



**VERSAFULL®**

UM ÚNICO TESTE. TODOS OS RESULTADOS

**PERSONAL GENETIC REPORT  
RELATÓRIO DE ANÁLISE COMPLETA**

0 011010  
10 010101  
100 100101

010101 101010 000110 011010  
011011 100001 010110 010101  
001101 000010 110100 100101

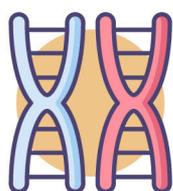
010101 101010 000110 011010  
011011 100001 010110 010101  
001101 000010 110100 100101

## RELATÓRIO VERSA FULL - ANÁLISE COMPLETA

## Conheça o 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!



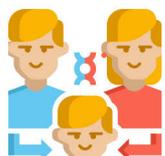
De forma simplificada, você herdou 23 cromossomos do seu pai e 23 cromossomos da sua mãe. Os cromossomos são enumerados de 1 a 22 + o cromossomo sexual, X ou Y. Cada cromossomo no DNA contém sempre os mesmos genes.



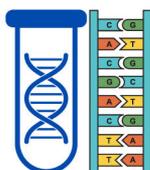
Sendo assim, para todos os genes (exceto os genes dos cromossomos sexuais que seguem regras variáveis), você sempre terá uma cópia herdada do seu pai e uma cópia herdada da sua mãe.



**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!

## RELATÓRIO VERSA FULL - ANÁLISE COMPLETA

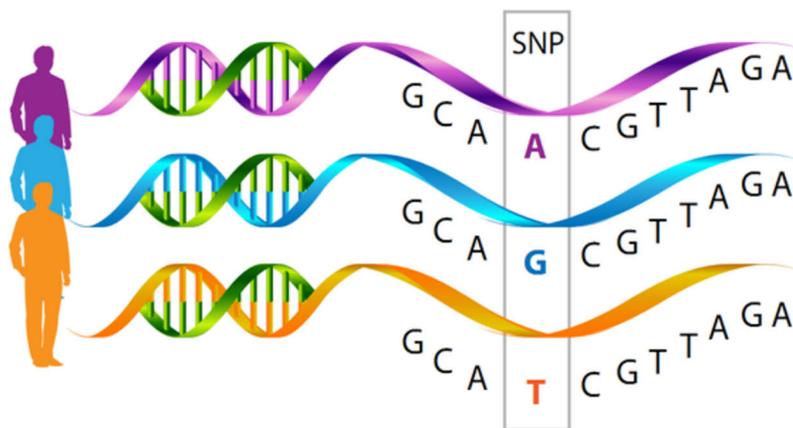
### Conheça o seu DNA

#### 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 **UCP1**.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
 Data de Nascimento: 10/10/80  
 ID da Amostra: COD45125  
 Solicitante: Nome do profissional prescritor

Relatório Versa Full  
 www.versagene.com.br  
 contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: GERENCIAMENTO DO PESO CORPORAL

## 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%.

### Introdução

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.

### Genes Analisados

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

### Referências

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



Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescritor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: GERENCIAMENTO DO PESO CORPORAL

GENE: FTO  
SNP: rs9939609  
SEUS ALELOS: TA  
CLASSIFICAÇÃO: Regular

RISCO: Aumento do risco de obesidade, aumento do IMC, aumento da expressão de FTO. O metabolismo de carboidratos pode ser levemente prejudicado [PMID 17658951].

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.

GENE: FTO  
SNP: rs1558902  
SEUS ALELOS: TT  
CLASSIFICAÇÃO: Bom

RISCO: IMC normal [PMID 18379722].

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.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescritor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: GERENCIAMENTO DO PESO CORPORAL

GENE: FTO

SNP: rs3751812

SEUS ALELOS: GG

CLASSIFICAÇÃO: Bom

RISCO: Índice de massa corporal (IMC) normal [PMID 27324062].

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.

GENE: FAM71F1

SNP: rs6971091

SEUS ALELOS: GG

CLASSIFICAÇÃO: Bom

RISCO: Risco normal de obesidade familiar [PMID 18317470].

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.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescritor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: GERENCIAMENTO DO PESO CORPORAL

GENE:UCP1  
SNP:rs6536991  
SEUS ALELOS: TC  
CLASSIFICAÇÃO: Regular

RISCO: 1 alelo de aumento de gasto energético corporal. Risco levemente reduzido de obesidade. Gasto energético levemente aumentado [PMC3526455].

