

# **NUTRINEXT**

**NUTRIZIONE SU MISURA**

Il benessere passa dalla tua tavola



# Test Genetico Antiaging-per la predisposizione allo stress ossidativo.

## Introduzione.

Oltre 30.000 geni compongono il DNA di una persona, una sorta di “istruzioni per l’uso” per l’organismo.

Il profilo genetico è esclusivo, unico e irripetibile per ciascun individuo ( non esistono due profili DNA identici al mondo, tranne che per i gemelli monozigoti).

La NUTRIGENETICA, scienza di ultima generazione, concentra lo sguardo proprio sul singolo individuo e sulle sue peculiari caratteristiche genetiche mettendole in relazione alla sua alimentazione, al suo metabolismo, alle sue predisposizioni e all’ambiente in cui vive.

Attraverso i test NutriNext è possibile, infatti, individuare piccole variazioni genetiche caratteristiche di ogni individuo (SNPs) che possono tradursi in risposte “personali” dell’organismo, in seguito all’introduzione di determinati alimenti o sostanze.

L’obiettivo finale dei test NutriNext è creare un intervento dietetico mirato per ogni singolo individuo, che possa ripristinare la salute o prevenire l’insorgenza di patologie, partendo dalle informazioni contenute nel suo DNA.

Il test **Antiaging**, per la predisposizione allo **stress ossidativo**, valuta le potenzialità delle attività antiossidanti, responsabili della risposta verso i radicali liberi (RL), cioè lo scarto delle reazioni del metabolismo umano.

I RL sono altamente reattivi e possono indurre invecchiamento precoce dei tessuti (dalla pelle agli organi interni), danni a vene e arterie con conseguente predisposizione a malattie cardiovascolari come ictus e infarto cardiaco, fino a favorire malattie altamente degenerative e alcuni tipi di tumore.

Alcuni polimorfismi presenti in geni specifici possono alterare la produzione e la funzione degli enzimi antiossidanti. Quando l’equilibrio tra fattori pro-ossidanti ed enzimi antiossidanti viene perturbato a favore dei primi, si parla di una condizione patologica definita STRESS OSSIDATIVO.

Un regime alimentare personalizzato basato sui dati genetici risultanti dal test lo **Stress Ossidativo - Antiaging** permette di stabilire la quantità e la qualità dei nutrienti per:

- migliorare la capacità detossificante dell’organismo
- rallentare i processi di invecchiamento dovuti all’accumulo dei RL.

Il test analizza, a oggi, oltre 15 varianti correlate in letteratura allo Stress Ossidativo. Si sottolinea, tuttavia, che il numero delle varianti in studio per ogni test è soggetto a variazione in relazione alle quotidiane scoperte della comunità scientifica

## Guida interpretativa al referto.

GENE	VARIANTI	RSnumber	Nucleotide	Variazione	Interpretazione
SLC6A4/ 5HTTPLR	Ins/Del	rs25531			S/S=lento adattamento S/L=medio adattamento L/L=rapido adattamento
CAT	C-262T	rs1001179	C	T	Presenza allele T (CT o TT) = possibile diminuzione della capacità detossificante
EPHX1	Y113H	rs1051740	T	C	Presenza allele C (TC o CC) = possibile ridotta capacità detossificante e antiossidante
	H139R	rs2234922	A	G	Presenza allele G (AG o GG) = possibile ridotta capacità detossificante e antiossidante
GPX1	P200L	rs1050450	C	T	Presenza allele T (CT o TT) = possibile ridotta capacità detossificante e antiossidante
GSTM1	Del gene				Del gene: ridotta capacità di detossificazione
GSTP1	I105V	rs1695	A	G	Presenza allele G (AG o GG) = possibile ridotta capacità detossificante e antiossidante
	A114V	rs1138272	C	T	Presenza allele T (CT o TT) = possibile ridotta capacità detossificante e antiossidante
GSTT1	Del gene				Del gene: ridotta capacità di detossificazione
MnSOD	A16V	rs4880	C	T	Presenza allele T (CT o TT) = possibile aumento del rischio cardiovascolare
	T175C	rs1141718	T	C	Presenza allele C (TC o CC) = possibile fattore di rischio cardiovascolare e ridotta capacità antiossidante
SOD3	C760G	rs1799895	C	G	Presenza allele G (CG o GG) = possibile ridotta capacità detossificante e antiossidante, e possibile fattore di rischio cardiovascolare
SUOX	Q364X		C	T	Presenza allele T (CT o TT) = possibile aumento del rischio di accumulo di solfiti e neurotossicità
	S370S	rs773115	G	C	Presenza allele C (GC o CC) = possibile aumento del rischio di accumulo di solfiti e neurotossicità
	S370Y		C	A	Presenza allele A (CA o AA) = 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

