uma condição autoinflamatória que causa episódios recorrentes de febre e dor abdominal, evidenciando a importância desse gene na regulação da inflamação e na resposta imune.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000243.3(MEFV):c.2040G>T (p.Met680Ile)

**GENE: MEFV**

**SNP: rs28\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de Febre familiar do Mediterrâneo.

O gene MEFV codifica a proteína pyrin, que desempenha um papel importante na regulação da resposta inflamatória. A proteína pyrin é um componente do inflamassoma, um complexo que ativa a caspase-1 e promove a liberação de citocinas inflamatórias como IL-1 $\beta$  e IL-18. Mutações no gene MEFV estão associadas à febre familiar do Mediterrâneo, uma condição autoinflamatória que causa episódios recorrentes de febre e dor abdominal, evidenciando a importância desse gene na regulação da inflamação e na resposta imune.

Estudo de referência: NM\_000243.3(MEFV):c.2082G>A (p.Met694Ile)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SISTEMA AUTOIMUNE E AUTOINFLAMATÓRIO**

**Seus resultados**

**GENE: MEFV**

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

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de Febre familiar do Mediterrâneo.

O gene MEFV codifica a proteína pyrin, que desempenha um papel importante na regulação da resposta inflamatória. A proteína pyrin é um componente do inflamassoma, um complexo que ativa a caspase-1 e promove a liberação de citocinas inflamatórias como IL-1 $\beta$  e IL-18. Mutações no gene MEFV estão associadas à febre familiar do Mediterrâneo, uma condição autoinflamatória que causa episódios recorrentes de febre e dor abdominal, evidenciando a importância desse gene na regulação da inflamação e na resposta imune.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000243.3(MEFV):c.2080A>G (p.Met694Val)

**GENE: MEFV**

**SNP: rs11\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de Febre familiar do Mediterrâneo.

O gene MEFV codifica a proteína pyrin, que desempenha um papel importante na regulação da resposta inflamatória. A proteína pyrin é um componente do inflamassoma, um complexo que ativa a caspase-1 e promove a liberação de citocinas inflamatórias como IL-1 $\beta$  e IL-18. Mutações no gene MEFV estão associadas à febre familiar do Mediterrâneo, uma condição autoinflamatória que causa episódios recorrentes de febre e dor abdominal, evidenciando a importância desse gene na regulação da inflamação e na resposta imune.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000243.3(MEFV):c.1105C>T (p.Pro369Ser) [Conflito de patogenicidade]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SISTEMA AUTOIMUNE E AUTOINFLAMATÓRIO**

**Seus resultados**

**GENE: MEFV**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de Febre familiar do Mediterrâneo.

O gene MEFV codifica a proteína pyrin, que desempenha um papel importante na regulação da resposta inflamatória. A proteína pyrin é um componente do inflamassoma, um complexo que ativa a caspase-1 e promove a liberação de citocinas inflamatórias como IL-1 $\beta$  e IL-18. Mutações no gene MEFV estão associadas à febre familiar do Mediterrâneo, uma condição autoinflamatória que causa episódios recorrentes de febre e dor abdominal, evidenciando a importância desse gene na regulação da inflamação e na resposta imune.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000243.3(MEFV):c.2282G>A (p.Arg761His)

**GENE: MEFV**

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

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de Febre familiar do Mediterrâneo.

O gene MEFV codifica a proteína pyrin, que desempenha um papel importante na regulação da resposta inflamatória. A proteína pyrin é um componente do inflamassoma, um complexo que ativa a caspase-1 e promove a liberação de citocinas inflamatórias como IL-1 $\beta$  e IL-18. Mutações no gene MEFV estão associadas à febre familiar do Mediterrâneo, uma condição autoinflamatória que causa episódios recorrentes de febre e dor abdominal, evidenciando a importância desse gene na regulação da inflamação e na resposta imune.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000243.3(MEFV):c.2177T>C (p.Val726Ala)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: SISTEMA AUTOIMUNE E AUTOINFLAMATÓRIO

Seus resultados

**GENE: MEFV**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de Febre familiar do Mediterrâneo.

O gene MEFV codifica a proteína pyrin, que desempenha um papel importante na regulação da resposta inflamatória. A proteína pyrin é um componente do inflamassoma, um complexo que ativa a caspase-1 e promove a liberação de citocinas inflamatórias como IL-1 $\beta$  e IL-18. Mutações no gene MEFV estão associadas à febre familiar do Mediterrâneo, uma condição autoinflamatória que causa episódios recorrentes de febre e dor abdominal, evidenciando a importância desse gene na regulação da inflamação e na resposta imune.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000243.3(MEFV):c.2230G>T (p.Ala744Ser) [Conflito de patogenicidade]

**GENE: NLRP3**

**SNP: rs12\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Sem alelos de risco para Urticária familiar induzida pelo frio (raro).

O gene NLRP3 codifica uma proteína que é um componente fundamental do complexo inflamatório chamado inflamassoma. O inflamassoma NLRP3 é ativado em resposta a patógenos e danos celulares, resultando na ativação da caspase-1, que, por sua vez, leva à produção das citocinas inflamatórias IL-1 $\beta$  e IL-18. A ativação do NLRP3 está relacionada a várias condições inflamatórias, como artrite, doenças autoimunes e condições metabólicas, como a síndrome metabólica.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_001243133.2(NLRP3):c.1880A>G (p.Glu627Gly)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SISTEMA AUTOIMUNE E AUTOINFLAMATÓRIO**

**Seus resultados**

**GENE: NLRP3**

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

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Sem alelos de risco para Urticária familiar induzida pelo frio (raro).

O gene NLRP3 codifica uma proteína que é um componente fundamental do complexo inflamatório chamado inflamassoma. O inflamassoma NLRP3 é ativado em resposta a patógenos e danos celulares, resultando na ativação da caspase-1, que, por sua vez, leva à produção das citocinas inflamatórias IL-1 $\beta$  e IL-18. A ativação do NLRP3 está relacionada a várias condições inflamatórias, como artrite, doenças autoimunes e condições metabólicas, como a síndrome metabólica.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_001243133.2(NLRP3):c.1058T>C (p.Leu353Pro)

**GENE: NLRP3**

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

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Sem alelos de risco para Urticária familiar induzida pelo frio (raro).

O gene NLRP3 codifica uma proteína que é um componente fundamental do complexo inflamatório chamado inflamassoma. O inflamassoma NLRP3 é ativado em resposta a patógenos e danos celulares, resultando na ativação da caspase-1, que, por sua vez, leva à produção das citocinas inflamatórias IL-1 $\beta$  e IL-18. A ativação do NLRP3 está relacionada a várias condições inflamatórias, como artrite, doenças autoimunes e condições metabólicas, como a síndrome metabólica.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_001243133.2(NLRP3):c.592G>A (p.Val198Met) [Conflito de patogenicidade]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SISTEMA AUTOIMUNE E AUTOINFLAMATÓRIO**

**Seus resultados**

**GENE: NLRP3**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Sem alelos de risco para Urticária familiar induzida pelo frio (raro).

O gene NLRP3 codifica uma proteína que é um componente fundamental do complexo inflamatório chamado inflamassoma. O inflamassoma NLRP3 é ativado em resposta a patógenos e danos celulares, resultando na ativação da caspase-1, que, por sua vez, leva à produção das citocinas inflamatórias IL-1 $\beta$  e IL-18. A ativação do NLRP3 está relacionada a várias condições inflamatórias, como artrite, doenças autoimunes e condições metabólicas, como a síndrome metabólica.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_001243133.2(NLRP3):c.778C>T (p.Arg260Ter)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SAÚDE DA PELE E CABELOS**

**Seus resultados**

### **094 - PAINEL VERSA | SAÚDE DA PELE - RISCO DE ACNE**

A acne é uma condição de pele comum que ocorre quando os folículos pilosos ficam obstruídos por óleo (sebo), células mortas da pele e bactérias, resultando em espinhas, cravos e inflamações. Ela é mais frequente durante a adolescência, devido às mudanças hormonais que aumentam a produção de sebo, mas pode afetar pessoas de todas as idades. Fatores como predisposição genética, dieta, estresse e o uso de certos produtos também podem agravar a acne. O tratamento varia de acordo com a gravidade, incluindo produtos tópicos, medicamentos orais e mudanças no estilo de vida para controlar os sintomas e prevenir cicatrizes.

## **Genes Analisados**

**BCMO1, TYK2, IL1A, RETN, CYP17A1, HSD11B1,**

### **Relação Genética**

A genética tem um papel importante no risco de desenvolver acne, influenciando fatores como a produção de sebo, a resposta inflamatória e a sensibilidade hormonal da pele. Pessoas com histórico familiar de acne têm maior probabilidade de desenvolver a condição, especialmente formas mais graves. Variantes genéticas podem afetar a atividade das glândulas sebáceas e a resposta imunológica da pele, aumentando a predisposição a poros obstruídos e inflamações. Embora a genética seja um fator de risco, fatores ambientais, como dieta e cuidados com a pele, também influenciam o aparecimento e a gravidade da acne.

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

Os genes deste painel afetam a produção de sebo, regulação hormonal e resposta inflamatória cutânea. Alterações em IL1A, CYP17A1 e RETN podem favorecer o aparecimento de acne, especialmente em fases hormonais ativas. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de acne inflamatória ou persistente. Nestes casos, recomenda-se atenção à dieta (evitar açúcar e laticínios), uso de dermocosméticos adequados e, em alguns casos, acompanhamento dermatológico com apoio hormonal.



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

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SAÚDE DA PELE E CABELOS**

**Seus resultados**

**GENE: TYK2**

**SNP: rs33\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Risco normal de acne grave, sem alelos de proteção.

O gene TYK2 codifica uma tirosina quinase não receptora que desempenha um papel crucial na sinalização celular mediada por citocinas, especialmente aquelas envolvidas nas respostas inflamatórias e imunológicas da pele. A TYK2 é fundamental para a transdução de sinais de citocinas como interleucinas e interferons, que são importantes para a defesa da pele contra infecções e na regulação da inflamação. Variantes no gene TYK2 estão associadas a doenças autoimunes e dermatológicas, como psoríase e eczema, influenciando a saúde da pele.

**GENE: IL1A**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de acne por vias inflamatórias.

O gene IL1A codifica a interleucina-1 alfa, uma citocina pró-inflamatória que desempenha um papel fundamental na resposta imune e na regulação da inflamação na pele. A IL-1a é produzida por queratinócitos e outras células da pele em resposta a lesões e infecções, promovendo a inflamação, a cicatrização e a ativação de células imunes. Níveis elevados de IL-1a estão associados a várias condições de pele, como acne, psoríase e dermatite, indicando seu papel na saúde da pele.

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SAÚDE DA PELE E CABELOS**

**Seus resultados**

**GENE: IL1A**

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

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Sinalização de IL1A normal. Risco normal de acne. Associado à carga viral reduzida em estudos de SARS-Cov-1.

O gene IL1A codifica a interleucina-1 alfa, uma citocina pró-inflamatória que desempenha um papel fundamental na resposta imune e na regulação da inflamação na pele. A IL-1a é produzida por queratinócitos e outras células da pele em resposta a lesões e infecções, promovendo a inflamação, a cicatrização e a ativação de células imunes. Níveis elevados de IL-1a estão associados a várias condições de pele, como acne, psoríase e dermatite, indicando seu papel na saúde da pele.

Estudo de referência: PMID: 29498183

**GENE: RETN**

**SNP: rs3\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de acne.

O gene RETN codifica a resistina, uma citocina envolvida na regulação do metabolismo e na resposta inflamatória. A resistina é secretada por adipócitos e tem sido associada à inflamação crônica e ao desenvolvimento de resistência à insulina. Na saúde da pele, a resistina pode influenciar processos inflamatórios e contribuir para condições dermatológicas, como acne e psoríase, onde a inflamação desempenha um papel central.

Estudo de referência: PMID 26858108

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: SAÚDE DA PELE E CABELOS

## Seus resultados

**GENE:** HSD11B1

**RISCO:** Sem risco aumentado de acne por excesso de cortisol.

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

**SEUS ALELOS:** GG

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

O gene HSD11B1 codifica a enzima 11-beta-hidroxiesteroide desidrogenase tipo 1, que converte o cortisol inativo em sua forma ativa. Esta enzima é importante para a regulação dos níveis de glicocorticoides na pele, afetando a resposta inflamatória e a cicatrização. O equilíbrio da atividade da HSD11B1 é crucial para a saúde da pele, e alterações em sua função podem estar associadas a condições como acne e outras desordens cutâneas relacionadas ao estresse.

Estudo de referência: PMID 30774405

**GENE:** BCMO1

**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.

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

**SEUS ALELOS:** CT

**CLASSIFICAÇÃO:** Regular

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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: SAÚDE DA PELE E CABELOS

Seus resultados

**GENE:** BCMO1

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

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: SAÚDE DA PELE E CABELOS

Seus resultados

### **095 - PAINEL VERSA | SAÚDE DA PELE - HIPERPIGMENTAÇÃO DA PELE**

O melasma é uma condição de pele caracterizada pelo aparecimento de manchas escuras, geralmente no rosto, especialmente nas bochechas, testa e lábio superior. Ele é causado pelo aumento na produção de melanina, o pigmento que dá cor à pele, e pode ser desencadeado por fatores como exposição ao sol, alterações hormonais (como gravidez ou uso de anticoncepcionais) e predisposição genética. O melasma é mais comum em mulheres e pessoas com pele mais escura. O tratamento inclui o uso de protetor solar, cremes despigmentantes e, em alguns casos, procedimentos dermatológicos, como peelings ou laser, para clarear as manchas.

## **Genes Analisados**

**MC1R, ASIP,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel importante no risco de desenvolver melasma, influenciando a predisposição da pele a produzir melanina em excesso. Pessoas com histórico familiar de melasma ou com certos genes ligados à pigmentação têm maior probabilidade de desenvolver a condição, especialmente em resposta a fatores desencadeantes, como exposição ao sol e alterações hormonais. A cor natural da pele também é influenciada pela genética, e indivíduos com pele mais escura tendem a ser mais suscetíveis ao melasma. Embora a genética aumente o risco, o uso de protetor solar e cuidados com a pele podem ajudar a prevenir ou minimizar as manchas.

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

MC1R e ASIP influenciam a produção de melanina e a resposta da pele à radiação solar. Alterações nesses genes podem aumentar o risco de hiperpigmentações, sardas e sensibilidade a manchas. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior predisposição a alterações de coloração cutânea, especialmente após exposição solar. Nestes casos, é fundamental o uso diário de protetor solar, antioxidantes tópicos (como vitamina C) e, quando necessário, tratamentos clareadores supervisionados.