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.

GENE:MC4R  
SNP:rs2229616  
SEUS ALELOS: CC  
CLASSIFICAÇÃO: Ruim

RISCO: Risco normal de obesidade. Risco normal de síndrome metabólica. Sem alelos de proteção contra a obesidade [PMID 18239646].

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.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescritor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: GERENCIAMENTO DO PESO CORPORAL

GENE: MC4R  
SNP: rs17782313  
SEUS ALELOS: TT  
CLASSIFICAÇÃO: Bom

RISCO: Índice de massa corporal (IMC) normal [PMID 23874820]. Risco reduzido de ganho de peso com o uso de antipsicóticos [PMID 23277235].

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.

GENE: MC4R  
SNP: rs17700633  
SEUS ALELOS: GG  
CLASSIFICAÇÃO: Bom

RISCO: Risco normal de obesidade [PMC2669167].

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.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescriptor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: GERENCIAMENTO DO PESO CORPORAL

GENE: MC4R  
SNP: rs571312  
SEUS ALELOS: CC  
CLASSIFICAÇÃO: Bom

RISCO: Tendência ao IMC normal [PMC3014648].

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.

GENE: MC4R  
SNP: rs12970134  
SEUS ALELOS: GG  
CLASSIFICAÇÃO: Bom

RISCO: Tendência à menor circunferência da cintura [PMID 18454146].

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.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescriptor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: GERENCIAMENTO DO PESO CORPORAL

GENE: ADIPOQ  
SNP: rs1501299  
SEUS ALELOS: GG  
CLASSIFICAÇÃO: Ruim

RISCO: Níveis mais baixos de adiponectina na maioria das populações [PMID 19543786]. 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.

GENE: NPY  
SNP: rs16139  
SEUS ALELOS: TT  
CLASSIFICAÇÃO: Bom

RISCO: Risco normal de obesidade [PMID 16568137].

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.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescritor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: GERENCIAMENTO DO PESO CORPORAL

GENE: SH2B1  
SNP: rs7359397  
SEUS ALELOS: CT  
CLASSIFICAÇÃO: Regular

RISCO: Risco levemente aumentado de obesidade.

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.

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

Observe sua ingestão de gordura: estudos em animais mostram claramente que o SH2B1 é regulado negativamente pela ingestão de uma dieta rica em gordura. Estudos em humanos mostram que as variantes do SH2B1 estão ligadas à obesidade com alta ingestão de laticínios. Nestes estudos, uma "alta ingestão de laticínios" indica um aumento da quantidade de gordura saturada na dieta.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescriptor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: CONTROLE DO APETITE E SACIEDADE

### 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.

### Introdução

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.

### Genes Analisados

LEPR, GHRL, GHSR,

### Referências

<https://www.urmc.rochester.edu/encyclopedia/content.aspx?contenttypeid=56&contentid=4132>  
<https://nutritionj.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12937-018-0427-x>



Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescritor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: CONTROLE DO APETITE E SACIEDADE

GENE: LEPR  
SNP: rs1137101  
SEUS ALELOS: GG  
CLASSIFICAÇÃO: Ruim

RISCO: Risco aumentado de sobrepeso/obesidade. Risco aumentado de diabetes tipo 2. Risco aumentado 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.

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

Dietas de resistência à leptina (geralmente são baseadas em alimentos integrais e evitam carboidratos processados) são indicadas para você. O Ácido Alfa-Lipóico (ALA) é um antioxidante que tem mostrado efeitos positivos na melhora da sensibilidade à leptina e à insulina. Pode ajudar no controle do apetite e da compulsão alimentar. Outros suplementos úteis são: ômega-3 e zinco.

GENE: LEPR  
SNP: rs2025804  
SEUS ALELOS: AA  
CLASSIFICAÇÃO: Bom

RISCO: Menor risco de comportamento beliscador, menor risco de obesidade [PMID 17192493].

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.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescriptor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: CONTROLE DO APETITE E SACIEDADE

GENE: GHRL  
SNP: rs4684677  
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.

GENE: GHSR  
SNP: rs572169  
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.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescriptor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: METABOLISMO DE GORDURAS

## 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.

### Introdução

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.

