



Prédictive RAPPORT ADN



DÉCOUVREZ VOTRE VRAI POTENTIEL

Code à barres : Fleur Delacour

Nom : Fleur Delacour

Numéro client : Test23012025

Type de rapport: Rapport détaillé

CLAUSE DE NON-RESPONSABILITÉ

Comment lire votre rapport

— QU'EST-CE QUE LA GÉNÉTIQUE ? —

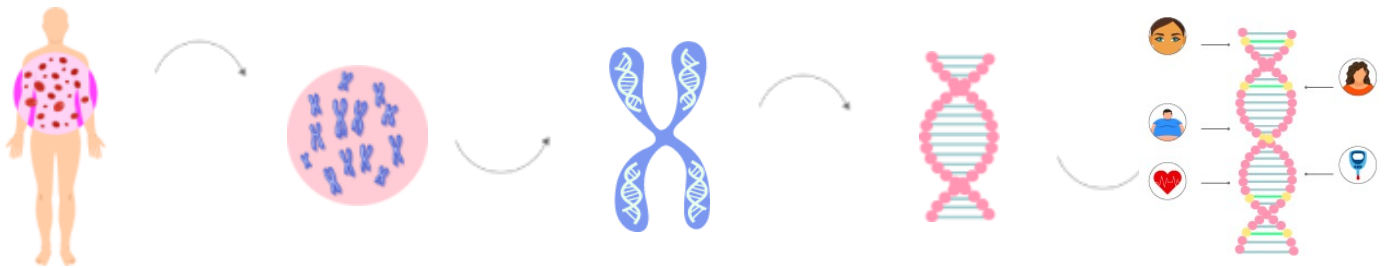
L'humain est constitué de cellules

Les cellules sont constituées de noyau

Le noyau est constitué de chromosomes

Les chromosomes sont constitués d'ADN

L'ADN est constitué de gènes



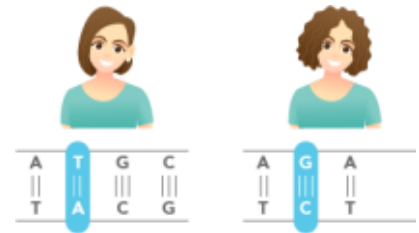
Les changements dans les nucléotides entraînent des variations génétiques

Les gènes sont codés par des nucléotides

A	T	G	C
T	A	C	G



Cheveux raides ----- Cheveux bouclés



QU'EST-CE QUE LA GÉNÉTIQUE PRÉDICTIVE ?



Population prédisposée aux cheveux bouclés



Les variations génétiques nous rendent tous uniques

Population prédisposée aux yeux bleus



Population à haut risque de crise cardiaque



Population à haut risque d'obésité

— INTERPRÉTATION DE LA PARTITION —

SCORE	REPRÉSENTATION	INTERPRÉTATION
0-2	Excellent / Protecteur	Un score « excellent/protecteur » indique une réponse ou une capacité très favorable pour un trait
2.1-4	Bon/risque faible	Un score « bon/risque faible » indique une réponse ou une capacité favorable pour un trait
4.1-6	Typique	Un score « typique » indique une réponse ou une capacité typique pour un trait
6.1-8	Faible / Légèrement élevé	Un score « médiocre/légèrement élevé » indique une réponse ou une capacité défavorable pour un trait.
8.1-10	Très pauvre / très élevé	Un score « très faible/très élevé » indique une réponse ou une capacité très défavorable pour un trait.

— DIRECTIVES GÉNÉRALES —

Le risque ou la prédisposition génétique indiqué dans le rapport est basé sur des études de recherche génomique statistiquement pertinentes, qui ne doivent pas être considérées comme un diagnostic d'un problème de santé ou d'un bien-être général.

Les caractères présentés dans le rapport ne sont pas génétiquement liés ; leurs associations génétiques sont indépendantes les unes des autres. Par conséquent, chaque score de trait et chaque interprétation sont indépendants les uns des autres.



Ce rapport fournit uniquement des informations sur les prédispositions génétiques et peut ne pas indiquer les conditions ou caractéristiques actuelles.

Les informations contenues dans le rapport peuvent permettre de comprendre les risques génétiques d'une personne et peuvent aider à prendre des décisions éclairées concernant son bien-être et ses objectifs.

Veuillez consulter votre médecin ou un autre professionnel de la santé qualifié avant d'apporter des modifications liées à votre régime alimentaire, à votre condition physique, à votre santé et à votre bien-être.



Résumé de la catégorie

RÉGULATION DE L'ALIMENTATION

9.0



Réponse de satiété

6.7



Modèle de collation

5.0



Dépendance alimentaire
émotionnelle



Réponse De Satiété



Qu'est-ce que Réponse de satiété ?

La satiété signifie la sensation de satiété ou la suppression de la faim pendant un certain temps après un repas. Certaines variations génétiques peuvent influencer la capacité à se sentir rassasié après la consommation d'un repas, ce qui peut conduire à une suralimentation chez les personnes ayant une mauvaise réponse de satiété. Trop manger peut entraîner un apport calorique excessif, augmentant ainsi le risque de prise de poids.