<https://www.msmanuals.com/pt-br/casa/dist%C3%BArbios-da-pele/dist%C3%BArbios-de-pigmenta%C3%A7%C3%A3o/hiperpigmenta%C3%A7%C3%A3o>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: SAÚDE DA PELE E CABELOS

Seus resultados

**GENE: MC1R**

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

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco reduzido de hiperpigmentação da pele.

O gene MC1R codifica o receptor de melanocortina 1, que é essencial na regulação da produção de melanina, o pigmento responsável pela cor da pele e pela proteção contra danos causados pela radiação UV. O MC1R influencia a resposta da pele à exposição ao sol e está associado a diferentes tipos de pele e risco de câncer de pele. Variantes no gene MC1R estão ligadas a pele clara e uma maior suscetibilidade a queimaduras solares e melanoma.

Estudo de referência: PMID: 26103569

**GENE: ASIP**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Aumento da sensibilidade ao sol. Maior risco de queimaduras solares e sardas.

O gene ASIP codifica a proteína agouti signaling protein, que atua na regulação da produção de melanina e na cor da pele. A ASIP inibe a função do receptor MC1R, influenciando a quantidade de eumelanina e feomelanina produzidas. Alterações nesse gene podem afetar o fenótipo da pele e a resposta a fatores ambientais, contribuindo para variações na cor da pele e no risco de câncer de pele.

Estudo de referência: PMID 18488028

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SAÚDE DA PELE E CABELOS**

**Seus resultados**

**GENE: ASIP**

**SNP: rs49\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Sensibilidade normal ao sol. Menor risco de queimaduras solares e sardas.

O gene ASIP codifica a proteína agouti signaling protein, que atua na regulação da produção de melanina e na cor da pele. A ASIP inibe a função do receptor MC1R, influenciando a quantidade de eumelanina e feomelanina produzidas. Alterações nesse gene podem afetar o fenótipo da pele e a resposta a fatores ambientais, contribuindo para variações na cor da pele e no risco de câncer de pele.

Estudo de referência: PMID 18488028

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: SAÚDE DA PELE E CABELOS

Seus resultados

### **096 - PAINEL VERSA | SAÚDE DA PELE - RUGAS E FLACIDEZ DAS PÁLPEBRAS**

As rugas são linhas e dobras que se formam na pele devido ao processo natural de envelhecimento. Com o tempo, a pele perde colágeno, elastina e hidratação, resultando em menor firmeza e elasticidade. Fatores como exposição ao sol, tabagismo, poluição e expressões faciais repetitivas podem acelerar o surgimento de rugas. Embora sejam uma parte inevitável do envelhecimento, hábitos saudáveis, como o uso de protetor solar, hidratação adequada e uma dieta equilibrada, podem ajudar a retardar o aparecimento das rugas e manter a pele com aparência mais jovem por mais tempo. Tratamentos estéticos, como cremes anti-envelhecimento, peelings e procedimentos a laser, também podem reduzir sua aparência.

## **Genes Analisados**

IRF4, MACROH2A2, STXBP5L,

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel importante na predisposição ao surgimento de rugas, influenciando a velocidade com que a pele envelhece. Genes que regulam a produção de colágeno, elastina e a capacidade de reparo da pele podem determinar a elasticidade e firmeza da pele ao longo do tempo. Pessoas com predisposição genética podem desenvolver rugas mais cedo ou em maior quantidade, especialmente quando expostas a fatores externos, como sol e poluição. Embora a genética seja um fator importante, cuidados com a pele, como o uso de protetor solar e hidratação, podem ajudar a retardar o surgimento de rugas e manter a pele saudável.

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

Este painel avalia genes relacionados ao envelhecimento cutâneo, especialmente na região dos olhos. IRF4 influencia a pigmentação e está associado ao envelhecimento visível da pele. MACROH2A2 e STXBP5L estão ligados à estrutura celular e elasticidade da pele. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam predisposição ao surgimento precoce de rugas finas e flacidez das pálpebras. Nestes casos, é recomendado o uso diário de fotoproteção, dermocosméticos com retinol ou peptídeos e, se necessário, suporte dermatológico preventivo.



<https://www.studioluizamari.com.br/post/rugas-e-linhas-de-expressao-o-que-sao-e-como-cuidar>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: SAÚDE DA PELE E CABELOS

Seus resultados

**GENE: STXBP5L**

**SNP: rs3\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Fotoenvelhecimento normal e maior predisposição à ocorrência de rugas.

O gene STXBP5L codifica uma proteína envolvida na liberação de neurotransmissores e na secreção de hormônios em células endócrinas e neurais. Essa proteína pode influenciar a comunicação celular e processos de secreção em células da pele, afetando a resposta a estímulos e a homeostase cutânea. Embora mais pesquisas sejam necessárias, o STXBP5L pode estar implicado em processos que afetam a saúde e a função da pele.

Estudo de referência: PMID 23223146

**GENE: MACROH2A2**

**SNP: rs16\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Maior risco de flacidez das pálpebras.

O gene MACROH2A2 codifica uma variante da proteína histona macroH2A, que está envolvida na regulação da estrutura da cromatina e na modulação da expressão gênica. Essa proteína desempenha um papel na resposta ao estresse e na reparação do DNA, sendo importante para a manutenção da integridade celular. Na saúde da pele, a MACROH2A2 pode influenciar a resposta a lesões e inflamações, afetando a cicatrização e a regeneração da pele.

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: SAÚDE DA PELE E CABELOS

Seus resultados

**GENE:** IRF4

**SNP:** rs12\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** CC

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

**RISCO:** Menor tendência ao fotoenvelhecimento da pele.

O gene IRF4 codifica um fator de transcrição que regula a resposta imune e a inflamação. Na pele, o IRF4 é importante para a função das células T e na regulação da produção de citocinas, influenciando a resposta a infecções e a cicatrização. Variantes no gene IRF4 estão associadas a doenças inflamatórias da pele, como eczema e psoríase, destacando seu papel na modulação das respostas cutâneas e na saúde da pele.

Estudo de referência: PMID: 19340012

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: SAÚDE DA PELE E CABELOS

Seus resultados

### **097 - PAINEL VERSA | SAÚDE DA PELE - CABELOS RUIVOS E RISCO DE MELANOMA**

Os cabelos ruivos são uma característica genética rara, resultante de mutações no gene MC1R, que regula a produção de melanina, o pigmento que dá cor à pele e ao cabelo. Em pessoas com essa mutação, a produção de eumelanina (pigmento escuro) é reduzida, enquanto a feomelanina (pigmento avermelhado) é aumentada, dando origem à cor ruiva. Além da cor marcante, pessoas ruivas geralmente têm pele mais clara e sensível ao sol, além de uma maior propensão a sardas. O cabelo ruivo é mais comum em populações do norte da Europa e ocorre em menos de 2% da população mundial.

## **Genes Analisados**

MC1R,

### **Relação Genética**

A genética que resulta em cabelos ruivos está ligada a mutações no gene MC1R, responsável pela produção de melanina. Essas mutações aumentam a produção de feomelanina (pigmento avermelhado) e reduzem a eumelanina (pigmento escuro), deixando a pele e os cabelos mais claros. Pessoas com cabelos ruivos têm menor proteção natural contra os raios UV, o que aumenta o risco de danos causados pelo sol e, conseqüentemente, o risco de desenvolver câncer de pele, como melanoma. A sensibilidade ao sol e a predisposição genética tornam o uso de protetor solar e cuidados com a exposição solar essenciais para a prevenção em pessoas com cabelos ruivos.

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

O gene MC1R regula a produção de melanina e está associado à coloração da pele e cabelos. Alterações nesse gene estão diretamente ligadas ao fenótipo de cabelos ruivos e pele clara, além de aumentar o risco de melanoma cutâneo, mesmo em pessoas sem exposição excessiva ao sol. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior vulnerabilidade à radiação UV. Nestes casos, é essencial o uso diário de protetor solar, acompanhamento dermatológico e evitar exposição solar intensa.



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

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: SAÚDE DA PELE E CABELOS

Seus resultados

**GENE: MC1R**

**SNP: rs18\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Não possui alelos de cabelo ruivo.

O gene MC1R codifica o receptor de melanocortina 1, que é essencial na regulação da produção de melanina, o pigmento responsável pela cor da pele e pela proteção contra danos causados pela radiação UV. O MC1R influencia a resposta da pele à exposição ao sol e está associado a diferentes tipos de pele e risco de câncer de pele. Variantes no gene MC1R estão ligadas a pele clara e uma maior suscetibilidade a queimaduras solares e melanoma.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_002386.4(MC1R):c.252C>A (p.Asp84Glu) [Conflito de patogenicidade]

**GENE: MC1R**

**SNP: rs18\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Não possui alelos de cabelo ruivo. Risco normal de melanoma.

O gene MC1R codifica o receptor de melanocortina 1, que é essencial na regulação da produção de melanina, o pigmento responsável pela cor da pele e pela proteção contra danos causados pela radiação UV. O MC1R influencia a resposta da pele à exposição ao sol e está associado a diferentes tipos de pele e risco de câncer de pele. Variantes no gene MC1R estão ligadas a pele clara e uma maior suscetibilidade a queimaduras solares e melanoma.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_002386.4(MC1R):c.880G>A (p.Asp294Asn) [Significado incerto - VUS]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: SAÚDE DA PELE E CABELOS

Seus resultados

**GENE: MC1R**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Não possui alelos de cabelo ruivo. Risco normal de melanoma.

O gene MC1R codifica o receptor de melanocortina 1, que é essencial na regulação da produção de melanina, o pigmento responsável pela cor da pele e pela proteção contra danos causados pela radiação UV. O MC1R influencia a resposta da pele à exposição ao sol e está associado a diferentes tipos de pele e risco de câncer de pele. Variantes no gene MC1R estão ligadas a pele clara e uma maior suscetibilidade a queimaduras solares e melanoma.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_002386.4(MC1R):c.478C>T (p.Arg160Trp) [Conflito de patogenicidade]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: RISCO DE ENXAQUECA

Seus resultados

## **100 - PAINEL VERSA | SAÚDE PREVENTIVA - ENXAQUECA**

A enxaqueca é um distúrbio neurológico caracterizado por fortes dores de cabeça pulsantes, geralmente em um dos lados da cabeça, acompanhadas de sintomas como náusea, sensibilidade à luz e ao som, e, em alguns casos, auras visuais. A duração da enxaqueca pode variar de horas a dias, e os fatores desencadeantes incluem estresse, certos alimentos, alterações hormonais e falta de sono. A condição pode ser debilitante, afetando a qualidade de vida. O tratamento envolve medicamentos para aliviar os sintomas e prevenir as crises, além de mudanças no estilo de vida para evitar gatilhos. A enxaqueca pode ter um componente genético, com a condição frequentemente ocorrendo em famílias.

## **Genes Analisados**

**AOC1, NNMT, MTDH,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel significativo na predisposição à enxaqueca, com estudos mostrando que pessoas com histórico familiar de enxaqueca têm maior probabilidade de desenvolver a condição.

Pesquisadores estimam que cerca de 50% das enxaquecas são devidas a fatores hereditários (como variantes genéticas), que se combinam com fatores ambientais (hormônios, alimentos com alto teor de histamina) para causar enxaquecas.

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

Este painel avalia genes envolvidos na degradação de aminas e na excitabilidade neurológica. Alterações em AOC1 e NNMT podem favorecer o acúmulo de histamina e neurotransmissores, desencadeando crises de enxaqueca. Já MTDH está relacionado à sensibilidade cerebral à dor. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de enxaquecas frequentes. Nestes casos, o controle alimentar, manejo do estresse e, em alguns casos, suplementação com magnésio ou riboflavina podem ser benéficos.



<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/14624726/>

<https://www.nature.com/articles/ng.856>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5056911/>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27130307/>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: RISCO DE ENXAQUECA**

**Seus resultados**

**GENE: NNMT**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco reduzido de enxaqueca.

O gene NNMT codifica a enzima N-metiltransferase, que está envolvida no metabolismo da nicotinamida e na regulação do fluxo de energia nas células. A NNMT desempenha um papel no processo de metilação, que é essencial para várias funções celulares, incluindo a modulação da expressão gênica e a regulação do estresse oxidativo. Alterações na atividade da NNMT podem estar relacionadas a condições como obesidade e doenças metabólicas, influenciando a saúde celular e a homeostase energética.

Estudo de referência: PMC5056911

**GENE: MTDH**

**SNP: rs18\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de enxaquecas.

O gene MTDH (metadherin) codifica uma proteína que está envolvida na regulação da sobrevivência celular, migração e invasão, influenciando a progressão do câncer. A metadherina está associada à resposta a fatores de crescimento e está implicada em processos de inflamação e defesa imunológica. A superexpressão de MTDH tem sido associada a várias neoplasias, e seu papel na modulação da sinalização celular a torna um alvo de interesse para pesquisas sobre o câncer.

Estudo de referência: PMC7011260

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

## Categoria no resumo: RISCO DE ENXAQUECA

## Seus resultados

**GENE:** AOC1

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

**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

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: RISCO DE ASMA

Seus resultados

## **101 - PAINEL VERSA | SAÚDE PREVENTIVA - SAÚDE RESPIRATÓRIA**

As doenças pulmonares afetam os pulmões e a capacidade de respirar, comprometendo a troca de oxigênio no corpo. Entre as mais comuns estão a asma, doença pulmonar obstrutiva crônica (DPOC), enfisema, bronquite e fibrose pulmonar. Essas condições podem ser causadas por fatores genéticos, exposição prolongada a poluentes, tabagismo e infecções. Os sintomas incluem falta de ar, tosse persistente, chiado no peito e fadiga. O tratamento varia de acordo com a doença e pode incluir medicamentos, fisioterapia respiratória e, em casos graves, suporte de oxigênio. A prevenção, como evitar o tabaco e a exposição a poluentes, é essencial para reduzir o risco de doenças pulmonares.