### Genes Analisados

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

### Referências

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/17171387/>  
<https://www.merckmanuals.com/professional/endocrine-and-metabolic-disorders/lipid-disorders/overview-of-lipid-metabolism>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC3075550/>  
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/labs/pmc/articles/PMC4829583/>



Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescriptor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: METABOLISMO DE GORDURAS

GENE: PPARG  
SNP: rs1801282  
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.

GENE: ECA  
SNP: rs4343  
SEUS ALELOS: GA  
CLASSIFICAÇÃO: Bom

RISCO: Resposta normal à gordura saturada.

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.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescriptor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: METABOLISMO DE GORDURAS

GENE: APOA2

SNP: rs5082

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.

GENE: TCF7L2

SNP: rs7903146

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.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescriptor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: METABOLISMO DE GORDURAS

GENE: FADS1  
SNP: rs174546  
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).

GENE: FADS2  
SNP: rs1535  
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 docosaenoico (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).

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescriptor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: METABOLISMO DE GORDURAS

GENE: ACADS  
SNP: rs1800556  
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.

GENE: ACADS  
SNP: rs28940874  
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.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescritor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: METABOLISMO DE GORDURAS

GENE: ACADS  
SNP: rs61732144  
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.

GENE: ACADS  
SNP: rs28941773  
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.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescriptor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: METABOLISMO DE CARBOIDRATOS

## 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.

### Introdução

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.

### Genes Analisados

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

### Referências

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



Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescriptor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: METABOLISMO DE CARBOIDRATOS

GENE: CLTCL1  
SNP: rs1061325  
SEUS ALELOS: CC  
CLASSIFICAÇÃO: Bom

RISCO: Duas cópias do alelo 'agricultor'. A ingestão de carboidratos não tem efeitos negativos no risco de diabetes tipo 2.

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.

GENE: IRS1  
SNP: rs2943641  
SEUS ALELOS: TC  
CLASSIFICAÇÃO: Regular

RISCO: Risco levemente aumentado para diabetes tipo 2. Mulheres respondem melhor à dieta baixa em carboidratos. Homens respondem melhor à dieta baixa em gorduras.

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.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescritor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: METABOLISMO DE CARBOIDRATOS

GENE: SLC2A2  
SNP: rs5400  
SEUS ALELOS: GG  
CLASSIFICAÇÃO: Bom

RISCO: Consumo normal de açúcar [PMID 18349384].

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.

GENE: MTNR1B  
SNP: rs10830963  
SEUS ALELOS: CC  
CLASSIFICAÇÃO: Bom

RISCO: Receptor de melatonina MT2 normal. Sem aumento dos níveis de glicose em jejum quando há o consumo de carboidratos à noite, risco normal 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.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescritor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: METABOLISMO DE CARBOIDRATOS

GENE: GIPR  
SNP: rs2287019  
SEUS ALELOS: CT  
CLASSIFICAÇÃO: Regular

RISCO: Tolerância levemente melhorada 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.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescriptor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: RISCO DE RESISTÊNCIA À INSULINA E DIABETES TIPO 2

### 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.

### Introdução

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.

### Genes Analisados

TCF7L2, IRS1, MTNR1B, HHEX, KCNJ11,

### Referências

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



Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescritor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: RISCO DE RESISTÊNCIA À INSULINA E DIABETES TIPO 2

GENE: KCNJ11  
SNP: rs5219  
SEUS ALELOS: TC  
CLASSIFICAÇÃO: Regular

RISCO: Risco aumentado de diabetes tipo 2. Resposta aumentada 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.

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

Reduza o consumo de carboidratos refinados: a redução de açúcar e carboidratos refinados pode ajudar as pessoas com as variantes do gene KCNJ11. A resposta da insulina de cada pessoa aos alimentos é um pouco única, portanto, um monitor contínuo de glicose ou a verificação frequente do nível de glicose no sangue depois de comer alimentos diferentes pode lhe dar uma ideia melhor de quais alimentos evitar. Além disso, esteja atento ao consumo de álcool. Pesquisas mostram que o consumo crônico de álcool combina com a variante KCNJ11 para aumentar o risco de diabetes tipo 2.