9.0



Réponse de satiété

Interprétation

Selon votre génétique, votre réponse de satiété est très faible. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à ne pas atteindre facilement le point de satiété ou une sensation de satiété après un repas, ce qui peut conduire à un apport calorique excessif.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: FTO

Votre Génotype: AT

Le gène FTO est l'un des gènes associés au risque d'obésité. On pense qu'il influence la satiété et la faim et régule l'homéostasie énergétique. Des études suggèrent que le gène FTO pourrait jouer un rôle important dans la régulation de la prise alimentaire ; les variations de ce gène peuvent influencer la satiété, les choix alimentaires et l'augmentation de la consommation d'énergie.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Maintenez des intervalles de 2,5 à 3 heures entre chaque repas.
2. Augmentez la teneur en protéines et en fibres de vos repas afin d'éviter une consommation excessive de glucides simples et de graisses.
3. Maintenez un bon mode de vie, faites de l'exercice régulièrement et suivez un régime alimentaire sain.

À ne pas faire

1. Évitez de consommer des quantités excessives de glucides simples, d'aliments frits et de malbouffe.
2. Évitez de vous gaver de calories vides, de collations à haute teneur en sel et de repas riches en calories.
3. Évitez de mal mâcher les aliments et évitez de terminer les repas très rapidement.

Modèle De Collation



Qu'est-ce que Modèle de collation ?

Le comportement alimentaire est une interaction complexe de facteurs physiologiques, psychologiques, sociaux et génétiques qui influencent le moment des repas, la quantité de nourriture ingérée, les préférences alimentaires et la sélection alimentaire. Même après un repas, certaines personnes ont tendance à rechercher des collations ou plusieurs repas. Ces personnes ont une envie accrue de grignoter des aliments tout au long de la journée, même si elles se sentent rassasiées. Les variations de certains gènes sont impliquées dans de mauvaises habitudes de grignotage, entraînant une suralimentation.

Interprétation

6.7



Modèle de collation

Selon votre génotype, votre modèle de collation est médiocre. Les personnes présentant un tel profil génétique sont susceptibles de trop manger, ce qui entraîne une consommation excessive de calories. Un apport calorique excessif peut augmenter la susceptibilité à l'obésité et à d'autres troubles du mode de vie associés.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: Near LEP

Votre Génotype: GG

Ce gène code pour la leptine. Également connue sous le nom d'hormone de la dépense énergétique, elle est principalement fabriquée par les cellules adipeuses qui aident à réguler l'équilibre énergétique en inhibant la faim.

Nom Du Gène: MC4R

Votre Génotype: TT

La protéine codée par ce gène est un récepteur lié à la membrane et membre de la famille des récepteurs de la mélanocortine. La protéine codée interagit avec les hormones adrénocorticotropes et MSH et est médiée par les protéines G. Il s'agit d'un gène sans intron. Les défauts de ce gène sont à l'origine de l'obésité autosomique dominante.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Prenez vos repas à intervalles réguliers.
2. Optez pour des repas riches en fibres et en protéines, et moins en graisses et en glucides simples, lorsque vous en avez envie.
3. Comblez toutes vos envies de collation avec une petite portion d'une collation relativement saine, riche en fibres et en protéines.

À ne pas faire

1. Évitez les glucides simples, les aliments frits et la malbouffe.
2. Évitez de vous gaver de calories, de consommer des calories vides et des collations riches en sel.
3. Évitez de conserver chez vous des aliments réconfortants difficiles à résister.

Dépendance Alimentaire Émotionnelle



Qu'est-ce que Dépendance alimentaire émotionnelle ?

L'alimentation émotionnelle est une forme de trouble alimentaire et elle est définie comme une augmentation de la consommation alimentaire en réponse aux émotions. Certaines personnes ont un lien émotionnel fort avec la nourriture. Ces personnes peuvent se tourner vers la nourriture pour se réconforter, consciemment ou inconsciemment, lorsqu'elles sont confrontées à un problème difficile, se sentent stressées ou même lorsqu'elles s'ennuient. Une alimentation émotionnelle peut entraîner un apport calorique excessif, nuisant ainsi à tout effort de perte de poids. Une telle réponse à la nourriture peut être déclenchée en raison de variations dans certains gènes.

5.0



Dépendance alimentaire
émotionnelle

Interprétation

Selon votre génotype, votre dépendance alimentaire émotionnelle est typique. Les personnes possédant un tel génotype sont susceptibles de se livrer à une consommation élevée de calories en raison d'un grignotage excessif lors d'un déclencheur émotionnel.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: ANKK1

Votre Génotype: TC

Le système dopaminergique, qui se compose de neurones qui fonctionnent pour activer la voie du système de récompense, entre autres fonctions importantes. Cette voie aide à réguler la consommation alimentaire grâce à un système de récompense. Les variations du gène ANKK1 peuvent modifier la densité des récepteurs de la dopamine, influençant ainsi les niveaux de prise alimentaire chez les personnes exposées à des facteurs environnementaux similaires, c'est-à-dire le sentiment de récompense après la prise alimentaire.

Nom Du Gène: DRD2

Votre Génotype: CC, TG

Ce gène code pour le sous-type D2 du récepteur de la dopamine. Ce récepteur couplé à la protéine G inhibe l'activité de l'adénylyl cyclase.

Nom Du Gène: MC4R

Votre Génotype: TT

La protéine codée par ce gène est un récepteur lié à la membrane et membre de la famille des récepteurs de la mélanocortine. La protéine codée interagit avec les hormones adrénocorticotropes et MSH et est médiée par les protéines G. Il s'agit d'un gène sans intron. Les défauts de ce gène sont à l'origine de l'obésité autosomique dominante.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Augmenter la consommation d'aliments riches en protéines, en fibres et à faible indice glycémique.
2. Trouvez d'autres moyens de soulager votre détresse émotionnelle, comme vous adonner à des passe-temps, regarder un film ou parler à un ami.