## **Genes Analisados**

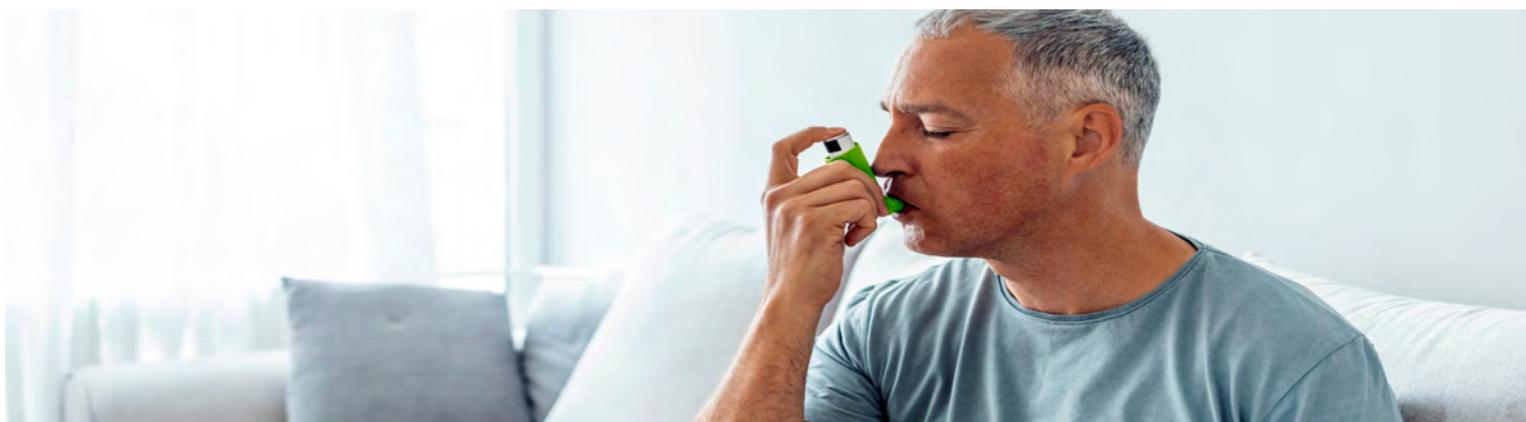
**TBX21, GSDMB,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel importante na predisposição a diversas doenças pulmonares. Mutações genéticas, como no gene SERPINA1, que está associado à deficiência de alfa-1 antitripsina, aumentam o risco de desenvolver doenças como enfisema e DPOC, mesmo em não fumantes. Além disso, variantes em genes relacionados à resposta imune, como o ORMDL3, podem aumentar a suscetibilidade à asma e inflamação pulmonar. Embora a genética influencie o risco de doenças pulmonares, fatores ambientais, como tabagismo e poluição, também desempenham um papel significativo. O conhecimento dessas predisposições genéticas pode auxiliar na prevenção e no tratamento personalizado dessas condições.

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

Os genes TBX21 e GSDMB participam da resposta inflamatória e da regulação das vias aéreas. Alterações nesses genes podem favorecer a hiperreatividade brônquica e o surgimento de asma, especialmente na infância ou em resposta a alérgenos. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior predisposição a inflamações respiratórias. Nestes casos, é importante evitar gatilhos ambientais, manter uma boa função imunológica e, se necessário, considerar suporte médico preventivo com foco respiratório.



<https://www.nhs.uk/conditions/chronic-obstructive-pulmonary-disease-copd/>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: RISCO DE ASMA

Seus resultados

**GENE: GSDMB**

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

**SEUS ALELOS: CT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de asma infantil.

O gene GSDMB codifica a proteína gasdermina B, que desempenha um papel importante na resposta imune e na regulação da inflamação. As proteínas gasderminas estão envolvidas na formação de poros na membrana celular, levando à morte celular programada ou à liberação de citocinas inflamatórias. O GSDMB tem sido implicado em doenças autoimunes e na defesa contra patógenos, além de estar associado a condições como asma.

Estudo de referência: PMID: 17611496

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: RISCO DE HEMOCROMATOSE

Seus resultados

## **102 - PAINEL VERSA | SAÚDE PREVENTIVA - RISCO DE HEMOCROMATOSE**

A hemocromatose é uma condição genética caracterizada pelo acúmulo excessivo de ferro no organismo, principalmente no fígado, coração e pâncreas. Isso ocorre devido a uma mutação no gene HFE, que regula a absorção de ferro. O excesso de ferro pode danificar os órgãos, levando a problemas como cirrose, insuficiência cardíaca, diabetes e artrite. A hemocromatose é frequentemente assintomática nas fases iniciais, mas pode causar fadiga, dores articulares e alterações na cor da pele à medida que o ferro se acumula. O tratamento inclui flebotomias regulares (remoção de sangue) para reduzir os níveis de ferro e prevenir danos aos órgãos.

## **Genes Analisados**

HFE,

### **Relação Genética**

A hemocromatose é uma condição geneticamente determinada, principalmente causada por mutações no gene HFE, com as variantes C282Y e H63D sendo as mais comuns. Essas mutações afetam a capacidade do corpo de regular a absorção de ferro, resultando em seu acúmulo excessivo nos órgãos. A herança é autossômica recessiva, ou seja, para desenvolver a doença, o indivíduo deve herdar uma cópia mutada do gene de ambos os pais. Pessoas com essas mutações genéticas têm maior risco de desenvolver hemocromatose e complicações associadas, como danos ao fígado e coração. O diagnóstico precoce, por meio de testes genéticos, permite o tratamento e a prevenção de complicações.

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

O gene HFE regula a absorção de ferro no intestino. Alterações nesse gene podem causar hemocromatose hereditária, uma condição em que o organismo absorve ferro em excesso, aumentando o risco de sobrecarga hepática, cardíaca e pancreática. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco genético. Nestes casos, é indicado monitorar os níveis de ferritina e transferrina, evitar suplementação de ferro desnecessária e considerar avaliação clínica e genética complementar em casos suspeitos.



<https://www.mayoclinic.org/diseases-conditions/hemochromatosis/symptoms-causes/syc-20351443>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE HEMOCROMATOSE**

**Seus resultados**

**GENE: HFE**

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

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de hemocromatose. Risco normal de esteatose hepática não alcoólica.

O gene HFE está envolvido na regulação da absorção de ferro no organismo. A proteína codificada pelo gene HFE se liga à transferrina e regula a captação de ferro pelas células, evitando a sobrecarga de ferro no organismo. Mutações no gene HFE podem levar à hemocromatose hereditária, condição caracterizada pelo acúmulo excessivo de ferro, que pode causar danos a órgãos como fígado, coração e pâncreas.

Estudo de referência: PMID: 28474781

**GENE: HFE**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de hemocromatose. Risco normal de esteatose hepática não alcoólica.

O gene HFE está envolvido na regulação da absorção de ferro no organismo. A proteína codificada pelo gene HFE se liga à transferrina e regula a captação de ferro pelas células, evitando a sobrecarga de ferro no organismo. Mutações no gene HFE podem levar à hemocromatose hereditária, condição caracterizada pelo acúmulo excessivo de ferro, que pode causar danos a órgãos como fígado, coração e pâncreas.

Estudo de referência: PMID: 28474781

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: RISCO DE HEMOCROMATOSE**

**Seus resultados**

**GENE: HFE**

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

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de hemocromatose.

O gene HFE está envolvido na regulação da absorção de ferro no organismo. A proteína codificada pelo gene HFE se liga à transferrina e regula a captação de ferro pelas células, evitando a sobrecarga de ferro no organismo. Mutações no gene HFE podem levar à hemocromatose hereditária, condição caracterizada pelo acúmulo excessivo de ferro, que pode causar danos a órgãos como fígado, coração e pâncreas.

Estudo de referência: PMID: 10194428

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | 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 ALFA-1 ANTITRIPSINA

Seus resultados

### **103 - PAINEL VERSA | SAÚDE PREVENTIVA - DEFICIÊNCIA DE ALFA-1 ANTITRIPSINA**

A deficiência de alfa-1 antitripsina é uma condição genética que resulta na produção insuficiente ou defeituosa da proteína alfa-1 antitripsina, que protege os tecidos pulmonares e hepáticos de danos. Essa deficiência pode levar a doenças pulmonares, como enfisema e doença pulmonar obstrutiva crônica (DPOC), além de doenças hepáticas, como cirrose. A causa é uma mutação no gene SERPINA1, que regula a produção da alfa-1 antitripsina. Pessoas com essa condição, especialmente fumantes, têm maior risco de desenvolver complicações graves. O tratamento inclui reposição da alfa-1 antitripsina, cuidados pulmonares e evitar fatores agravantes, como o tabagismo.

## **Genes Analisados**

**SERPINA1,**

### **Relação Genética**

A deficiência de alfa-1 antitripsina é causada por mutações no gene SERPINA1, que afeta a produção e a função da proteína alfa-1 antitripsina, essencial para proteger os pulmões e o fígado de danos. A variante mais comum, ZZ, resulta em níveis extremamente baixos da proteína, aumentando significativamente o risco de doenças pulmonares, como enfisema, e doenças hepáticas, como cirrose. A condição é hereditária, seguindo um padrão de herança autossômica recessiva, o que significa que a pessoa precisa herdar duas cópias defeituosas do gene, uma de cada pai. O diagnóstico genético precoce permite monitorar e tratar a condição, ajudando a prevenir complicações graves.

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

O gene SERPINA1 codifica a alfa-1 antitripsina, uma proteína que protege os pulmões contra processos inflamatórios. Alterações nesse gene podem reduzir sua produção ou função, aumentando o risco de enfisema pulmonar, mesmo em não fumantes. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam risco aumentado. Nestes casos, recomenda-se evitar exposição a fumaças e poluentes, manter acompanhamento médico e, se necessário, investigar os níveis séricos da proteína para diagnóstico precoce.



<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/21138453/>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11161981/>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE DEFICIÊNCIA DE ALFA-1 ANTITRIPSINA**

**Seus resultados**

**GENE: SERPINA1**

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

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Atividade enzimática normal. Sem deficiência de alfa-1 antitripsina. Risco normal de complicações pulmonares na COVID-19.

O gene SERPINA1 codifica a alfa-1 antitripsina, uma proteína que atua como inibidora de proteases, protegendo os pulmões e outros tecidos de danos causados por enzimas como a elastase. A deficiência de alfa-1 antitripsina está associada a doenças pulmonares, como enfisema e doença pulmonar obstrutiva crônica (DPOC), e pode aumentar o risco de doenças hepáticas. A proteína é, portanto, essencial para a manutenção da saúde pulmonar e hepática.

Estudo de referência: PMID: 301355

**GENE: SERPINA1**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Atividade enzimática normal. Sem deficiência de alfa-1 antitripsina. Risco normal de cirrose em pessoas com doença hepática gordurosa não alcoólica. Risco normal de problemas respiratórios.

O gene SERPINA1 codifica a alfa-1 antitripsina, uma proteína que atua como inibidora de proteases, protegendo os pulmões e outros tecidos de danos causados por enzimas como a elastase. A deficiência de alfa-1 antitripsina está associada a doenças pulmonares, como enfisema e doença pulmonar obstrutiva crônica (DPOC), e pode aumentar o risco de doenças hepáticas. A proteína é, portanto, essencial para a manutenção da saúde pulmonar e hepática.

Estudo de referência: PMID: 23990791

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: DENSIDADE MINERAL ÓSSEA

Seus resultados

### **104 - PAINEL VERSA | SAÚDE PREVENTIVA - RISCO DE OSTEOPOROSE**

A osteoporose é uma condição caracterizada pela perda progressiva de densidade óssea, tornando os ossos frágeis e mais suscetíveis a fraturas. Ela ocorre quando a renovação óssea não acompanha a taxa de perda, com fatores como envelhecimento, alterações hormonais (especialmente após a menopausa), dieta pobre em cálcio, sedentarismo e predisposição genética contribuindo para seu desenvolvimento. A osteoporose é frequentemente chamada de "doença silenciosa", pois muitas vezes só é detectada após uma fratura. A prevenção inclui uma dieta rica em cálcio e vitamina D, exercícios com peso e, em alguns casos, medicamentos para fortalecer os ossos.

## **Genes Analisados**

VDR-BsmI, TNFSF11, LRP5, TGFB1,

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel crucial na predisposição à osteoporose, influenciando fatores como a densidade mineral óssea e o metabolismo do cálcio. Variantes em genes como o COL1A1, responsável pela produção de colágeno nos ossos, e o LRP5, envolvido na regulação da formação óssea, podem aumentar o risco de perda óssea acelerada. Pessoas com histórico familiar de osteoporose têm maior probabilidade de desenvolver a doença. Embora a genética aumente o risco, fatores ambientais como dieta, exercício e estilo de vida também são importantes para a prevenção e controle da osteoporose. O conhecimento dessas predisposições genéticas pode auxiliar em medidas preventivas mais eficazes.

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

Este painel avalia genes envolvidos na absorção de cálcio, formação e reabsorção óssea. Alterações em VDR, LRP5 e TGFB1 podem levar à redução da densidade mineral óssea, favorecendo fraturas. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam predisposição à osteoporose. Nestes casos, recomenda-se avaliação periódica da densidade óssea, ingestão adequada de cálcio e vitamina D, prática de exercícios com carga e, em alguns casos, intervenção medicamentosa.



<https://www.endocrinology-journals.org/joe-sub/content/166/2/235.long>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: DENSIDADE MINERAL ÓSSEA

Seus resultados

**GENE: TNFSF11**

**RISCO:** Densidade mineral óssea normal.

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

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene TNFSF11, também conhecido como RANKL, codifica uma citocina que é fundamental para a regulação da formação e atividade dos osteoclastos, células responsáveis pela reabsorção óssea. O RANKL se liga ao seu receptor RANK, promovendo a diferenciação de precursores em osteoclastos e a modulação da homeostase óssea. Alterações na sinalização do TNFSF11 podem contribuir para doenças ósseas, como a osteoporose e artrite, afetando a saúde óssea.

Estudo de referência: PMID: 33376557

**GENE: TNFSF11**

**RISCO:** Densidade mineral óssea normal.

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

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene TNFSF11, também conhecido como RANKL, codifica uma citocina que é fundamental para a regulação da formação e atividade dos osteoclastos, células responsáveis pela reabsorção óssea. O RANKL se liga ao seu receptor RANK, promovendo a diferenciação de precursores em osteoclastos e a modulação da homeostase óssea. Alterações na sinalização do TNFSF11 podem contribuir para doenças ósseas, como a osteoporose e artrite, afetando a saúde óssea.