Il gene SLC6A4 codifica per il trasportatore della serotonina 5-HTTLPR. La serotonina è un neurotrasmettitore presente nel sistema nervoso centrale e periferico, e svolge una funzione importante nella “regolazione dell’umore”. Nel promotore del gene SLC6A4 è stato descritto un polimorfismo che consiste in una delezione/inserzione di 44 nucleotidi. La variante lunga (L) presenta un’attività trascrizionale maggiore (più del doppio) rispetto alla variante corta (S) come mostrato in figura 1. Molti studi hanno osservato come in condizione di soggetto a lento adattamento allo stress, per prevenire la tendenza depressiva dovuta al rallentamento della via serotoninergica, è utile una cospicua introduzione di antiossidanti nella dieta. [\(Rif.Bibl.\)](#).

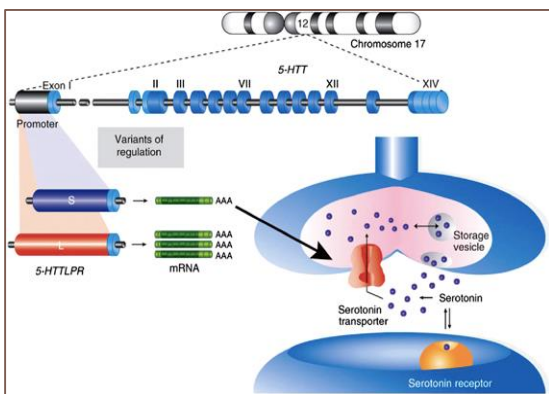


Fig. 1. Rappresentazione grafica della capacità trascrizionale della variante corta rispetto alla variante lunga

S/S=lento adattamento  
S/L=medio adattamento  
L/L=rapido adattamento

**CAT** (catalasi) un polimorfismo sul promotore di questo gene provoca una ridotta attività dell'enzima con conseguenze citotossiche da sovraccarico di H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>, in quanto l'enzima detossifica nei perossisomi l'H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> prodotto tramite l'attività della SOD. [\(Rif.Bibl.\)](#).  
Presenza allele T (CT o TT) = possibile diminuzione della capacità detossificante.

**EPHX1** codifica per l'enzima epossido idrolasi microsomiale implicato nei processi di detossificazione che convertono gli epossidi in dioli. Una ridotta capacità dell'enzima diminuisce la capacità della cellula di coniugare sostanze potenzialmente mutagene e citotossiche con il glutathione, riducendo quindi la capacità di renderle idrofile e facilmente eliminabili dalle cellule favorendone l'accumulo. [\(Rif.Bibl.\)](#).

Presenza allele C (TC o CC) (Y113H)= possibile ridotta capacità detossificante e antiossidante.

Presenza allele G (AG o GG) (H139R)= possibile ridotta capacità detossificante e antiossidante.



**GPX1** codifica per una proteina chiamata glutazione perossidasi 1, appartenente alla classe delle ossidoreduttasi. I polimorfismi genetici negli enzimi della glutazione perossidasi e le loro espressioni alterate sono associati con il danno ossidativo al DNA e di conseguenza alla suscettibilità individuale al cancro. [\(Rif.Bibl.\)](#).  
Presenza allele T (CT o TT) = possibile ridotta capacità detossificante e antiossidante.