À ne pas faire

1. Évitez de trop manger et de consommer trop de calories.
2. Évitez de consommer des aliments trop riches en calories, des glucides simples, des aliments frits et des collations salées.
3. Évitez de conserver chez vous des aliments réconfortants difficiles à résister.



Résumé de la catégorie

PERCEPTION DU GOÛT

5.1



Aversion pour le goût de la
coriandre

5.8



Perception du goût sucré

6.0



Perception du goût amer

6.9



Préférence pour les aliments gras

6.4



Perception du goût du sel

5.0



Perception du goût Umami

5.0



Perception du goût aigre



Aversion Pour Le Goût De La Coriandre



Cilantro Taste Aversion

Qu'est-ce que Aversion pour le goût de la coriandre ?

La coriandre ou coriandre, la feuille de la plante *Coriandrum sativum*, est une plante largement consommée dans le monde et qui aurait des effets bénéfiques sur la santé allant des activités antibactériennes aux activités anticancéreuses. Certaines personnes déclarent une extrême aversion pour la coriandre, ce qui peut expliquer les différentes habitudes de consommation de coriandre entre les populations. La coriandre est l'un des ingrédients alimentaires les plus polarisants et les plus controversés connus. Il a été bien documenté que ceux qui aiment ou n'aiment pas cette herbe fournissent des descriptions extrêmement différentes de sa saveur. Les personnes ayant une forte prédisposition génétique à développer une aversion pour le goût de la coriandre peuvent trouver le goût et l'arôme de la coriandre désagréables, ce qui peut avoir un impact sur leur capacité à apprécier certains aliments et certaines cuisines. Les facteurs héréditaires, ainsi que l'exposition, façonnent nos préférences alimentaires.

Interprétation

Selon votre génotype, vous avez une prédisposition typique à développer une aversion pour le goût de la coriandre. Les individus porteurs de ce génotype peuvent être anosmiques aux aldéhydes à l'odeur désagréable qui donnent à la coriandre son parfum savonneux et avoir une prédisposition typique à acquérir une aversion pour le goût de la coriandre. La perception de la saveur, la familiarité, l'exposition, les habitudes alimentaires et les facteurs génétiques affectent la perception du goût de la coriandre.

5.1



Aversion pour le goût de la coriandre

Tableau des gènes

Nom Du Gène: OR10A2

Votre Génotype: CA

OR10A2 (Olfactory Receptor Family 10 Subfamily A Member 2) est un gène codant pour une protéine. Parmi ses voies associées figurent la voie de signalisation olfactive et la classe A/1 (récepteurs de type rhodopsine). Les récepteurs olfactifs interagissent avec les molécules odorantes du nez pour initier une réponse neuronale qui déclenche la perception d'une odeur. Les protéines des récepteurs olfactifs font partie d'une grande famille de récepteurs couplés aux protéines G (GPCR) issus de gènes d'exons codants uniques. Les récepteurs olfactifs partagent une structure à 7 domaines transmembranaires avec de nombreux récepteurs de neurotransmetteurs et d'hormones et sont responsables de la reconnaissance et de la transduction médiée par la protéine G des signaux odorants. La famille de gènes des récepteurs olfactifs est la plus grande du génome. La nomenclature attribuée aux gènes et aux protéines des récepteurs olfactifs de cet organisme est indépendante de celle des autres organismes.

Nom Du Gène: Near TAS2R1

Votre Génotype: CC

Ce gène code pour un membre d'une famille de récepteurs gustatifs candidats qui sont membres de la superfamille des récepteurs couplés aux protéines G et qui sont spécifiquement exprimés par les cellules des récepteurs gustatifs de l'épithélium de la langue et du palais. Ce gène de récepteur du goût sans intron code pour une protéine réceptrice à 7 transmembranaires, fonctionnant comme un récepteur du goût amer. Ce gène est cartographié sur le chromosome 5p15, l'emplacement d'un locus génétique (PROP) qui contrôle la détection du composé amer 6-n-propyl-2-thiouracile.

Nom Du Gène: OR11G2

Votre Génotype: CC

OR11G2 (Olfactory Receptor Family 11 Subfamily G Member 2) est un gène codant pour une protéine. Les récepteurs olfactifs interagissent avec les molécules odorantes du nez pour initier une réponse neuronale qui déclenche la perception d'une odeur. Les protéines des récepteurs olfactifs font partie d'une grande famille de récepteurs couplés aux protéines G (GPCR) issus de gènes d'exons codants uniques. Les récepteurs olfactifs partagent une structure à 7 domaines transmembranaires avec de nombreux récepteurs de neurotransmetteurs et d'hormones et sont responsables de la reconnaissance et de la transduction médiée par la protéine G des signaux odorants.

Nom Du Gène: Near MIR5007

Votre Génotype: TT

MIR1297 est un micro ARN. Les microARN (miARN) sont des ARN non codants courts (20-24 nt) impliqués dans la régulation post-transcriptionnelle de l'expression des gènes dans les organismes multicellulaires en affectant à la fois la stabilité et la traduction des ARNm. Les miARN sont transcrits par l'ARN polymérase II dans le cadre de transcrits primaires coiffés et polyadénylés (pri-miARN) qui peuvent être soit codants pour des protéines, soit non codants. Le transcrit primaire est clivé par l'enzyme ribonucléase III Drosha pour produire un miARN précurseur tige-boucle d'environ 70 nt (pré-miARN), qui est ensuite clivé par la ribonucléase cytoplasmique Dicer pour générer le miARN mature et l'étoile de miARN antisens (miARN*).) produits. Le miARN mature est incorporé dans un complexe de silençage induit par l'ARN (RISC), qui reconnaît les ARNm cibles grâce à un appariement imparfait de bases avec le miARN et entraîne le plus souvent une inhibition traductionnelle ou une déstabilisation de l'ARNm cible.