Estudo de referência: PMID: 25138264

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: DENSIDADE MINERAL ÓSSEA

Seus resultados

**GENE: TNFSF11**

**RISCO:** Diminuição da força de compressão femoral e DMO.

**SNP: rs12\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

O gene TNFSF11, também conhecido como RANKL, codifica uma citocina que é fundamental para a regulação da formação e atividade dos osteoclastos, células responsáveis pela reabsorção óssea. O RANKL se liga ao seu receptor RANK, promovendo a diferenciação de precursores em osteoclastos e a modulação da homeostase óssea. Alterações na sinalização do TNFSF11 podem contribuir para doenças ósseas, como a osteoporose e artrite, afetando a saúde óssea.

Estudo de referência: PMID 19458885

**GENE: LRP5**

**RISCO:** Risco normal de osteoporose.

**SNP: rs3\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

O gene LRP5 codifica uma proteína que é um co-receptor para fatores de crescimento e hormônios, desempenhando um papel fundamental na regulação do metabolismo ósseo e na densidade mineral óssea. O LRP5 está envolvido na via de sinalização Wnt, que é crucial para a formação e manutenção do tecido ósseo. Variantes no gene LRP5 estão associadas a condições como osteoporose e doenças ósseas, refletindo sua importância na saúde esquelética.

Estudo de referência: PMID 18349089

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: DENSIDADE MINERAL ÓSSEA**

**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 de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: RISCO DE INFECÇÕES

Seus resultados

### **105 - PAINEL VERSA | DOENÇAS INFECCIOSAS - RISCO DE INFECÇÕES**

Infecções virais e bacterianas são causadas por diferentes tipos de microrganismos que invadem o corpo, provocando doenças. As infecções virais, como a gripe e o resfriado, ocorrem quando vírus se infiltram nas células do corpo e as utilizam para se replicar. Já as infecções bacterianas, como pneumonia ou infecções urinárias, resultam da multiplicação de bactérias que podem liberar toxinas e causar danos aos tecidos. Embora ambos os tipos de infecções possam apresentar sintomas semelhantes, como febre e fadiga, o tratamento difere: infecções bacterianas geralmente respondem a antibióticos, enquanto as infecções virais são tratadas com antivirais ou cuidados de suporte. A prevenção inclui boas práticas de higiene, vacinas e, em alguns casos, medicamentos preventivos.

## **Genes Analisados**

IFNL3, IL18, TIRAP, CD209, MBL2, FUT2, CCR5, Intergene, HLA-C, CCR2, PRR2A, CCL2, TMPRSS2, HLA-B,

### **Relação Genética**

A genética influencia significativamente a predisposição a infecções virais e bacterianas, afetando a eficiência do sistema imunológico. Variantes em genes como o TLR (receptores Toll-like) e o IFNL3, que regulam a resposta imune inata, podem determinar a rapidez e a intensidade com que o corpo reage a patógenos. Algumas pessoas com variantes genéticas específicas podem ser mais suscetíveis a certos vírus ou bactérias, enquanto outras podem ter uma resposta imunológica mais robusta. Além disso, mutações em genes que controlam a produção de anticorpos ou células imunes podem enfraquecer a capacidade de combater infecções. Compreender essas predisposições genéticas pode ajudar na prevenção e no tratamento personalizado de infecções.

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

Este painel analisa genes relacionados à resposta imune inata e adaptativa. Alterações em genes como MBL2, CCR5 e FUT2 podem afetar a resistência a infecções respiratórias, virais, gastrointestinais e autoimunes. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior susceptibilidade a infecções ou menor resposta imunológica. Nestes casos, manter uma boa nutrição, suplementação estratégica (como vitamina D e zinco), e vacinação em dia é essencial para proteção imunológica.



<https://www.scielo.br/j/fb/a/GKR8KdC57bsgTWr5wV8c5RR>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

## Categoria no resumo: RISCO DE INFECÇÕES

## Seus resultados

**GENE: CCR5**

**SNP: rs\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: ID**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** 1 cópia do alelo delta32. Resistência muito aumentada à infecção por HIV. Progressão mais lenta do HIV para AIDS. Risco de mortalidade por HIV reduzido.

O gene CCR5 codifica um receptor quimiotático que é importante na migração de células imunológicas, especialmente células T e macrófagos, para locais de inflamação. O CCR5 é um receptor co-receptor para o vírus da imunodeficiência humana (HIV), facilitando a entrada do vírus nas células. Variantes que inativam o CCR5 estão associadas à resistência à infecção pelo HIV, e o gene é um alvo potencial para terapias antivirais.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Parabéns, você tem 1 cópia do alelo de resistência ao HIV. Leia mais em <http://snpedia.blogspot.com/2012/12/all-i-want-for-christmas-is-cure-for-hiv.html>

Estudo de referência: PMID: 8898752

**GENE: HLA-C**

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

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Se portador de HIV, tendência à carga viral normal (ausência de alelos de carga viral reduzida). Sem tratamento, progressão mais acelerada do HIV.

O gene HLA-C codifica uma proteína do MHC de classe I, que desempenha um papel importante na apresentação de antígenos a células T citotóxicas, ajudando o sistema imunológico a identificar e eliminar células infectadas ou tumorais. O HLA-C também está envolvido na regulação da resposta imune e na prevenção de infecções virais. Variantes no gene HLA-C têm sido associadas a diferentes respostas imunológicas e a riscos variados de infecções e doenças autoimunes.

Estudo de referência: Clinvar: NC\_000006.12:g.31306603T>C

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: RISCO DE INFECÇÕES

## Seus resultados

**GENE: HLA-B**

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

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de hipersensibilidade ao Abacavir.

O gene HLA-B codifica uma das subunidades do complexo principal de histocompatibilidade de classe I (MHC classe I), que é crucial para a apresentação de antígenos às células T citotóxicas. O HLA-B desempenha um papel fundamental na resposta imune a patógenos e na rejeição de enxertos. Variantes no gene HLA-B estão associadas a doenças autoimunes e infecções virais, influenciando a suscetibilidade a essas condições.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Abacavir é um fármaco utilizado pela medicina como antiviral, contra o HIV. Foi aprovado pelo FDA para uso em adultos e crianças em 1999.

Estudo de referência: PMID: 16998491

**GENE: TIRAP**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Menor proteção contra malária, tuberculose, bacteremia e doença pneumocócica.

O gene TIRAP codifica uma proteína que é um adaptador na sinalização do receptor Toll-like (TLR) e do receptor de NOD. A TIRAP está envolvida na ativação da resposta imune inata em resposta a patógenos. Alterações no gene TIRAP podem influenciar a suscetibilidade a infecções e doenças inflamatórias, uma vez que afetam a capacidade do organismo de responder adequadamente a agentes patogênicos.

Estudo de referência: PMID: 19509334

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

### Categoria no resumo: RISCO DE INFECÇÕES

### Seus resultados

**GENE: MBL2**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de tuberculose.

O gene MBL2 codifica a proteína de ligação à manose (MBL), que é um componente do sistema imunológico inato. A MBL desempenha um papel importante na opsonização de patógenos, facilitando sua eliminação pelo sistema imunológico. Variantes no gene MBL2 podem afetar a produção e a atividade da MBL, influenciando a susceptibilidade a infecções e a resposta imune.

Estudo de referência: PMID: 22417159

**GENE: FUT2**

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

**SEUS ALELOS: GA**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Tipo sanguíneo secretor – não resistente ao norovírus.

O gene FUT2 codifica uma enzima que é responsável pela adição de um grupo de açúcar específico aos antígenos de sangue no intestino e nas secreções corporais. A atividade do FUT2 está relacionada à expressão do fenótipo de secretor de grupos sanguíneos, o que pode influenciar a suscetibilidade a infecções gastrointestinais. Variantes no gene FUT2 têm sido associadas à proteção contra algumas infecções, como o norovírus.

Estudo de referência: PMID: 12692541

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

### Categoria no resumo: RISCO DE INFECÇÕES

### Seus resultados

**GENE:** IFNL3

**SNP:** rs12\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** CT

**CLASSIFICAÇÃO:** Regular

**RISCO:** Maior risco de hepatite C crônica. 20-40% desses indivíduos, quando com hepatite C, respondem ao tratamento.

O gene IFNL3 codifica a interleucina-28A (IL-28A), uma citocina que pertence à família dos interferons tipo III e que desempenha um papel importante na resposta antiviral e na regulação do sistema imunológico. A IL-28A é produzida em resposta a infecções virais e ajuda a ativar a defesa do organismo. Variantes no gene IFNL3 têm sido associadas à resposta ao tratamento de infecções virais, como hepatite C, influenciando a eficácia da terapia antiviral.

Estudo de referência: PMID: 19684573

**GENE:** Intergene

**SNP:** rs80\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** TG

**CLASSIFICAÇÃO:** Regular

**RISCO:** Probabilidades levemente reduzidas de responder ao tratamento com PEG-IFNalpha/RBV para hepatite.

Regiões intergênicas são segmentos do DNA localizados entre os genes, que não codificam proteínas diretamente. Embora por muito tempo tenham sido consideradas "DNA lixo", pesquisas recentes mostram que essas regiões desempenham papéis regulatórios importantes, como controlar a expressão gênica e influenciar a estrutura do DNA. Elementos intergênicos podem conter sequências que regulam quando e onde genes próximos são ativados, e também podem abrigar enhancers, promotores e outras sequências regulatórias. Essas regiões intergênicas podem impactar processos biológicos essenciais e estão ligadas a variações genéticas que influenciam a suscetibilidade a diversas doenças.

Estudo de referência: PMID 19749758

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: RISCO DE INFECÇÕES**

**Seus resultados**

**GENE:** Intergene

**RISCO:** Resistência viral normal.

**SNP:** rs25\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** GG

**CLASSIFICAÇÃO:** Regular

Regiões intergênicas são segmentos do DNA localizados entre os genes, que não codificam proteínas diretamente. Embora por muito tempo tenham sido consideradas "DNA lixo", pesquisas recentes mostram que essas regiões desempenham papéis regulatórios importantes, como controlar a expressão gênica e influenciar a estrutura do DNA. Elementos intergênicos podem conter sequências que regulam quando e onde genes próximos são ativados, e também podem abrigar enhancers, promotores e outras sequências regulatórias. Essas regiões intergênicas podem impactar processos biológicos essenciais e estão ligadas a variações genéticas que influenciam a suscetibilidade a diversas doenças.

**GENE:** PRRC2A

**RISCO:** Resistência viral normal.

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

**SEUS ALELOS:** GA

**CLASSIFICAÇÃO:** Regular

O gene PRRC2A codifica uma proteína que está envolvida na regulação da expressão gênica e na modulação da resposta celular. Embora o papel específico de PRRC2A ainda esteja sendo investigado, a proteína pode influenciar processos como a proliferação celular e a diferenciação, impactando a saúde e a função celular em diversos contextos, incluindo respostas inflamatórias.

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: RISCO DE INFECÇÕES

Seus resultados

**GENE: CCL2**

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

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Risco aumentado de infecção por SARS.

O gene CCL2, também conhecido como MCP-1 (monocyte chemoattractant protein-1), codifica uma quimiocina que atrai monócitos e outras células do sistema imunológico para locais de inflamação. A CCL2 desempenha um papel fundamental na resposta inflamatória e na cicatrização de feridas. Níveis elevados de CCL2 estão associados a várias condições inflamatórias, como artrite, aterosclerose e doenças autoimunes.

Estudo de referência: PMID: 25818534

**GENE: TMPRSS2**

**SNP: rs12\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Previsto para ter suscetibilidade normal à cepa a2a (D614G) de SARS-CoV-2.

O gene TMPRSS2 codifica uma protease que desempenha um papel na ativação de proteínas virais, facilitando a entrada de vírus nas células. O TMPRSS2 é particularmente relevante no contexto de infecções virais, como o coronavírus, onde a protease ativa as proteínas de superfície do vírus, permitindo que ele infecte as células. Alterações na expressão do TMPRSS2 podem influenciar a suscetibilidade a infecções virais.

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: RISCO DE INFECÇÕES**

**Seus resultados**

**GENE: IL18**

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

**SEUS ALELOS: TG**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Associado à carga viral levemente aumentada em estudos de SARS-Cov-1.

O gene IL18 codifica a interleucina-18, uma citocina que atua como um mediador inflamatório e é importante para a ativação de células T e células NK (natural killer). A IL-18 estimula a produção de interferon-gama (IFN- $\gamma$ ), promovendo uma resposta imune robusta contra infecções. Níveis elevados de IL-18 estão associados a várias doenças inflamatórias e autoimunes, destacando seu papel na saúde do sistema imunológico.

Estudo de referência: PMID: 36999046

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: RISCO DE INFECÇÕES

Seus resultados

### **106 - PAINEL VERSA | DOENÇAS INFECCIOSAS - RISCO DE COVID LONGA**

A COVID longa, ou síndrome pós-COVID, refere-se a um conjunto de sintomas persistentes que continuam ou surgem semanas ou meses após a infecção inicial pelo vírus SARS-CoV-2, mesmo após a recuperação da fase aguda da doença. Os sintomas podem incluir fadiga extrema, falta de ar, dores musculares, dificuldades cognitivas (popularmente conhecido como "névoa cerebral"), entre outros. A causa exata da COVID longa ainda não é totalmente compreendida, mas acredita-se que uma combinação de fatores imunológicos, inflamatórios e genéticos esteja envolvida. O manejo da COVID longa varia, com foco no alívio dos sintomas e acompanhamento médico contínuo.

## **Genes Analisados**

TRPM8, TNF, CTLA4,

### **Relação Genética**

A genética pode desempenhar um papel importante na predisposição à COVID longa, influenciando como o corpo responde ao vírus SARS-CoV-2 e aos processos inflamatórios subsequentes. Variantes em genes relacionados à resposta imunológica, como o CTLA4, podem afetar a capacidade do sistema imunológico de lidar com a infecção, aumentando o risco de sintomas persistentes. Além disso, mutações em genes associados ao metabolismo energético, inflamação e reparo celular, como o TNF, podem contribuir para a vulnerabilidade à COVID longa. O estudo dessas predisposições genéticas pode ajudar a identificar pessoas em maior risco e orientar estratégias personalizadas de tratamento e prevenção.

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

Os genes deste painel estão ligados à regulação da resposta inflamatória e persistência de sintomas após infecção por SARS-CoV-2. Alterações em TNF e CTLA4 podem contribuir para quadros de Covid longa, com fadiga, dor crônica ou alterações cognitivas. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de sintomas prolongados. Nestes casos, é indicado acompanhamento multidisciplinar, estratégias anti-inflamatórias e suporte nutricional e imunológico pós-infecção.



