



NUTRINEXT

NUTRIZIONE SU MISURA

Il benessere passa dalla tua tavola



Test Genetico per la sensibilità ai solfiti.

GENE	VARIANTI	RSnumber	Nucleotide	Variazione	Interpretazione
SUOX	Q364X		C	T	Presenza allele T (TT o CT)= possibile aumento del rischio di accumulo di solfiti e neurotossicità
	S370S	rs773115	G	C	Presenza allele C (CC o GC)= possibile aumento del rischio di accumulo di solfiti e neurotossicità
	S370Y		C	A	Presenza allele A (AA o CA)= possibile aumento del rischio di accumulo di solfiti e neurotossicità
	Cod 381del TAGA				Del cod 381= possibile aumento del rischio di accumulo di solfiti e neurotossicità
CBS	C699T	rs234706	C	T	TT= possibile fattore di prevenzione per eventi cardiovascolari - alta sensibilità all'attività dell'acido folico CC=possibile fattore di rischio per eventi cardiovascolari
	T1080C	rs1801181	T	C	CC= possibile fattore di prevenzione per eventi cardiovascolari-alta sensibilità all'attività dell'acido folico TT=possibile fattore di rischio per eventi cardiovascolari



Il gene **SUOX** è coinvolto nella attività di detossificazione dei solfiti. Il molibdeno contenuto nella solfito ossidasi catalizza la conversione del solfito in solfato, il passaggio finale nella degradazione ossidativa di cisteina e metionina. I solfiti sono generati come sottoprodotti naturali del ciclo di metilazione dagli alimenti o dalle sostanze che è possibile inalare. Nell'industria alimentare i solfiti vengono utilizzati in grande quantità come conservanti per evitare lo scolorimento o impedire la crescita dei microorganismi (frutta, verdura, marmellate, cibi precotti, pesce, farine, vino). Polimorfismi del SUOX possono essere cause di rischio per alcuni tipi di cancro, compreso la leucemia. I solfiti potrebbero stimolare la risposta adrenergica del sistema nervoso autonomo e stimolare la risposta allo stress del cortisolo. In situazioni di iperattività del gene CBS è utile limitare l'assunzione di alimenti contenenti zolfo (metionina, taurina, cisteina). E' utile la rivalutazione anche di terapie croniche farmacologiche in relazione all'esito del test per prevenire la neurotossicità derivante dall'eventuale accumulo di solfiti. Molibdeno, Boro, vit E e vit B12 sembrano avere un effetto positivo in condizione di cattivo funzionamento di SUOX.

Presenza allele T (Q364X) (TT o CT)= possibile aumento del rischio di accumulo di solfiti e neurotossicità

Presenza allele C (S370S) (CC o GC)= possibile aumento del rischio di accumulo di solfiti e neurotossicità

Presenza allele A (S370Y) (AA o CA)= possibile aumento del rischio di accumulo di solfiti e neurotossicità

Del cod 381 (Cod 381del TAGA)= possibile aumento del rischio di accumulo di solfiti e neurotossicità

CBS è un enzima necessario per convertire l'Omocisteina in Cistatione, agisce fondamentalmente come ponte tra l'aminoacido di partenza e il passaggio successivo del ciclo di metilazione che genera ammoniaca. I polimorfismi investigati determinano una alterazione che impedisce al "ponte" CBS di richiudersi. Questo stato sbilanciato toglie gruppi metilici al resto del ciclo provocando carenze importanti tra cui quella di vitamina B12, aumentando contemporaneamente i livelli di ammoniaca e solfiti. E' stato dimostrato che i due polimorfismi del gene CBS (C699T e T1080C) determinano un aumento dell'attività dell'enzima, riducendo la quantità di omocisteina nel sangue. Tali polimorfismi sono inoltre associati a un rischio ridotto di insorgenza di patologie coronariche.



TT (C699T) = possibile fattore di prevenzione per eventi cardiovascolari - alta sensibilità all'attività dell'acido folico.

CC (C699T) = possibile fattore di rischio per eventi cardiovascolari.

CC (T1080C) = possibile fattore di prevenzione per eventi cardiovascolari - alta sensibilità all'attività dell'acido folico;

TT(T1080C) = possibile fattore di rischio per eventi cardiovascolari.

DESCRIZIONE TECNICA DELL'ANALISI

I test molecolari Nutrinext vengono condotti effettuando l'analisi dei polimorfismi sopra descritti. Per la genotipizzazione dei citati polimorfismi si opera inizialmente una reazione enzimatica di amplificazione del DNA, conosciuta come Polymerase Chain Reaction (PCR), che consente di amplificare in vitro una specifica regione della molecola, copiandola in varie fasi successive, fino ad ottenerne milioni di copie. Successivamente, attraverso un processo tecnologico avanzato di sequenziamento del DNA, che impiega tecniche di Next Generation Sequencing (NGS) utilizzando sequenziatori ILLUMINA, si sequenziano le regioni geniche comprendenti i polimorfismi investigati. Le sequenze geniche ottenute vengono poi analizzate attraverso un'avanzata analisi bioinformatica, per verificare la presenza di eventuali varianti nei geni in esame.