Nom Du Gène: CADM2

Votre Génotype: TT

Ce gène code pour un membre de la famille des molécules d'adhésion cellulaire synaptique 1 (SynCAM) qui appartient à la superfamille des immunoglobulines (Ig). La protéine codée possède trois domaines de type Ig et un site de liaison à la protéine cytosolique 4.1 près de l'extrémité C-terminale. Les protéines appartenant à la famille des protéines 4.1 réticulent la spectrine et interagissent avec d'autres protéines du cytosquelette.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Essayez d'utiliser d'autres herbes et épices dans des recettes qui font généralement appel à la coriandre, comme le persil, le basilic ou la menthe.
2. Introduisez progressivement la coriandre dans les plats Commencez par ajouter de petites quantités de coriandre dans les plats et augmentez progressivement la quantité au fil du temps.
3. Expérimentez avec d'autres saveurs et textures dans les plats pour améliorer le plaisir général, par exemple en ajoutant du croquant ou du sucré.
4. Recherchez des aliments et des cuisines qui n'utilisent pas de coriandre.

À ne pas faire

1. Ne vous forcez pas à manger de la coriandre : Se forcer à manger quelque chose qu'il trouve désagréable peut rendre l'aversion encore plus forte.
2. Ne présumez pas que toutes les coriandres ont le même goût. Différentes variétés de coriandre peuvent avoir différents niveaux d'arôme et de goût, et il est possible que certaines personnes trouvent certaines variétés plus tolérables que d'autres.
3. Ne laissez pas l'aversion pour la coriandre limiter les choix alimentaires.

Perception Du Goût Sucré



Qu'est-ce que Perception du goût sucré ?

La perception du goût sucré est la capacité de nos papilles gustatives à percevoir les aliments sucrés. La perception du goût explique les préférences alimentaires individuelles et l'impact du comportement alimentaire et de l'apport nutritionnel. En général, les personnes les moins sensibles sont susceptibles de consommer davantage de ces aliments et ont tendance à trop manger. Les papilles gustatives permettant la perception du goût sucré se trouvent généralement à l'arrière de la langue et sur le palais. Les variations génétiques des gènes codant pour les récepteurs du goût influencent les différences interindividuelles observées dans la perception du goût sucré. Les personnes atteintes de certaines variantes perçoivent mal le goût sucré et ont donc tendance à consommer des sucres en plus grande quantité.

Interprétation

5.8



Perception du goût sucré

Selon votre génotype, votre perception du goût sucré est typique. Les personnes ayant un tel profil génétique ont une sensibilité typique aux aliments au goût sucré. Cependant, ils devront peut-être être prudents lorsqu'ils consomment des aliments sucrés, car une consommation excessive d'aliments sucrés peut entraîner un apport calorique excessif.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: SLC2A2

Votre Génotype: CC, GG

Le transporteur de glucose 2 (GLUT2), également connu sous le nom de famille de transporteurs de soluté 2 (transporteur de glucose facilité), membre 2 (SLC2A2), est une protéine porteuse transmembranaire qui permet le mouvement du glucose facilité par les protéines à travers les membranes cellulaires. C'est le principal transporteur de transfert de glucose entre le foie et le sang.

Nom Du Gène: TAS1R3

Votre Génotype: CT, CT

Il existe des différences dans la sensibilité, la perception et la préférence pour les goûts. La sensibilité gustative peut être attribuée au seuil des cellules gustatives activées. La perception du goût sucré est principalement médiée par les gènes TAS1R2 (récepteur du goût de type 1, membre 2) et TAS1R3 (récepteur du goût de type 1, membre 3), qui codent pour le principal récepteur du goût sucré des glucides. Des variations du gène TAS1R3 ont été associées à la sensibilité gustative au saccharose, influençant ainsi les différences de sensibilité aux composés au goût sucré.

Nom Du Gène: TAS1R2

Votre Génotype: GT, CT

Le récepteur du goût de type 1, membre 2, est une protéine qui, chez l'homme, est codée par le gène TAS1R2. Il a été démontré que le récepteur réagit aux sucres naturels tels que le saccharose et le fructose. Il a été démontré que l'activation de ce récepteur répond à une grande variété d'aliments au goût sucré.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Offrez-vous des aliments sucrés de temps en temps pour satisfaire votre dent sucrée.
2. Contrôlez la taille des portions d'aliments sucrés.

À ne pas faire

1. Évitez la consommation excessive d'aliments sucrés.

Perception Du Goût Amer



Qu'est-ce que Perception du goût amer ?

La perception du goût amer est la capacité de nos papilles gustatives à ressentir les aliments amers. La perception du goût explique les préférences alimentaires individuelles et l'impact du comportement alimentaire et de l'apport nutritionnel. Généralement, les personnes les moins sensibles sont plus susceptibles de consommer ces aliments et ont tendance à trop manger. Une moindre perception du goût amer est généralement associée à une consommation accrue d'aliments amers, ce qui pourrait éventuellement entraîner une toxicité dans l'organisme dans des conditions défavorables. Les variations génétiques des gènes codant pour les récepteurs du goût sont responsables des différences dans la perception du goût amer.