<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6370741/>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4392663/>

[https://www.cell.com/immunity/fulltext/S1074-7613\(16\)30110-8](https://www.cell.com/immunity/fulltext/S1074-7613(16)30110-8)

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7852482/>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: RISCO DE INFECÇÕES

## Seus resultados

**GENE: CTLA4**

**SNP: rs3\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GA**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Aumento do risco de doenças autoimunes. Diminuição da expressão de CTLA4. Risco aumentado de síndrome da fadiga crônica pós-infecção viral.

O gene CTLA4 codifica uma proteína chamada citotóxic T-lymphocyte-associated protein 4, que desempenha um papel crucial na regulação da resposta imune. O CTLA-4 é um receptor expresso nas células T, que atua como um inibidor da ativação das células T. Ele se liga a moléculas co-estimuladoras, como CD80 e CD86, nas células apresentadoras de antígenos, impedindo a ativação excessiva das células T e ajudando a manter a tolerância imunológica. Essa função é essencial para prevenir reações autoimunes e regular a intensidade da resposta imune durante infecções. Variantes no gene CTLA4 estão associadas a um risco aumentado de várias doenças autoimunes, como diabetes tipo 1 e lúpus eritematoso sistêmico, refletindo sua importância na

Estudo de referência: PMID: 28216262

**GENE: TNF**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Níveis normais de TNF-alfa. Risco normal de doenças inflamatórias. Risco normal de hiperinflamação na COVID-19. Risco normal de síndrome da fadiga crônica pós-infecção viral.

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: 27307133

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: RISCO DE INFECÇÕES

Seus resultados

**GENE: TRPM8**

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

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de síndrome da fadiga crônica pós-infecção viral.

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: PMID: 27099524

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SAÚDE DA MULHER - HORMÔNIOS**

**Seus resultados**

### **107 - PAINEL VERSA | SAÚDE DA MULHER - HORMÔNIOS**

A saúde da mulher abrange uma ampla gama de aspectos físicos, emocionais e reprodutivos que são específicos ao corpo feminino. Inclui cuidados preventivos, como exames ginecológicos regulares, mamografias e acompanhamento da saúde hormonal, além de atenção a questões como ciclo menstrual, gravidez, menopausa e saúde óssea. Fatores como doenças cardiovasculares, câncer de mama e endometriose também são áreas de preocupação na saúde da mulher. A promoção de uma boa saúde envolve alimentação equilibrada, atividade física, prevenção de doenças sexualmente transmissíveis, suporte emocional e acesso a tratamentos de saúde reprodutiva. Cuidar da saúde da mulher é essencial para uma vida longa e equilibrada.

## **Genes Analisados**

**Intergene, CYP3A4, CYP1B1, CYP19A1, SHBG, FAM9B, FSHB,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel importante na saúde hormonal feminina, influenciando a produção, regulação e resposta aos hormônios, como o estrogênio e a progesterona. Variantes genéticas em genes como o ESR1, que codifica o receptor de estrogênio, podem afetar a sensibilidade do corpo a esse hormônio, influenciando o risco de condições como endometriose, síndrome dos ovários policísticos (SOP) e até certos tipos de câncer, como o de mama. Além disso, genes que controlam a função da tireoide e o metabolismo hormonal também impactam o ciclo menstrual, fertilidade e a menopausa. Compreender essas predisposições genéticas permite uma abordagem mais personalizada na prevenção e tratamento de problemas hormonais na saúde feminina.

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

Este painel analisa genes que influenciam a produção e metabolismo dos hormônios femininos, como estrogênio e FSH. Alterações em CYP19A1 e FSHB podem afetar a fertilidade, o ciclo menstrual e a resposta à reposição hormonal. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de desequilíbrios hormonais. Nestes casos, é recomendada avaliação hormonal individualizada, com suporte ginecológico e estratégias personalizadas de equilíbrio hormonal.



<https://vidasaudavel.einstein.br/saude-da-mulher/>

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24750654/>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

## Categoria no resumo: SAÚDE DA MULHER - HORMÔNIOS

## Seus resultados

**GENE: CYP3A4**

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

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Atividade normal do CYP3A4. Risco normal de câncer de ovário.

O gene CYP3A4 codifica uma enzima que pertence à família das citocromos P450, responsável pelo metabolismo de uma ampla gama de hormônios esteroides, incluindo estrogênios e progesterona. Esta enzima desempenha um papel crucial na detoxificação e na biotransformação de fármacos e hormônios, influenciando a sua atividade e duração no organismo. Alterações na atividade do CYP3A4 podem impactar a eficácia de tratamentos hormonais e afetar a saúde hormonal feminina, influenciando a metabolização de contraceptivos orais e terapias de reposição hormonal.

Estudo de referência: PharmGKB 14603832 [Atividade do receptor], PMC2634713 [Câncer de ovário]

**GENE: CYP1B1**

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

**SEUS ALELOS: CG**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Metabolismo intermediário do estradiol. Risco normal da ocorrência de ondas de calor.

O gene CYP1B1 também faz parte da família dos citocromos P450 e está envolvido no metabolismo de estrogênios e outros hormônios esteroides. A CYP1B1 catalisa reações que podem resultar na formação de metabólitos ativos ou tóxicos, afetando a atividade hormonal e contribuindo para a regulação da saúde hormonal feminina. Alterações nesse gene estão associadas a riscos elevados de câncer, especialmente câncer de mama, uma vez que o metabolismo inadequado dos estrogênios pode influenciar a carcinogênese.

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Se houver indicação de reposição hormonal: monitorar os níveis de estradiol e os seus metabólitos ao longo do tratamento. Considerar o uso de formas alternativas de reposição hormonal, como compostos bioidênticos ou doses mais baixas de estradiol. Adesivos ou cremes, que minimizam a passagem pelo fígado e podem reduzir a formação de metabólitos pró-cancerígenos. Suplementos que apoiam as vias de desintoxicação hepática, como indol-3-carbinol ou DIM podem ser utilizados.

Estudo de referência: PMC2922211 [Metabolismo do estradiol], PMC3387409 [Ondas de calor]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SAÚDE DA MULHER - HORMÔNIOS**

**Seus resultados**

**GENE: CYP19A1**

**RISCO:** Níveis intermediários de estrogênio.

**SNP: rs4\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AC**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

O gene CYP19A1 codifica a aromatase, uma enzima responsável pela conversão de andrógenos em estrogênios. Esta conversão é crucial para a regulação dos níveis de hormônios sexuais, que desempenham um papel importante na saúde reprodutiva e na função celular. Alterações na atividade da aromatase podem influenciar a susceptibilidade a distúrbios hormonais e condições como câncer de mama.

Estudo de referência: PMC4368615

**GENE: FAM9B**

**RISCO:** Níveis reduzidos de testosterona sérica e testosterona livre.

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

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

O gene FAM9B codifica uma proteína cuja função exata ainda não está totalmente clara, mas tem sido implicada em processos relacionados à resposta imune e à inflamação. A proteína FAM9B pode estar envolvida na regulação da atividade celular e na resposta a estressores, podendo impactar a saúde e a função celular em contextos inflamatórios.

Estudo de referência: PMC3188559

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SAÚDE DA MULHER - HORMÔNIOS**

**Seus resultados**

**GENE: SHBG**

**SNP: rs\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Níveis normais (mais altos) de testosterona sérica e testosterona livre.

O gene SHBG codifica a globulina de ligação a hormônios sexuais (Sex Hormone-Binding Globulin), uma proteína que se liga aos hormônios sexuais, como a testosterona e o estrogênio, regulando sua disponibilidade e atividade no organismo. A SHBG é produzida principalmente pelo fígado e desempenha um papel crucial na homeostase hormonal, controlando a quantidade de hormônios que estão livres e ativos nos tecidos. Níveis elevados de SHBG podem resultar em uma diminuição da atividade dos hormônios sexuais, enquanto níveis baixos podem levar a um aumento da atividade hormonal. Alterações nos níveis de SHBG estão associadas a várias condições de saúde, incluindo síndrome do ovário policístico, disfunções sexuais, diabetes tipo 2 e

Estudo de referência: PMC3188559

**GENE: SHBG**

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

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Níveis reduzidos de testosterona sérica.

O gene SHBG codifica a globulina de ligação a hormônios sexuais (Sex Hormone-Binding Globulin), uma proteína que se liga aos hormônios sexuais, como a testosterona e o estrogênio, regulando sua disponibilidade e atividade no organismo. A SHBG é produzida principalmente pelo fígado e desempenha um papel crucial na homeostase hormonal, controlando a quantidade de hormônios que estão livres e ativos nos tecidos. Níveis elevados de SHBG podem resultar em uma diminuição da atividade dos hormônios sexuais, enquanto níveis baixos podem levar a um aumento da atividade hormonal. Alterações nos níveis de SHBG estão associadas a várias condições de saúde, incluindo síndrome do ovário policístico, disfunções sexuais, diabetes tipo 2 e

Estudo de referência: PMC3188559

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

## Categoria no resumo: SAÚDE DA MULHER - HORMÔNIOS

## Seus resultados

**GENE: FSHB**

**SNP: rs\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Níveis normais de FSH. Risco normal de infertilidade masculina.

O gene FSHB codifica a subunidade beta da hormona folículo-estimulante (FSH), que é fundamental para a regulação do desenvolvimento sexual e da função reprodutiva. O FSH é essencial para o crescimento e a maturação dos folículos ovarianos em mulheres e para a produção de espermatozoides em homens. Variantes no gene FSHB podem influenciar a fertilidade e a saúde reprodutiva.

Estudo de referência: PMC2517155 [Níveis de FSH], PMC2823301 [Infertilidade]

**GENE: SHBG**

**SNP: rs\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TC**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Tendência a níveis mais baixos de SHBG, possivelmente DHT mais alto.

O gene SHBG codifica a globulina de ligação a hormônios sexuais (Sex Hormone-Binding Globulin), uma proteína que se liga aos hormônios sexuais, como a testosterona e o estrogênio, regulando sua disponibilidade e atividade no organismo. A SHBG é produzida principalmente pelo fígado e desempenha um papel crucial na homeostase hormonal, controlando a quantidade de hormônios que estão livres e ativos nos tecidos. Níveis elevados de SHBG podem resultar em uma diminuição da atividade dos hormônios sexuais, enquanto níveis baixos podem levar a um aumento da atividade hormonal. Alterações nos níveis de SHBG estão associadas a várias condições de saúde, incluindo síndrome do ovário policístico, disfunções sexuais, diabetes tipo 2 e

### O QUE FAZER PARA REDUZIR O RISCO:

Níveis aumentados de DHT podem impactar negativamente certas condições clínicas, como alopecia androgenética, hiperplasia prostática benigna (HPB) e acne. Na reposição hormonal, dê preferência por formas que evitem picos elevados de testosterona, como gel transdérmico e testosterona injetável de ação prolongada. Em caso de alopecia, considere o uso de inibidores da 5-Alfa-Redutase.

Estudo de referência: PMID 38107722, 22675492

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: SAÚDE DA MULHER - HORMÔNIOS

Seus resultados

**GENE:** Intergene

**RISCO:** Níveis normais de DHEA-S.

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

**SEUS ALELOS:** TT

**CLASSIFICAÇÃO:** Bom

Regiões intergênicas são segmentos do DNA localizados entre os genes, que não codificam proteínas diretamente. Embora por muito tempo tenham sido consideradas "DNA lixo", pesquisas recentes mostram que essas regiões desempenham papéis regulatórios importantes, como controlar a expressão gênica e influenciar a estrutura do DNA. Elementos intergênicos podem conter sequências que regulam quando e onde genes próximos são ativados, e também podem abrigar enhancers, promotores e outras sequências regulatórias. Essas regiões intergênicas podem impactar processos biológicos essenciais e estão ligadas a variações genéticas que influenciam a suscetibilidade a diversas doenças.

Estudo de referência: PMC3077384

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: RISCO DE ENDOMETRIOSE**

**Seus resultados**

### **107.1 - PAINEL VERSA | SAÚDE DA MULHER - ENDOMETRIOSE**

A endometriose é uma condição inflamatória crônica em que o tecido semelhante ao endométrio, que reveste o útero, cresce fora dele, afetando órgãos como ovários, trompas de falópio e a cavidade pélvica. Essa condição pode causar dores intensas, especialmente durante a menstruação, além de infertilidade, fadiga e desconforto abdominal. A causa exata não é totalmente compreendida, mas acredita-se que fatores genéticos, hormonais e imunológicos desempenhem um papel importante. O tratamento pode incluir medicamentos para aliviar a dor, terapia hormonal para reduzir os tecidos ectópicos ou cirurgia em casos graves. O diagnóstico precoce é essencial para melhorar a qualidade de vida das pacientes.

## **Genes Analisados**

**ESR1,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel importante na predisposição à endometriose, com estudos apontando o gene ESR1 (receptor de estrogênio 1) como um fator relevante. Esse gene regula a sensibilidade ao estrogênio, um hormônio essencial para o crescimento do tecido endometrial. Variantes no ESR1 podem aumentar a atividade desse receptor, promovendo o crescimento excessivo de tecido fora do útero, característica da endometriose. Mulheres com histórico familiar da condição têm maior risco devido à influência de genes como o ESR1. Entender essas predisposições genéticas pode ajudar no diagnóstico precoce e no desenvolvimento de tratamentos mais personalizados para a endometriose.

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

O gene ESR1 codifica o receptor de estrogênio, hormônio central no desenvolvimento da endometriose. Alterações nesse gene podem intensificar a resposta estrogênica, favorecendo o crescimento do tecido endometrial fora do útero. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior predisposição. Nestes casos, é importante observar sintomas como cólicas intensas e infertilidade, buscar diagnóstico precoce e considerar terapias hormonais que controlem a exposição ao estrogênio.



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

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: RISCO DE ENDOMETRIOSE**

**Seus resultados**

**GENE: ESR1**

**SNP: rs\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AG**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Risco normal de endometriose. Risco levemente reduzido de câncer endometrial.

O gene ESR1 codifica o receptor de estrogênio alfa, uma proteína que é essencial para a mediação dos efeitos do estrogênio, um hormônio chave em várias funções biológicas, incluindo a regulação do sistema reprodutivo feminino, a saúde óssea, e a função cardiovascular. O receptor ESR1 está localizado principalmente nas células do útero, mama, fígado e ossos, e sua ativação pelo estrogênio desencadeia uma série de respostas celulares que regulam o crescimento, a diferenciação e a função desses tecidos.