Il gene **GSTM1** codifica per l'enzima glutazione S-transferasi 1 considerato il più importante marcatore d'esposizione ai rischi delle variazioni ambientali per diverse patologie. Esso interviene nella disintossicazione dei componenti elettrofili dei lipidi ossidati e nella disintossicazione dei diversi prodotti generati dalla degradazione dell'ossigeno sul DNA e dei prodotti del cortisolo. La delezione di questo gene è correlata all'aumento dei rischi relativi al cancro al polmone, alla prostrata, al colon, al carcinoma basocellulare della pelle e di altre patologie indotte dall'ambiente, probabilmente dovute ad un aumento della suscettibilità alle tossine ambientali e carcinogeni. [\(Rif.Bibl.\)](#).  
Del gene: ridotta capacità di detossificazione.

**GSTP1** è un gene implicato nei cambiamenti di predisposizione al cancro della prostata, del testicolo, della vescica, della bocca e del polmone, nella malattia di Parkinson e nel metabolismo dei farmaci. Il GSTP1 esprime anche la funzione di barriera ematomeningeale e influenza la tolleranza alle neurotossine. Recentemente, due comuni polimorfismi del gene GSTP1 sono stati associati a una consistente diminuzione dell'attività dell'enzima favorendone ipermetilazione. [\(Rif.Bibl.\)](#).  
Presenza allele G (AG o GG) (I105V)= possibile ridotta capacità detossificante e antiossidante.  
Presenza allele T (CT o TT) (A114V)= = possibile ridotta capacità detossificante e antiossidante.

**GSTT1** è implicato nei processi di disintossicazione del grande intestino. Il suo polimorfismo, caratterizzato dalla delezione della maggior parte della regione codificante del gene, determina una perdita di funzionalità dell'enzima codificato. E' stato inoltre associato con un aumentato rischio di tumore ai polmoni, laringe, vescica, prostata e tumore della cervice uterina. [\(Rif.Bibl.\)](#).  
Del gene: ridotta capacità di detossificazione.

**MnSOD** è un enzima chiave nel processo di detossificazione: distrugge i radicali che si formano normalmente nelle cellule e che sono tossici per il sistema biologico. La superossido dismutasi manganese dipendente (**MnSOD**), conosciuta anche come SOD2, è un enzima antiossidante mitocondriale che catalizza la conversione dei radicali superossido in idrogeno perossido. La sua azione è quindi quella di agire da eliminatore di radicali liberi in eccesso. [\(Rif.Bibl.\)](#).  
Presenza allele T (CT o TT) (A16V) = possibile aumento del rischio cardiovascolare  
Presenza allele C (TC o CC) (T175C)= possibile fattore di rischio cardiovascolare e ridotta capacità antiossidante

La **SOD3** (superossido dismutasi 3) si trova in tutti i tessuti. I livelli più elevati di SOD3 sono riscontrati nel cuore, nella placenta, nel pancreas e nei polmoni. Moderati livelli di



SOD3 sono anche riscontrabili nei reni, muscoli e fegato. E' stato dimostrato che il polimorfismo **C760G** (anche conosciuto come c.691C>G, p.Arg231Gly and R231G) determina il rilascio dell'enzima SOD3 dalle pareti dei vasi sanguigni ed è associato a una riduzione dell'attività antiossidante tissutale. Questa riduzione può contribuire allo sviluppo di patologie coronariche. [\(Rif.Bibl.\)](#).

Presenza allele G (CG o GG) = possibile ridotta capacità detossificante e antiossidante, e possibile fattore di rischio cardiovascolare.

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. 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. [\(Rif.Bibl.\)](#).  
[\(Rif.Bibl.\)](#).

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

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

Presenza allele A (CA o AA) (S370Y)= 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

## 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.