6.0



Perception du goût amer

Interprétation

Selon votre génotype, votre perception du goût amer est typique. Les personnes ayant un tel profil génétique ont tendance à percevoir les aliments au goût amer comme ni extrêmement amers ni moins amers.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: TAS2R38

Votre Génotype: CC, CC, GG

Le gène TAS2R38 code pour un récepteur couplé à la protéine G, qui agit comme un récepteur du goût et est médié par certains produits chimiques comme le PROP et le phénylthiocarbamide ; ces produits chimiques se lient au récepteur et signalent la perception du goût. Les légumes comme le brocoli, le chou, le chou frisé et le chou de Bruxelles contiennent des glucosinolates et des isothiocyanates, qui ressemblent au PROP. Par conséquent, l'amertume perçue de ces légumes est médiée par le gène TAS2R38.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Consommez avec modération des aliments au goût amer.
2. Si le goût n'est pas acceptable, masquez-le avec une saveur préférée (épices/sauces/assaisonnement).

À ne pas faire

1. Les aliments au goût amer ne doivent pas être complètement évités car certains d'entre eux contiennent des phytonutriments bénéfiques.

Préférence Pour Les Aliments Gras



Qu'est-ce que Préférence pour les aliments gras ?

La préférence pour les aliments gras nous renseigne sur notre préférence gustative pour les aliments riches en graisses, tels que les aliments frits, les noix, le fromage et les viandes rouges. La façon dont un individu perçoit le goût des aliments dicte ses préférences alimentaires, son comportement alimentaire et son apport nutritionnel. La préférence pour les aliments gras est régie par certaines variations génétiques qui peuvent largement influencer notre consommation d'aliments gras.

6.9



Préférence pour les
aliments gras

Interprétation

Votre génotype pour la préférence pour les aliments gras est pauvre. Les personnes présentant un tel profil génétique ont une préférence plus élevée pour les aliments gras, ce qui peut les prédisposer à développer des maladies liées au mode de vie.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: RGS6

Votre Génotype: GA, TT, GG, TT

Le gène RGS6 est membre de la superfamille G7 ; il joue un rôle dans la régulation de la signalisation des protéines G et aurait une interaction avec les récepteurs opioïdes (récepteurs couplés aux protéines G). En situation de stress, les niveaux de cortisol augmentent, ce qui déclenche des réponses inflammatoires et favorise les réactions négatives. Habituellement, les récepteurs opioïdes font partie de cette rétroaction négative, en raison de leur capacité à favoriser le sentiment de bien-être et à inhiber la sécrétion de cortisol. RGS6 agit pour favoriser la tachyphylaxie (désensibilisation rapide) et la tolérance ; il ralentit la formation de récepteurs couplés aux protéines G. Ainsi, moduler la réponse opioïde à tout stimulus. Les aliments gras et sucrés sont également connus pour déclencher une réponse aux opioïdes et une moindre préférence pour ces aliments en cas de stress chronique. Les variations du gène RGS6 peuvent être associées à des comportements alimentaires ou addictifs.

Nom Du Gène: CD36

Votre Génotype: AA, CC

Le gène CD36 code pour une protéine liée à la membrane ; Le CD36 est exprimé dans plusieurs types de cellules, notamment les cellules adipeuses, les cellules musculaires et certaines cellules des papilles gustatives, où on pense qu'il joue un rôle médiateur dans la perception des acides gras. Le CD36 joue un rôle majeur dans la perception oro-sensorielle des graisses alimentaires, car les acides gras à longue chaîne peuvent être principalement responsables de la perception du goût des graisses. Il a été suggéré qu'une expression réduite de CD36 pourrait diminuer la sensibilité au goût des graisses, ce qui pourrait entraîner une augmentation de la consommation d'aliments gras en guise de réaction compensatoire.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Ayez une alimentation équilibrée.
2. Augmentez votre apport en protéines et en fibres dans vos repas.
3. Éliminez la consommation de gras trans.

À ne pas faire

1. Évitez d'éliminer complètement les graisses de l'alimentation, car elles peuvent affecter le fonctionnement normal du corps.

Perception Du Goût Du Sel



Qu'est-ce que Perception du goût du sel ?

La perception du goût du sel est la capacité de nos papilles gustatives à détecter le sel dans nos aliments. Le sel de table est couramment utilisé comme assaisonnement en cuisine, ce qui confère une saveur salée. La perception du goût aide à comprendre les préférences alimentaires individuelles et l'impact du comportement alimentaire sur l'apport nutritionnel. En général, les personnes présentant une sensibilité réduite à un aliment spécifique sont susceptibles de consommer davantage de cet aliment et ont tendance à trop manger. Les variations génétiques des gènes codant pour les récepteurs du goût influencent les différences interindividuelles observées dans la perception du goût du sel. Les personnes atteintes de certaines variantes perçoivent mal le goût du sel et ont donc tendance à consommer des aliments salés en plus grande quantité.

Interprétation

Selon votre génotype, votre perception du goût du sel est mauvaise. Les personnes ayant un tel profil génétique ont tendance à avoir une faible sensibilité aux aliments salés et peuvent donc être incapables de satisfaire facilement leurs envies de sel. Par conséquent, ils peuvent se livrer à des quantités plus élevées d'aliments salés pour satisfaire leurs envies. Il est important d'être prudent lorsque vous consommez du sel, car une consommation excessive peut entraîner divers problèmes de santé tels que l'hypertension artérielle, les maladies cardiaques, les accidents vasculaires cérébraux et les maladies rénales.

6.4



Perception du goût du sel

Tableau des gènes

Nom Du Gène: SLC4A5

Votre Génotype: CC

Le gène SLC4A5 code pour le co-transporteur Na⁺-bicarbonate-4 (NBC4), également appelé NBCe2, un co-transporteur électrogène Na⁺-bicarbonate qui aide à maintenir l'homéostasie du pH intracellulaire en co-transportant trois anions bicarbonate pour chaque cation Na⁺ indépendamment de chlorure.