Estudo de referência: PMID 24427778 [Endometriose], PMID 18990228 [Câncer de endométrio]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: RISCO DE MIOMAS UTERINOS

Seus resultados

## **107.2 - PAINEL VERSA | SAÚDE DA MULHER - MIOMAS UTERINOS**

Os miomas uterinos são tumores benignos que se desenvolvem na musculatura do útero, afetando muitas mulheres em idade reprodutiva. Embora sejam geralmente assintomáticos, podem causar sintomas como menstruações intensas, dor pélvica, aumento abdominal e, em alguns casos, infertilidade. A causa exata dos miomas não é totalmente compreendida, mas fatores hormonais, como estrogênio e progesterona, e predisposição genética desempenham um papel importante. O tratamento varia de acordo com os sintomas e pode incluir medicamentos hormonais, procedimentos minimamente invasivos ou cirurgia.

## **Genes Analisados**

**GPER1, PGR, ERCC5, CCND1,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel significativo na predisposição aos miomas uterinos, que frequentemente apresentam histórico familiar entre mulheres afetadas. Além disso, fatores hereditários associados à regulação hormonal e à reparação celular também contribuem para o risco. A identificação dessas predisposições genéticas pode ajudar no diagnóstico precoce e no desenvolvimento de tratamentos personalizados, especialmente em mulheres com histórico familiar de miomas uterinos.

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

Este painel avalia genes envolvidos na sensibilidade hormonal e no crescimento celular. Alterações em PGR e GPER1 podem favorecer o desenvolvimento de miomas uterinos, especialmente em mulheres em idade fértil. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior predisposição. Nestes casos, é indicado acompanhamento ginecológico regular, controle de fatores hormonais e, se necessário, opções de tratamento como fitoterápicos, DIU hormonal ou intervenção cirúrgica.



<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31480066/>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: RISCO DE MIOMAS UTERINOS**

**Seus resultados**

**GENE: GPER1**

**SNP: rs\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CT**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Diminuição da ativação do receptor, menor risco de miomas uterinos.

O gene GPER1 codifica o receptor de estrogênio G, que é um receptor acoplado à proteína G. Este receptor está envolvido na mediação dos efeitos rápidos do estrogênio nas células, influenciando a função celular e a sinalização em tecidos-alvo. O GPER1 desempenha um papel importante na regulação da saúde hormonal feminina, afetando processos como a função vascular, a neuroproteção e a regulação do ciclo menstrual. Variantes no gene GPER1 podem influenciar a resposta aos hormônios estrogênicos e a suscetibilidade a condições hormonais.

Estudo de referência: PMC4765938

**GENE: PGR**

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

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Atividade normal do receptor de progesterona.

O gene PGR codifica o receptor de progesterona, que é fundamental para a ação da progesterona, um hormônio chave na regulação do ciclo menstrual e na manutenção da gravidez. O receptor PGR atua como um fator de transcrição que regula a expressão de genes envolvidos na reprodução e na saúde do sistema reprodutivo feminino. Alterações ou variantes no gene PGR podem influenciar a fertilidade, a saúde gestacional e a predisposição a desordens hormonais.

Estudo de referência: PMC3210889

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

Categoria no resumo: RISCO DE MIOMAS UTERINOS

Seus resultados

**GENE: ERCC5**

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

**SEUS ALELOS: GA**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Risco normal de miomas uterinos.

O gene ERCC5 codifica a proteína excisão reparadora de DNA 5 (ERCC5), que é uma parte essencial do sistema de reparo de DNA, especificamente no processo de reparo por excisão de nucleotídeos (NER). O NER é um mecanismo crucial para corrigir danos no DNA causados por agentes como radiação ultravioleta e produtos químicos. A proteína ERCC5 atua ao cortar e remover segmentos danificados do DNA, permitindo que a cadeia de DNA seja corrigida e restaurada à sua forma original, protegendo as células de mutações e preservando a integridade genômica.

Estudo de referência: PMID 30139812

**GENE: CCND1**

**SNP: rs\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Risco aumentado de miomas uterinos.

A expressão adequada de CCND1 é vital para o controle do ciclo celular e o desenvolvimento celular normal. No entanto, alterações ou amplificação no gene CCND1 podem levar à divisão celular descontrolada, um fator que contribui para o desenvolvimento de diversos tipos de tumores.

Estudo de referência: PMID 28357079

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SÍNDROME DOS OVÁRIOS POLICÍSTICOS**

**Seus resultados**

### **107.3 - PAINEL VERSA | SAÚDE DA MULHER - OVÁRIO POLICÍSTICO**

A síndrome dos ovários policísticos (SOP) é um distúrbio hormonal comum que afeta mulheres em idade reprodutiva. Caracteriza-se pela presença de cistos nos ovários, ciclos menstruais irregulares, níveis elevados de hormônios masculinos (andrógenos) e, frequentemente, dificuldade para engravidar. A SOP também está associada à resistência à insulina, ganho de peso e risco aumentado de diabetes tipo 2 e doenças cardiovasculares. A causa exata é desconhecida, mas fatores genéticos e hormonais desempenham um papel importante. O tratamento pode incluir mudanças no estilo de vida, medicamentos para regular os ciclos menstruais e, em alguns casos, tratamento para fertilidade. O acompanhamento médico é essencial para gerenciar os sintomas e reduzir os riscos a longo prazo.

## **Genes Analisados**

**ADIPOQ, LHCGR, DENND1A, FSHR,**

### **Relação Genética**

A genética desempenha um papel importante na predisposição à síndrome dos ovários policísticos (SOP), com genes como LHCGR, FSHR e DENND1A desempenhando papéis cruciais. O gene LHCGR regula o receptor do hormônio luteinizante, afetando a ovulação e contribuindo para o desequilíbrio hormonal típico da SOP. O FSHR, que codifica o receptor do hormônio folículo-estimulante, influencia a maturação dos folículos ovarianos, podendo impactar a regularidade dos ciclos menstruais. Já o gene DENND1A está associado à produção excessiva de andrógenos, um dos principais fatores da SOP. Essas variantes genéticas ajudam a explicar a base hereditária da condição e podem guiar abordagens mais personalizadas no diagnóstico e tratamento da SOP.

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

Os genes deste painel regulam a produção hormonal, sensibilidade à insulina e resposta ovariana. Alterações em FSHR e DENND1A podem favorecer o aparecimento de cistos, ciclos irregulares e resistência à insulina. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de SOP. Nestes casos, recomenda-se dieta com baixo índice glicêmico, prática de exercícios e acompanhamento ginecológico para controle hormonal e prevenção de complicações metabólicas.



<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC6935309/>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: SÍNDROME DOS OVÁRIOS POLICÍSTICOS**

**Seus resultados**

**GENE: LHCGR**

**SNP: rs\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Risco normal de Síndrome dos ovários policísticos.

O gene LHCGR codifica o receptor da gonadotrofina coriônica humana (hCG) e da luteinizante (LH), hormônios cruciais na regulação da função ovariana e na ovulação. A ativação do LHCGR estimula a produção de estrogênios e progesterona, essenciais para a fertilidade e a manutenção do ciclo menstrual. Variantes no gene LHCGR podem afetar a sensibilidade ao LH e hCG, influenciando a fertilidade e a saúde reprodutiva.

Estudo de referência: PMID 30182769

**GENE: FSHR**

**SNP: rs\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CT**

**CLASSIFICAÇÃO: Regular**

**RISCO:** Risco normal de Síndrome dos ovários policísticos.

O gene FSHR codifica o receptor do hormônio folículo-estimulante (FSH), que é crucial para o desenvolvimento dos folículos ovarianos e a produção de estrogênios. A ativação do FSHR é fundamental para a regulação do ciclo menstrual e da função ovariana. Alterações ou variantes no gene FSHR podem afetar a resposta ao FSH e influenciar a fertilidade, levando a condições como a síndrome do ovário policístico.

Estudo de referência: PMID 28547204

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SÍNDROME DOS OVÁRIOS POLICÍSTICOS**

**Seus resultados**

**GENE: DENND1A**

**SNP: rs\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Síntese normal do hormônio andrógeno nas células dos ovários. Risco normal de síndrome dos ovários policísticos.

O gene DENND1A está associado à regulação do desenvolvimento folicular e à função ovariana. Ele codifica uma proteína que está envolvida na sinalização celular e na formação de vesículas, influenciando a ovulação e a resposta hormonal. Alterações no gene DENND1A têm sido associadas a distúrbios ovulatórios e infertilidade, refletindo sua importância na saúde hormonal feminina.

Estudo de referência: PMC3536488

**GENE: ADIPOQ**

**SNP: rs\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Maior risco de Síndrome dos ovários policísticos (ligado à maior tendência de resistência à insulina).

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 21637951

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: SAÚDE DA MULHER - FALÊNCIA OVARIANA**

**Seus resultados**

### **107.4 - PAINEL VERSA | SAÚDE DA MULHER - FALÊNCIA OVARIANA**

A falência prematura dos ovários, também chamada de insuficiência ovariana primária, é uma condição em que os ovários deixam de funcionar adequadamente antes dos 40 anos. Isso leva à queda nos níveis de estrogênio e à interrupção dos ciclos menstruais, podendo causar sintomas como infertilidade, ondas de calor, alterações de humor e ressecamento vaginal. As causas podem incluir fatores genéticos, autoimunes ou tratamentos como quimioterapia. Diferente da menopausa natural, a falência ovariana pode apresentar atividade hormonal intermitente. O tratamento costuma envolver reposição hormonal e acompanhamento médico para preservar a saúde óssea, cardiovascular e emocional da mulher.

## **Genes Analisados**

**CYP17A1, ADAMTS19,**

### **Relação Genética**

A falência prematura dos ovários pode ter origem genética, e estudos identificaram o gene ADAMTS19 como um dos possíveis envolvidos na condição. Esse gene pertence a uma família de proteínas relacionadas à remodelação dos tecidos e ao funcionamento normal dos ovários. Mutações no ADAMTS19 podem afetar o desenvolvimento folicular e a produção hormonal, contribuindo para a interrupção precoce da função ovariana. Embora a falência prematura dos ovários possa ter múltiplas causas, a presença de alterações genéticas como essa ajuda a explicar casos familiares e pode orientar estratégias de diagnóstico e aconselhamento reprodutivo personalizado.

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

O painel de falência ovariana prematura analisa o gene ADAMTS19, envolvido na regulação do desenvolvimento folicular e na função ovariana. Alterações nesse gene podem afetar a reserva ovariana e antecipar a falência da função reprodutiva antes dos 40 anos. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam maior risco de menopausa precoce e redução da fertilidade ao longo do tempo. Nestes casos, é indicado realizar avaliação ginecológica com dosagem de AMH e considerar estratégias de preservação da fertilidade, especialmente em mulheres que desejam adiar a maternidade.



<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19508998/>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

Categoria no resumo: SAÚDE DA MULHER - FALÊNCIA OVARIANA

Seus resultados

**GENE: ADAMTS19**

**RISCO:** Genótipo ligado à falência ovariana prematura.

**SNP:** rs\*\*\*\*\*

**SEUS ALELOS:** TT

**CLASSIFICAÇÃO:** Ruim

O gene ADAMTS19 codifica uma metaloproteinase de matriz que é importante para a remodelação da matriz extracelular. Essa enzima tem um papel potencial na regulação da função ovariana e na saúde do tecido reprodutivo. Embora a pesquisa sobre ADAMTS19 esteja em andamento, suas funções na modulação do ambiente extracelular podem impactar a saúde hormonal e a fertilidade feminina.

Estudo de referência: PMID 19508998

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

### **107.5 - PAINEL VERSA | SAÚDE DA MULHER - CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

O câncer de mama e de ovário são dois dos tipos de câncer mais comuns em mulheres, frequentemente relacionados a fatores genéticos e hormonais. O câncer de mama afeta os tecidos mamários, enquanto o câncer de ovário se desenvolve nos ovários, muitas vezes sendo diagnosticado em estágios mais avançados. Mutações nos genes BRCA1 e BRCA2 aumentam significativamente o risco de desenvolver ambos os tipos de câncer. Fatores de risco incluem histórico familiar, idade, alterações hormonais e exposição a certos hormônios. A detecção precoce, por meio de mamografias, exames ginecológicos e testes genéticos, é crucial para o tratamento eficaz e melhores resultados.

## **Genes Analisados**

**BRCA1, BRCA2,**

### **Relação Genética**

Os genes BRCA1 e BRCA2 desempenham um papel crucial na reparação do DNA, ajudando a prevenir o desenvolvimento de células cancerígenas. Mutações nesses genes podem comprometer essa função, aumentando significativamente o risco de câncer de mama, ovário e, em menor grau, de outros tipos de câncer, como próstata e pâncreas. Mulheres com mutações nos genes BRCA1 ou BRCA2 têm um risco muito maior de desenvolver câncer de mama e ovário ao longo da vida. A identificação dessas mutações por meio de testes genéticos permite um acompanhamento preventivo mais rigoroso, além de opções de intervenção, como cirurgias preventivas ou monitoramento intensivo.

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

Os genes BRCA1 e BRCA2 estão diretamente ligados à reparação do DNA. Alterações patogênicas aumentam significativamente o risco de câncer de mama e ovário. Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam predisposição importante. No entanto, nem todas as variantes patogênicas são analisadas. Um resultado negativo não exclui a possibilidade da doença. Para confirmação ou exclusão de hipótese diagnóstica, é recomendado o sequenciamento por NGS em painel específico.



<http://www.oncoguia.org.br/conteudo/brca1-e-brca2/13920/1227/>

<https://www.einstein.br/especialidades/oncologia/exames-tratamentos/testes-brca1-brca2>



# INFORMAÇÕES

importantes sobre a análise de variantes em

## BRCA1 BRCA2

### ATENÇÃO:

O resultado negativo neste relatório não é garantia de inexistência de outras mutações.

## O QUE É BRCA1 E BRCA2?

BRCA1 e BRCA2 são dois genes que **produzem proteínas supressoras do tumor**. Essas proteínas reparam o DNA danificado e, portanto, desempenham um papel na garantia da estabilidade do material genético de cada célula. Quando um desses genes sofre uma mutação ou alteração, de forma que seu produto proteico não funcione corretamente, o dano ao DNA pode não ser reparado de maneira adequada. Como resultado, as células têm maior probabilidade de desenvolver alterações genéticas que podem levar ao desenvolvimento do câncer.