GENE: IRS1  
SNP: rs2943641  
SEUS ALELOS: TC  
CLASSIFICAÇÃO: Regular

RISCO: Risco levemente aumentado para diabetes tipo 2. Mulheres respondem melhor à dieta baixa em carboidratos. Homens respondem melhor à dieta baixa em gorduras.

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.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescriptor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: RISCO DE RESISTÊNCIA À INSULINA E DIABETES TIPO 2

GENE: TCF7L2  
SNP: rs7903146  
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.

GENE: TCF7L2  
SNP: rs12255372  
SEUS ALELOS: GG  
CLASSIFICAÇÃO: Bom

RISCO: Risco normal 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.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescritor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: RISCO DE RESISTÊNCIA À INSULINA E DIABETES TIPO 2

GENE: HHEX  
SNP: rs7923837  
SEUS ALELOS: GA  
CLASSIFICAÇÃO: Regular

RISCO: Risco 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.

GENE: MTNR1B  
SNP: rs10830963  
SEUS ALELOS: CC  
CLASSIFICAÇÃO: Bom

RISCO: Receptor de melatonina MT2 normal. Sem aumento dos níveis de glicose em jejum quando há o consumo de carboidratos à noite, risco normal 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.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescritor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: RISCO DE ESTEATOSE HEPÁTICA NÃO ALCOÓLICA

### 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.

### Introdução

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.

### Genes Analisados

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

### Referências

<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%BArios-hep%C3%A1ticos-e-biliares/abordagem-ao-paciente-com-doen%C3%A7a-hep%C3%A1tica/esteato-hepatite-n%C3%A3o-alco%C3%B3lica>



Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescriptor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: RISCO DE ESTEATOSE HEPÁTICA NÃO ALCOÓLICA

GENE: PNPLA3  
SNP: rs738409  
SEUS ALELOS: CC  
CLASSIFICAÇÃO: Bom

RISCO: Risco normal de esteatose hepática.

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.

GENE: TM6SF2  
SNP: rs58542926  
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.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescritor

Relatório Versa Full  
www.versagene.com.br  
contato@versagene.com.br

Seus resultados

Categoria: RISCO DE ESTEATOSE HEPÁTICA NÃO ALCOÓLICA

GENE: MBOAT7  
SNP: rs641738  
SEUS ALELOS: CC  
CLASSIFICAÇÃO: Bom

RISCO: Risco normal de esteatose hepática.

O gene MBOAT7 codifica uma enzima chamada proteína O-aciltransferase contendo domínio MBOAT, que está envolvida no metabolismo dos fosfolipídios, um componente importante das membranas celulares. Essa enzima desempenha um papel na regulação da composição lipídica das membranas e na modulação da resposta inflamatória no fígado. Variantes no gene MBOAT7 estão associadas a um risco aumentado de desenvolver doenças hepáticas, como a esteatose hepática não alcoólica (fígado gorduroso) e a cirrose. Alterações nesse gene podem impactar o metabolismo de gorduras no fígado, favorecendo o acúmulo de lipídios e a inflamação hepática.

GENE: CYP2E1  
SNP: rs2031920  
SEUS ALELOS: CT  
CLASSIFICAÇÃO: Regular

RISCO: Risco aumentado de esteatose 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.

Nome: Modelo Versa Full Homem  
Data de Nascimento: 10/10/80  
ID da Amostra: COD45125  
Solicitante: Nome do profissional prescriptor

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

Seus resultados

Categoria: RISCO DE ESTEATOSE HEPÁTICA NÃO ALCOÓLICA

GENE: NCAN

SNP: rs2228603

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.



## O ARQUIVO QUE VOCÊ ACABOU DE VER É APENAS UM MODELO DO RELATÓRIO COMPLETO VERSA FULL

---

O arquivo de modelo apresentado conta com a análise 6 painéis e inclui todas as informações reais, disponibilizadas no relatório individual.

O relatório completo do teste Versa Full contém entre 300 e 330 páginas, podendo variar conforme o sexo, masculino ou feminino.

Se você tem dúvidas sobre a análise Versa Gene ou gostaria de informações sobre genes e variantes específicas, entre em contato por whatsapp e teremos o maior prazer em ajudar!

---

### **O teste Versa Full inclui 4 relatórios:**

- Relatório completo com detalhes da análise
- Relatório de resumo e recomendações
- Relatório de resposta a medicamentos
- Relatório de Sugestão de Suplementação Personalizada