Nom Du Gène: SCNN1B

Votre Génotype: TT, CC

Les canaux sodiques non voltage-dépendants et sensibles à l'amiloride contrôlent le transport des fluides et des électrolytes à travers les épithéliums de nombreux organes. Ces canaux sont des complexes hétéromères constitués de 3 sous-unités : alpha, bêta et gamma. Ce gène code pour la sous-unité bêta et des mutations de ce gène ont été associées au pseudohypoaldostérisme de type 1 (PHA1) et au syndrome de Liddle.

Nom Du Gène: TAS1R1

Votre Génotype: GG, CC

La protéine codée par ce gène est un récepteur couplé à la protéine G et est un composant du récepteur gustatif des acides aminés hétérodimères T1R1+3. Le récepteur T1R1+3 répond aux acides aminés L mais pas aux énantiomères D ou à d'autres composés. La plupart des acides aminés perçus comme doux activent T1R1+3, et cette activation dépend strictement d'un hétérodimère T1R1+3 intact.

Nom Du Gène: TRPV1

Votre Génotype: TT

La capsaïcine, le principal ingrédient piquant des piments forts, provoque une sensation de brûlure en activant sélectivement les neurones sensoriels qui transmettent des informations sur les stimuli nocifs au système nerveux central. La protéine codée par ce gène est un récepteur de la capsaïcine. Il s'agit d'un canal cationique non sélectif qui est structurellement lié aux membres de la famille des canaux ioniques TRP. Ce récepteur est également activé par des augmentations de température dans la plage nocive, ce qui suggère qu'il fonctionne comme un transducteur de stimuli thermiques douloureux in vivo.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Limitez la consommation d'aliments salés.
2. Contrôlez la taille des portions lorsque vous consommez des aliments salés.
3. Utilisez du citron, du gingembre et des épices similaires pour rehausser le goût des aliments.
4. Lorsque vous mangez des noix et des graines, choisissez des versions non salées.

À ne pas faire

1. Évitez de consommer des aliments transformés et emballés qui contiennent beaucoup de sodium.
2. Aucun sel de table supplémentaire ne doit être ajouté aux plats cuisinés.
3. Les sauces et les soupes emballées peuvent contenir une grande quantité de sodium ; éviter au maximum leur consommation.
4. Un régime totalement dépourvu de sel n'est pas recommandé car le sodium remplit diverses fonctions importantes dans l'organisme.

Perception Du Goût Umami



Umami Taste Perception

Qu'est-ce que Perception du goût Umami ?

L'umami est l'un des cinq goûts de base, aux côtés du sucré, de l'acide, de l'amer et du salé. Il est souvent décrit comme un goût savoureux ou charnu et est associé aux aliments qui contiennent du glutamate, un acide aminé. Cette sensation gustative est largement reconnue dans diverses cuisines et joue un rôle important dans l'amélioration de la saveur de nombreux plats, contribuant ainsi à l'expérience gustative globale. La perception de l'umami est médiée par des récepteurs gustatifs spécifiques sur la langue, qui répondent au glutamate et à certains autres composés naturellement présents dans les aliments comme la viande, le poisson et certains légumes. Une perception accrue du goût umami peut conduire à un meilleur plaisir des saveurs et à une préférence pour les aliments riches en umami, affectant potentiellement les choix alimentaires et l'appétit, mais peut également contribuer à une surconsommation d'options riches en calories si elles ne sont pas gérées avec soin.

Interprétation

Selon votre génotype, vous avez une prédisposition typique à développer une perception accrue du goût umami. Les individus possédant un tel génotype ont tendance à avoir une probabilité typique ou moyenne de développer une perception accrue du goût umami. Cependant, d'autres facteurs tels que l'âge, l'exposition alimentaire, les influences culturelles, les préférences personnelles et les changements hormonaux peuvent contribuer aux variations dans la façon dont les individus perçoivent et apprécient les saveurs umami.

5.0



Perception du goût
Umami

Tableau des gènes

Nom Du Gène: A1CF

Votre Génotype: CC

L'ARNm de l'apolipoprotéine B de mammifère subit une désamination C à U spécifique au site, qui est médiée par un complexe enzymatique à plusieurs composants contenant un noyau minimal composé d'APOBEC-1 et un facteur de complémentation codé par ce gène. Le produit génique possède trois motifs de reconnaissance d'ARN non identiques et appartient à la famille hnRNP R de protéines de liaison à l'ARN. Il a été proposé que ce facteur de complémentation fonctionne comme une sous-unité de liaison à l'ARN et ancre APOBEC-1 pour désaminer la cytidine en amont. Des études suggèrent que la protéine pourrait également être impliquée dans d'autres événements d'édition ou de traitement de l'ARN. Plusieurs variantes de transcription codant pour quelques isoformes différentes ont été trouvées pour ce gène.

Nom Du Gène: TAS1R3

Votre Génotype: CC, GG

La protéine codée par ce gène est un récepteur couplé à la protéine G impliqué dans les réponses gustatives. La protéine codée peut former un récepteur hétérodimère avec TAS1R1 pour provoquer la réponse gustative umami, ou elle peut se lier à TAS1R2 pour former un récepteur pour la réponse gustative sucrée.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Adoptez une variété d'aliments riches en umami dans le cadre d'une alimentation équilibrée pour savourer leurs saveurs sans en abuser.
2. Faites attention à la taille des portions et pratiquez une alimentation consciente pour éviter la surconsommation.
3. Soyez conscient du contenu nutritionnel des aliments riches en umami pour faire des choix alimentaires éclairés.
4. Incluez une variété de goûts dans l'alimentation, pas seulement l'umami, pour une expérience alimentaire complète et nutritive.