## RISCO DE CÂNCER

Mutações hereditárias específicas em BRCA1 e BRCA2 **umentam o risco de câncer de mama e de câncer de ovário** em mulheres, mas também já foram associadas ao aumento do risco de outros tipos de câncer. Pessoas que herdaram mutações BRCA1 e BRCA2 tendem a desenvolver câncer de mama e câncer de ovário em idades mais jovens do que aquelas que não têm essas mutações. Uma mutação BRCA1 ou BRCA2 pode ser herdada de qualquer um dos pais. Se um pai possui a mutação, cada um de seus filhos terá 50% de chance de herdar a mutação.

## ANÁLISE GENÉTICA

A Síndrome de câncer de mama e ovário **representa de 5 a 10% dos casos de câncer de mama**, tem herança autossômica dominante e está relacionada à presença de mutações germinativas nos genes BRCA1 e BRCA2 – há indícios de que algumas mutações nesses genes elevam em até 80% o risco de câncer.

Mutações no gene BRCA1 estão mais associadas aos tumores de mama triplo-negativos e maior risco de câncer de ovário. Já as mutações no gene BRCA2 estão mais associadas ao câncer de mama, inclusive masculino, e ao câncer de pâncreas.

É importante que você saiba que a técnica utilizada pela Versa Gene não contempla todos os tipos de mutações que podem ocorrer nos genes BRCA1 e BRCA2. Desta forma, um resultado negativo neste relatório não é garantia de inexistência de outras mutações.

Caso haja fortes suspeitas de câncer familiar de mama ou ovário, o sequenciamento genético realizado por NGS é fortemente recomendado.



# INFORMAÇÕES

importantes sobre a análise de variantes em

## BRCA1 BRCA2

### ATENÇÃO:

O resultado negativo neste relatório não é garantia de inexistência de outras mutações.

## CRITÉRIOS DE RISCO

Os critérios de indicação para o exame de sequenciamento por NGS, segundo o NCCN (National Comprehensive Cancer Network) seguem abaixo:

São indicados para o teste de sequenciamento indivíduos com **história pessoal ou familiar** de parentes de primeira, segunda e/ou terceira gerações com quaisquer dos seguintes critérios:

- Câncer de mama diagnosticado em indivíduos  $\leq 50$  anos;
- Múltiplos focos primários de câncer de mama ipsilateral ou contralateral;
- Câncer de mama triplo negativo;
- Câncer de ovário;
- Câncer de mama em homem;
- Ancestralidade judaica ashkenazi (neste caso, o primeiro teste indicado é o painel das três mutações específicas dos judeus ashkenazim);
- Câncer de pâncreas associado a câncer de mama no mesmo indivíduo ou em familiar; 2 ou mais parentes com câncer de mama, sendo 1  $< 50$  anos; 3 ou mais parentes com câncer de mama em qualquer idade;
- Mutação em BRCA1 ou BRCA2 previamente identificada na família (neste caso, o teste indicado é a pesquisa de mutação específica no gene BRCA1 ou BRCA2, que avalia em um familiar de risco a presença da mesma mutação previamente identificada em outro familiar afetado).
- O primeiro familiar a ser testado deve ser preferencialmente aquele com câncer de mama diagnosticado antes dos 50 anos ou com câncer de ovário.

## IMPORTÂNCIA DO TESTE

Os indivíduos que apresentarem mutações patogênicas nos genes BRCA1 ou BRCA2 podem se beneficiar de estratégias de vigilância e redução de risco de câncer, como: mastectomia profilática (redução do risco de câncer de mama em 90%), ooforectomia profilática (redução do risco de câncer de ovário de até 96% e do risco de câncer de mama em até 50%) e quimioprevenção. A presença de mutação também permite aconselhamento genético aos familiares.

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: DD**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.5266dup (p.Gln1756fs)

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.3389C>G (p.Ser1130Ter)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.85G>T (p.Glu29Ter)

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.5387C>T (p.Ser1796Leu) [Significado incerto - VUS]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.4148C>T (p.Ser1383Leu) [Significado incerto - VUS]

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.2934T>G (p.Tyr978Ter)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.2563C>T (p.Gln855Ter)

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.3689T>G (p.Leu1230Ter)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.1687C>T (p.Gln563Ter)

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.2603C>T (p.Ser868Leu) [Significado incerto - VUS]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.427G>T (p.Glu143Ter)

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.1480C>T (p.Gln494Ter)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.2710G>T (p.Glu904Ter)

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs62\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.3607C>G (p.Arg1203Gly) [Significado incerto - VUS]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.2138C>G (p.Ser713Ter)

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.2635G>T (p.Glu879Ter)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.3868A>T (p.Lys1290Ter)

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.4117G>T (p.Glu1373Ter)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.5346G>T (p.Trp1782Cys)

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.3937C>T (p.Gln1313Ter)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.783T>G (p.Tyr261Ter)

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.5179A>T (p.Lys1727Ter)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA1**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA1 estão fortemente associadas a um aumento do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, pois comprometem a capacidade das células de reparar danos no DNA. Mulheres com mutações no BRCA1 têm um risco significativamente maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população geral, levando à importância do teste genético para a detecção precoce e à possibilidade de medidas preventivas, como mastectomia profilática.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_007294.4(BRCA1):c.1960A>T (p.Lys654Ter)

**GENE: BRCA2**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: II**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA2 estão fortemente associadas a um aumento significativo do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, assim como outros tipos de câncer, como câncer de pâncreas e próstata. Mulheres e homens que carregam mutações no BRCA2 têm uma probabilidade maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população em geral. Devido a essa associação, o teste genético para mutações no BRCA2 é frequentemente realizado em indivíduos com histórico familiar de câncer, permitindo a detecção precoce e a implementação de estratégias de prevenção, como monitoramento intensivo e opções cirúrgicas.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000059.4(BRCA2):c.5946del (p.Ser1982fs)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA2**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA2 estão fortemente associadas a um aumento significativo do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, assim como outros tipos de câncer, como câncer de pâncreas e próstata. Mulheres e homens que carregam mutações no BRCA2 têm uma probabilidade maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população em geral. Devido a essa associação, o teste genético para mutações no BRCA2 é frequentemente realizado em indivíduos com histórico familiar de câncer, permitindo a detecção precoce e a implementação de estratégias de prevenção, como monitoramento intensivo e opções cirúrgicas.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000059.4(BRCA2):c.5159C>A (p.Ser1720Ter)

**GENE: BRCA2**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA2 estão fortemente associadas a um aumento significativo do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, assim como outros tipos de câncer, como câncer de pâncreas e próstata. Mulheres e homens que carregam mutações no BRCA2 têm uma probabilidade maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população em geral. Devido a essa associação, o teste genético para mutações no BRCA2 é frequentemente realizado em indivíduos com histórico familiar de câncer, permitindo a detecção precoce e a implementação de estratégias de prevenção, como monitoramento intensivo e opções cirúrgicas.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000059.4(BRCA2):c.1414C>T (p.Gln472Ter)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA2**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA2 estão fortemente associadas a um aumento significativo do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, assim como outros tipos de câncer, como câncer de pâncreas e próstata. Mulheres e homens que carregam mutações no BRCA2 têm uma probabilidade maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população em geral. Devido a essa associação, o teste genético para mutações no BRCA2 é frequentemente realizado em indivíduos com histórico familiar de câncer, permitindo a detecção precoce e a implementação de estratégias de prevenção, como monitoramento intensivo e opções cirúrgicas.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000059.4(BRCA2):c.581G>A (p.Trp194Ter)

**GENE: BRCA2**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA2 estão fortemente associadas a um aumento significativo do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, assim como outros tipos de câncer, como câncer de pâncreas e próstata. Mulheres e homens que carregam mutações no BRCA2 têm uma probabilidade maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população em geral. Devido a essa associação, o teste genético para mutações no BRCA2 é frequentemente realizado em indivíduos com histórico familiar de câncer, permitindo a detecção precoce e a implementação de estratégias de prevenção, como monitoramento intensivo e opções cirúrgicas.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000059.4(BRCA2):c.4933A>T (p.Lys1645Ter)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA2**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA2 estão fortemente associadas a um aumento significativo do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, assim como outros tipos de câncer, como câncer de pâncreas e próstata. Mulheres e homens que carregam mutações no BRCA2 têm uma probabilidade maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população em geral. Devido a essa associação, o teste genético para mutações no BRCA2 é frequentemente realizado em indivíduos com histórico familiar de câncer, permitindo a detecção precoce e a implementação de estratégias de prevenção, como monitoramento intensivo e opções cirúrgicas.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000059.4(BRCA2):c.2224C>A (p.Gln742Lys) [Conflito de patogenicidade]

**GENE: BRCA2**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA2 estão fortemente associadas a um aumento significativo do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, assim como outros tipos de câncer, como câncer de pâncreas e próstata. Mulheres e homens que carregam mutações no BRCA2 têm uma probabilidade maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população em geral. Devido a essa associação, o teste genético para mutações no BRCA2 é frequentemente realizado em indivíduos com histórico familiar de câncer, permitindo a detecção precoce e a implementação de estratégias de prevenção, como monitoramento intensivo e opções cirúrgicas.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000059.4(BRCA2):c.9196C>A (p.Gln3066Lys) [Significado incerto - VUS]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA2**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA2 estão fortemente associadas a um aumento significativo do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, assim como outros tipos de câncer, como câncer de pâncreas e próstata. Mulheres e homens que carregam mutações no BRCA2 têm uma probabilidade maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população em geral. Devido a essa associação, o teste genético para mutações no BRCA2 é frequentemente realizado em indivíduos com histórico familiar de câncer, permitindo a detecção precoce e a implementação de estratégias de prevenção, como monitoramento intensivo e opções cirúrgicas.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000059.4(BRCA2):c.5404C>T (p.Gln1802Ter)

**GENE: BRCA2**

**SNP: rs27\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA2 estão fortemente associadas a um aumento significativo do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, assim como outros tipos de câncer, como câncer de pâncreas e próstata. Mulheres e homens que carregam mutações no BRCA2 têm uma probabilidade maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população em geral. Devido a essa associação, o teste genético para mutações no BRCA2 é frequentemente realizado em indivíduos com histórico familiar de câncer, permitindo a detecção precoce e a implementação de estratégias de prevenção, como monitoramento intensivo e opções cirúrgicas.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000059.4(BRCA2):c.7863T>A (p.Tyr2621Ter)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA2**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA2 estão fortemente associadas a um aumento significativo do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, assim como outros tipos de câncer, como câncer de pâncreas e próstata. Mulheres e homens que carregam mutações no BRCA2 têm uma probabilidade maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população em geral. Devido a essa associação, o teste genético para mutações no BRCA2 é frequentemente realizado em indivíduos com histórico familiar de câncer, permitindo a detecção precoce e a implementação de estratégias de prevenção, como monitoramento intensivo e opções cirúrgicas.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000059.4(BRCA2):c.3455T>A (p.Leu1152Ter)

**GENE: BRCA2**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA2 estão fortemente associadas a um aumento significativo do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, assim como outros tipos de câncer, como câncer de pâncreas e próstata. Mulheres e homens que carregam mutações no BRCA2 têm uma probabilidade maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população em geral. Devido a essa associação, o teste genético para mutações no BRCA2 é frequentemente realizado em indivíduos com histórico familiar de câncer, permitindo a detecção precoce e a implementação de estratégias de prevenção, como monitoramento intensivo e opções cirúrgicas.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000059.4(BRCA2):c.3103G>T (p.Glu1035Ter)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA2**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA2 estão fortemente associadas a um aumento significativo do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, assim como outros tipos de câncer, como câncer de pâncreas e próstata. Mulheres e homens que carregam mutações no BRCA2 têm uma probabilidade maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população em geral. Devido a essa associação, o teste genético para mutações no BRCA2 é frequentemente realizado em indivíduos com histórico familiar de câncer, permitindo a detecção precoce e a implementação de estratégias de prevenção, como monitoramento intensivo e opções cirúrgicas.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000059.4(BRCA2):c.1202C>A (p.Ser401Ter)

**GENE: BRCA2**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA2 estão fortemente associadas a um aumento significativo do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, assim como outros tipos de câncer, como câncer de pâncreas e próstata. Mulheres e homens que carregam mutações no BRCA2 têm uma probabilidade maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população em geral. Devido a essa associação, o teste genético para mutações no BRCA2 é frequentemente realizado em indivíduos com histórico familiar de câncer, permitindo a detecção precoce e a implementação de estratégias de prevenção, como monitoramento intensivo e opções cirúrgicas.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000059.4(BRCA2):c.3922G>A (p.Glu1308Lys) [Significado incerto - VUS]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA2**

**SNP: rs41\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA2 estão fortemente associadas a um aumento significativo do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, assim como outros tipos de câncer, como câncer de pâncreas e próstata. Mulheres e homens que carregam mutações no BRCA2 têm uma probabilidade maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população em geral. Devido a essa associação, o teste genético para mutações no BRCA2 é frequentemente realizado em indivíduos com histórico familiar de câncer, permitindo a detecção precoce e a implementação de estratégias de prevenção, como monitoramento intensivo e opções cirúrgicas.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000059.4(BRCA2):c.3158T>G (p.Leu1053Ter)

**GENE: BRCA2**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA2 estão fortemente associadas a um aumento significativo do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, assim como outros tipos de câncer, como câncer de pâncreas e próstata. Mulheres e homens que carregam mutações no BRCA2 têm uma probabilidade maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população em geral. Devido a essa associação, o teste genético para mutações no BRCA2 é frequentemente realizado em indivíduos com histórico familiar de câncer, permitindo a detecção precoce e a implementação de estratégias de prevenção, como monitoramento intensivo e opções cirúrgicas.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000059.4(BRCA2):c.5791C>A (p.Gln1931Lys) [Significado incerto - VUS]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA2**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA2 estão fortemente associadas a um aumento significativo do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, assim como outros tipos de câncer, como câncer de pâncreas e próstata. Mulheres e homens que carregam mutações no BRCA2 têm uma probabilidade maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população em geral. Devido a essa associação, o teste genético para mutações no BRCA2 é frequentemente realizado em indivíduos com histórico familiar de câncer, permitindo a detecção precoce e a implementação de estratégias de prevenção, como monitoramento intensivo e opções cirúrgicas.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000059.4(BRCA2):c.145G>T (p.Glu49Ter)