À ne pas faire

1. Évitez une consommation excessive de sodium, car certains aliments riches en umami comme la sauce soja peuvent être riches en sodium.
2. Limiter la consommation d'aliments hautement transformés et emballés, car ils contiennent souvent du glutamate ajouté (par exemple, MSG) comme exhausteur de goût, ce qui peut conduire à une surconsommation de ces aliments.

Perception Du Goût Aigre



Sour Taste Perception

Qu'est-ce que Perception du goût aigre ?

La perception du goût aigre est la capacité de nos papilles gustatives à détecter les aliments acides. Les aliments acides sont ceux qui ont un goût acidulé et acidulé. La perception du goût aide à comprendre les préférences alimentaires individuelles et l'impact du comportement alimentaire sur l'apport nutritionnel. En général, les personnes ayant une sensibilité réduite à un aliment spécifique sont susceptibles de consommer davantage de cet aliment et ont tendance à trop manger. Les variations génétiques des gènes codant pour les récepteurs du goût influencent les différences interindividuelles observées dans la perception du goût aigre. Les personnes atteintes de certaines variantes perçoivent mal le goût aigre et ont donc tendance à consommer des aliments acides en plus grande quantité.

Interprétation

5.0



Perception du goût aigre

Selon votre génotype, votre perception du goût aigre est typique. Les personnes ayant un tel profil génétique ont une sensibilité typique aux aliments au goût aigre. Cependant, ils devront peut-être être prudents lorsqu'ils consomment des aliments acides, car une consommation excessive d'aliments acides peut entraîner une érosion de l'émail des dents, des maux d'estomac, des reflux acides, une déshydratation et un déséquilibre électrolytique.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: TAS1R1

Votre Génotype: GG, CC

La protéine codée par ce gène est un récepteur couplé à la protéine G et est un composant du récepteur gustatif des acides aminés hétérodimères T1R1+3. Le récepteur T1R1+3 répond aux acides aminés L mais pas aux énantiomères D ou à d'autres composés. La plupart des acides aminés perçus comme doux activent T1R1+3, et cette activation dépend strictement d'un hétérodimère T1R1+3 intact.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Lorsque vous consommez des aliments acides, assurez-vous de contrôler la taille des portions.
2. Les aliments aigres peuvent être utilisés pour équilibrer les saveurs. Les aliments acides peuvent aider à équilibrer les saveurs sucrées ou salées d'un plat, le rendant ainsi plus attrayant.
3. Limitez votre consommation de sauces acides comme le ketchup, la mayonnaise et les vinaigrettes à base de vinaigre, car elles peuvent contenir de grandes quantités de sel et de sucre.

À ne pas faire

1. Évitez la consommation excessive d'aliments acides.
2. Évitez les bonbons acidulés et les bonbons gélifiés. Ces aliments transformés contiennent souvent de grandes quantités de sucre et d'arômes artificiels.
3. Limitez votre consommation de boissons acidulées. Les boissons acides comme les sodas et les boissons énergisantes sont souvent riches en sucre et en caféine.



Résumé de la catégorie

BESOINS EN MACRONUTRIMENTS

6.6



Réponse aux graisses saturées

7.5



Réponse aux graisses
monoinsaturées

5.8



Réponse aux graisses
polyinsaturées

6.0



Réponse à la fibre

3.7



Réponse aux glucides

4.6



Réponse aux protéines



Réponse Aux Graisses Saturées



Qu'est-ce que Réponse aux graisses saturées ?

Les graisses saturées sont une classe de macronutriments utilisés pour la production d'énergie par le corps. Les graisses saturées se trouvent dans le beurre, le ghee, la margarine et les graisses animales. Ils diffèrent des autres types de graisses en fonction du nombre de doubles liaisons dans leur colonne vertébrale, les graisses saturées n'en ayant pas. Ils ont tendance à avoir des points de fusion plus élevés que les graisses insaturées, qui sont généralement liquides à température ambiante. Les graisses saturées, lorsqu'elles sont consommées en quantités plus élevées que les autres graisses, sont connues pour augmenter le cholestérol LDL, ce qui entraîne le dépôt de plaques le long des parois des vaisseaux sanguins, provoquant le rétrécissement des vaisseaux sanguins. Cela entraîne directement une augmentation du risque de développer des maladies cardiovasculaires. Les variations génétiques peuvent influencer la façon dont l'organisme réagit à la consommation de graisses saturées, en termes de développement de profils lipidiques anormaux et d'obésité.

Interprétation

6.6



Réponse aux graisses saturées

Selon votre génotype, votre réponse aux graisses saturées est faible. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir un risque légèrement élevé d'être obèses ou d'avoir des taux de lipides anormaux après la consommation de graisses saturées, ce qui augmente à son tour le risque de problèmes de santé tels qu'un accident vasculaire cérébral ou des maladies cardiovasculaires.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: PCSK1

Votre Génotype: CG

Le gène PCSK1 code pour une protéine associée au clivage de protéines jouant un rôle dans la régulation hypothalamique de l'appétit. Des variations du gène PCSK1 ont été associées à la modulation de l'oxydation des graisses à jeun.

Nom Du Gène: LTA

Votre Génotype: TT

Des variations qui influencent la fonction du gène ont été identifiées dans plusieurs gènes, notamment le gène lymphotoxine- α (LTA), qui affecte la production de cytokines. Les variations peuvent interagir avec les acides gras alimentaires pour réguler la production et la sécrétion de cytokines qui peuvent prédisposer un individu à l'inflammation et à l'obésité.