**GENE: BRCA2**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA2 estão fortemente associadas a um aumento significativo do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, assim como outros tipos de câncer, como câncer de pâncreas e próstata. Mulheres e homens que carregam mutações no BRCA2 têm uma probabilidade maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população em geral. Devido a essa associação, o teste genético para mutações no BRCA2 é frequentemente realizado em indivíduos com histórico familiar de câncer, permitindo a detecção precoce e a implementação de estratégias de prevenção, como monitoramento intensivo e opções cirúrgicas.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000059.4(BRCA2):c.6169G>A (p.Gly2057Arg) [Significado incerto - VUS]

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA2**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA2 estão fortemente associadas a um aumento significativo do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, assim como outros tipos de câncer, como câncer de pâncreas e próstata. Mulheres e homens que carregam mutações no BRCA2 têm uma probabilidade maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população em geral. Devido a essa associação, o teste genético para mutações no BRCA2 é frequentemente realizado em indivíduos com histórico familiar de câncer, permitindo a detecção precoce e a implementação de estratégias de prevenção, como monitoramento intensivo e opções cirúrgicas.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000059.4(BRCA2):c.6308C>A (p.Ser2103Ter)

**GENE: BRCA2**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA2 estão fortemente associadas a um aumento significativo do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, assim como outros tipos de câncer, como câncer de pâncreas e próstata. Mulheres e homens que carregam mutações no BRCA2 têm uma probabilidade maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população em geral. Devido a essa associação, o teste genético para mutações no BRCA2 é frequentemente realizado em indivíduos com histórico familiar de câncer, permitindo a detecção precoce e a implementação de estratégias de prevenção, como monitoramento intensivo e opções cirúrgicas.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000059.4(BRCA2):c.8773C>T (p.Gln2925Ter)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: CÂNCER HEREDITÁRIO DE MAMA E OVÁRIO**

**Seus resultados**

**GENE: BRCA2**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA2 estão fortemente associadas a um aumento significativo do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, assim como outros tipos de câncer, como câncer de pâncreas e próstata. Mulheres e homens que carregam mutações no BRCA2 têm uma probabilidade maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população em geral. Devido a essa associação, o teste genético para mutações no BRCA2 é frequentemente realizado em indivíduos com histórico familiar de câncer, permitindo a detecção precoce e a implementação de estratégias de prevenção, como monitoramento intensivo e opções cirúrgicas.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000059.4(BRCA2):c.7721G>A (p.Trp2574Ter)

**GENE: BRCA2**

**SNP: rs80\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de variante patogênica para câncer familiar de mama e ovário.

Mutações no gene BRCA2 estão fortemente associadas a um aumento significativo do risco de desenvolver câncer de mama e câncer de ovário, assim como outros tipos de câncer, como câncer de pâncreas e próstata. Mulheres e homens que carregam mutações no BRCA2 têm uma probabilidade maior de desenvolver essas formas de câncer em comparação com a população em geral. Devido a essa associação, o teste genético para mutações no BRCA2 é frequentemente realizado em indivíduos com histórico familiar de câncer, permitindo a detecção precoce e a implementação de estratégias de prevenção, como monitoramento intensivo e opções cirúrgicas.

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

Atenção: O teste Versa Gene não abrange todas as variantes do BRCA1 e BRCA2 associadas ao câncer de mama e ovário. Para obter resultados mais abrangentes, recomenda-se a realização de sequenciamento por NGS.

Estudo de referência: Clinvar: NM\_000059.4(BRCA2):c.9356T>A (p.Leu3119Ter)

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

**Categoria no resumo: RISCO DE LIPEDEMA E LINFEDEMA**

**Seus resultados**

### **107.6 - PAINEL VERSA | SAÚDE DA MULHER - LIPEDEMA E LINFEDEMA**

Lipedema e linfedema são condições distintas que afetam o acúmulo de líquidos e gorduras no corpo, principalmente nos membros. O lipedema é um distúrbio crônico que causa acúmulo anormal de gordura, geralmente nas pernas e braços, com dor, sensibilidade e tendência a hematomas, sendo mais comum em mulheres e frequentemente associado a fatores hormonais e genéticos. Já o linfedema é o inchaço causado pelo acúmulo de linfa, devido à obstrução ou mau funcionamento do sistema linfático, podendo ser hereditário ou surgir após cirurgias, infecções ou câncer. Ambas as condições exigem diagnóstico adequado e tratamento multidisciplinar, como fisioterapia, drenagem linfática e uso de meias compressivas.

## **Genes Analisados**

**TLR4, NR0B2, RSPO3, LHFPL6, TMEM192, LTA4H,**

### **Relação Genética**

Um estudo genético de 2022 identificou mutações raras em genes ligados à formação do tecido adiposo, obesidade e metabolismo de lipídios associadas ao lipedema. Estudos mais recentes de associação genômica ampla (GWAS) encontraram variantes comuns que aumentam a suscetibilidade à condição, incluindo variantes no gene VEGFA e em genes relacionados à relação cintura-quadril. A herdabilidade do lipedema foi estimada em 50–60%, indicando forte influência genética, além de fatores ambientais. Um dos sinais genéticos mais fortes foi encontrado em um gene da família HMGIC, relacionado a acúmulo de gordura e lipomas.

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

Este painel avalia genes envolvidos na formação e inflamação do tecido adiposo e linfático. Alterações em RSPO3, LHFPL6 e LTA4H estão associadas ao acúmulo anormal de gordura (lipedema) e retenção de líquido (linfedema). Sinalizações amarelas ou vermelhas indicam predisposição a quadros de edema, dor e sensibilidade nas pernas. Nestes casos, é recomendado manter peso saudável, evitar sedentarismo e, se necessário, adotar terapias específicas como drenagem linfática e suporte com fisioterapia.



<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7465366/>

<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8652358/>

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

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

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

### Categoria no resumo: RISCO DE LIPEDEMA E LINFEDEMA

### Seus resultados

**GENE: NR0B2**

**SNP: rs\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Ausência de alelo raro para risco de lipedema. A ausência de variante não descarta o risco.

O gene NR0B2, também conhecido como DAX-1, codifica uma proteína que funciona como um fator de transcrição e está envolvido na regulação do desenvolvimento das glândulas endócrinas, como as gônadas (ovários e testículos) e as glândulas suprarrenais. A proteína DAX-1 desempenha um papel importante na regulação da expressão de genes relacionados ao desenvolvimento sexual, à função hormonal e à homeostase endócrina, influenciando a produção de esteroides, como os hormônios sexuais e cortisol.

Estudo de referência: PMID 35207755

**GENE: RSPO3**

**SNP: rs72\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: GG**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Risco normal (maior) de lipedema.

No contexto do lipedema, uma condição caracterizada pelo acúmulo anormal de gordura nas extremidades, especialmente nas coxas e nas pernas, o gene RSPO3 pode ter implicações importantes. A via Wnt está envolvida na regulação da adipogênese (formação de células de gordura), e a R-spondin 3, ao influenciar essa via, pode afetar como o corpo armazena e distribui a gordura. Embora a relação entre RSPO3 e o lipedema não seja totalmente compreendida, é possível que alterações na sinalização Wnt, mediada por R-spondin 3, possam contribuir para a distribuição anormal de gordura observada no lipedema, uma vez que essa via está associada ao desenvolvimento e à função do tecido adiposo.

Estudo de referência: PMID 36385154

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE LIPEDEMA E LINFEDEMA**

**Seus resultados**

**GENE: LHFPL6**

**RISCO:** Risco normal de lipedema por esse SNP.

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

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

Embora o gene LHFPL6 não tenha sido diretamente relacionado ao lipedema, ele pode desempenhar um papel indireto na distribuição de gordura corporal devido à sua função celular e à influência potencial nas células adiposas. A comunicação entre células adiposas, os hormônios que regulam o metabolismo lipídico e a estrutura da matriz extracelular é crucial para o controle da distribuição da gordura no corpo. Como o LHFPL6 está envolvido na organização celular e na comunicação, ele pode influenciar, de maneira indireta, como as células de gordura se formam e se distribuem.

Estudo de referência: PMID 36227936

**GENE: TMEM192**

**RISCO:** Risco normal de lipedema por esse SNP.

**SNP: rs\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: TT**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

Embora não haja uma relação direta amplamente estabelecida entre o gene TMEM192 e o lipedema, o lipedema é uma condição caracterizada pelo acúmulo anormal de gordura, principalmente nas extremidades, e pode envolver alterações no metabolismo lipídico e na distribuição de gordura no corpo. Como o TMEM192 pode influenciar processos celulares relacionados à estrutura e à organização das células, é possível que ele tenha um papel indireto na formação e na distribuição do tecido adiposo. Ainda são necessárias mais pesquisas para determinar como o gene TMEM192 pode se relacionar com o lipedema, mas é possível que ele tenha alguma influência no desenvolvimento ou na modulação de condições que afetam a deposição de

Estudo de referência: PMID 36227936

Nome: Modelo de Relatório Completo

Data de Nascimento: 10/10/10

ID da Amostra: 123456

Solicitante: Não se aplica

Versa Full Mulher | Completo

www.versagene.com.br

contato@versagene.com.br

**Categoria no resumo: RISCO DE LIPEDEMA E LINFEDEMA**

**Seus resultados**

**GENE: LTA4H**

**SNP: rs\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: AA**

**CLASSIFICAÇÃO: Ruim**

**RISCO:** Tendência a níveis mais altos de LTA4H. Maior risco de linfedema secundário.

A LTA4H é importante na modulação da inflamação, sendo um regulador chave na resposta a infecções e lesões. No contexto do linfedema, que é caracterizado pelo acúmulo de linfa e inchaço, especialmente nas extremidades, a função de LTA4H pode ser relevante. O linfedema resulta de uma disfunção no sistema linfático, o que impede a drenagem adequada da linfa. A inflamação crônica, mediada por leucotrienos, pode agravar o quadro, aumentando a permeabilidade dos vasos linfáticos e dificultando a drenagem de fluídos.

Estudo de referência: PMID 28749716

**GENE: TLR4**

**SNP: rs\*\*\*\*\***

**SEUS ALELOS: CC**

**CLASSIFICAÇÃO: Bom**

**RISCO:** Redução do risco de complicações com quadros de linfedema.

O gene TLR4 codifica o receptor Toll-like 4, que é uma proteína crucial para o sistema imunológico, mais especificamente na resposta imune inata. O TLR4 é um dos receptores de reconhecimento de padrões (PRRs) que detecta moléculas associadas a patógenos, como bactérias e vírus, e sinaliza para que o sistema imunológico ative suas defesas. Quando o TLR4 reconhece essas moléculas, ele desencadeia uma série de reações que incluem a liberação de citocinas e a ativação de células imunes, como macrófagos e células dendríticas, para combater infecções. Além de seu papel na defesa contra infecções, o TLR4 também está envolvido na regulação de processos inflamatórios.

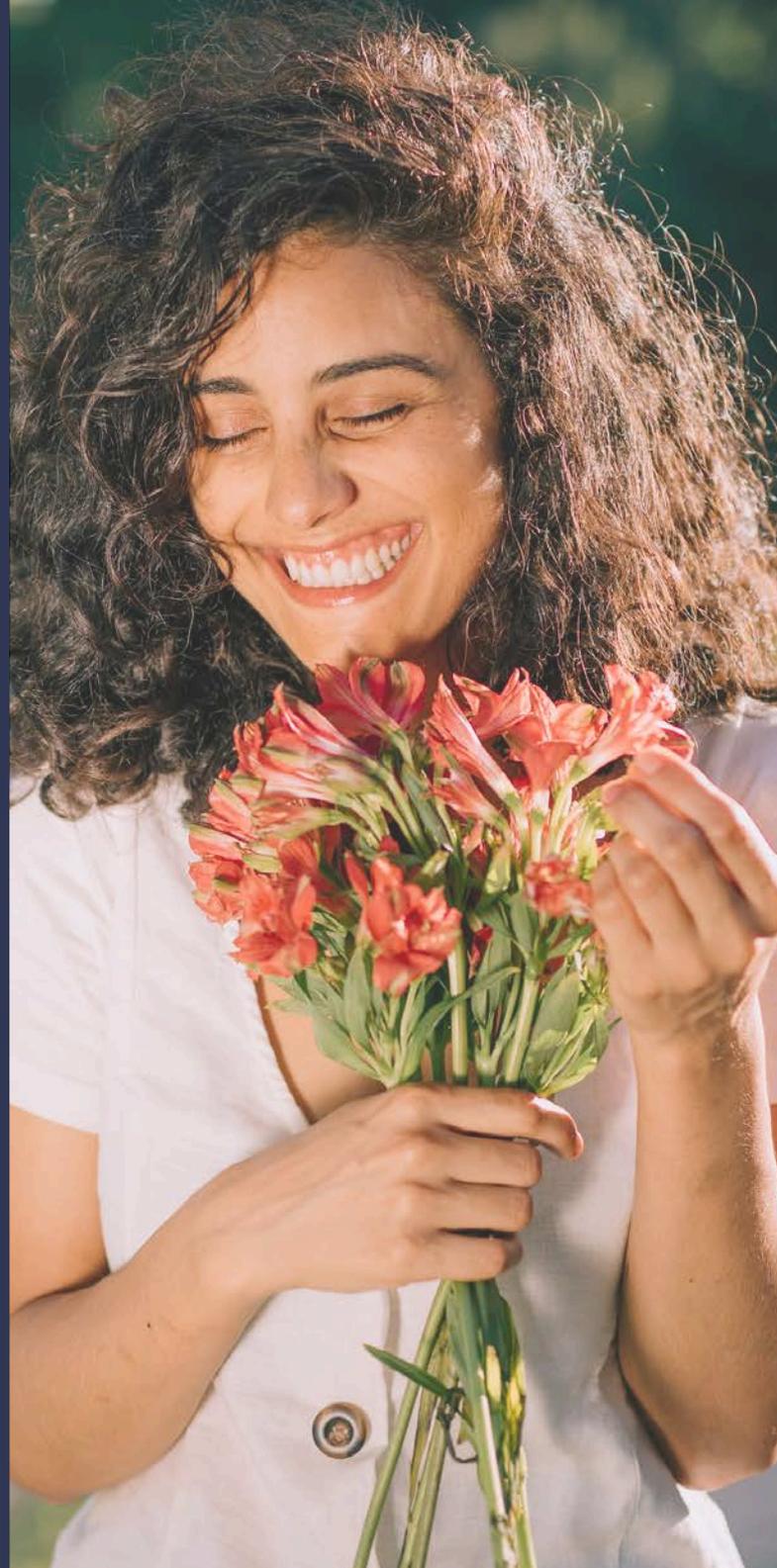
Estudo de referência: PMID 28749716

# 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!