Nom Du Gène: THRA

Votre Génotype: AG

Le gène THRA code pour une protéine qui est un récepteur hormonal nucléaire de la triiodothyronine (hormone thyroïdienne T3). Il est démontré qu'il médie certaines activités de l'hormone thyroïdienne. Les hormones thyroïdiennes, les hormones triiodothyronine (T3) et tétraiodothyronine (T4), jouent un rôle clé dans la régulation du métabolisme énergétique et de la thermogenèse (production de chaleur corporelle), en plus de jouer un rôle important dans le processus de métabolisme du glucose et des lipides, de la prise alimentaire et des graisses. oxydation acide. Les variations dans les fonctions des hormones thyroïdiennes peuvent être un facteur de différences dans l'indice de masse corporelle (IMC) et dans la prise de poids.

Nom Du Gène: LRP1

Votre Génotype: CC

Le gène LRP1 code pour une protéine impliquée dans la formation d'un récepteur mature. Ce récepteur est impliqué dans de nombreux processus cellulaires, notamment la signalisation intracellulaire, l'homéostasie lipidique et la clairance des cellules apoptotiques (événements biochimiques conduisant à des modifications cellulaires et à la mort).

Nom Du Gène: AHSG

Votre Génotype: CC

Le gène AHSG est impliqué dans la régulation de la graisse corporelle et de la sensibilité à l'insuline. Il a été démontré que les variations du gène AHSG sont associées à une réduction des taux plasmatiques ainsi qu'à une diminution de la graisse corporelle.

Nom Du Gène: LPL

Votre Génotype: CC

La lipoprotéine lipase (LPL), associée à la surface endothéliale luminale des artères et des capillaires des tissus périphériques, est une enzyme clé dans le métabolisme des lipoprotéines. Il hydrolyse les triglycérides lipoprotéiques plasmatiques en acides gras libres et en glycérol, convertit les lipoprotéines de très basse densité (VLDL) en lipoprotéines de basse densité (LDL).

Nom Du Gène: CD36

Votre Génotype: AA

Le gène CD36 code pour une protéine liée à la membrane ; Le CD36 est exprimé dans plusieurs types de cellules, notamment les cellules adipeuses et les cellules musculaires. La fonction principale de cette protéine est l'absorption des acides gras dans les cellules pour la production d'énergie. La signalisation CD36 et FA coordonnent l'utilisation des graisses sur la base des actions CD36 nouvellement identifiées qui impliquent la perception des graisses orales, l'absorption des graisses intestinales, la régulation de la production hépatique de lipoprotéines, l'activation de la bêta-oxydation par les muscles et la régulation de la production d'eicosanoïdes bioactifs dérivés des acides gras. . Ainsi, les anomalies du métabolisme des graisses et la pathologie associée pourraient impliquer un dysfonctionnement de la transduction du signal médié par CD36 en plus des modifications de l'absorption de l'AF.

Nom Du Gène: IL6

Votre Génotype: GG, GG

Le gène IL6 code pour une protéine qui possède une grande variété de fonctions biologiques. Après la contraction musculaire, il a pour fonction d'augmenter la dégradation des graisses et d'améliorer la résistance à l'insuline.

Nom Du Gène: APOA2

Votre Génotype: TT

Le gène APOA2 code pour une protéine, l'apolipoprotéine (apo-) A-II, qui est la deuxième protéine la plus abondante parmi les particules de lipoprotéines de haute densité. Les graisses saturées peuvent stimuler la production d'APOA2 dans la phase postprandiale (après avoir mangé un repas). Certaines variations du gène peuvent entraîner un niveau plus élevé d'hypertriglycéridémie postprandiale (augmentation du taux de triglycérides) dans le sang.

Nom Du Gène: PPARA

Votre Génotype: TC

Le gène PPARA joue un rôle clé dans l'homéostasie lipidique. L'activation de PPARA contribue à la clairance des lipoprotéines riches en triglycérides, améliore les concentrations de cholestérol HDL et réduit l'oxydation du cholestérol LDL, influençant ainsi l'activité des acteurs clés du métabolisme lipidique et l'induction d'enzymes liées à l'oxydation des acides gras.

Nom Du Gène: PPARG

Votre Génotype: CG

Ce gène code pour un membre de la sous-famille des récepteurs nucléaires activés par les proliférateurs de peroxydases (PPAR). La protéine codée par ce gène est PPAR-gamma et est un régulateur de la différenciation des adipocytes. PPARG régule le stockage des acides gras et le métabolisme du glucose. Les gènes activés par PPARG stimulent l'absorption des lipides et l'adipogenèse par les cellules adipeuses. De plus, PPAR-gamma a été impliqué dans la pathologie de nombreuses maladies, notamment l'obésité et le diabète.

Nom Du Gène: TCF7L2

Votre Génotype: GT

Ce gène code pour un facteur de transcription qui influence la sécrétion du GLP 1 (glucagon like peptide 1) qui est insulinothèque (stimule la sécrétion d'insuline) et joue un rôle dans l'homéostasie de la glycémie. TCF7L2 est exprimé dans le tissu adipeux sous-cutané et viscéral, et une diminution de l'expression de TCF7L2 dans le tissu adipeux pourrait être démontrée lors d'une restriction calorique. TCF7L2 fait partie de la cascade de signalisation Wnt et la signalisation Wnt inhibe l'adipogenèse ; et un polymorphisme du récepteur Wnt LRP6 est associé à l'obésité, au syndrome métabolique et à la perte osseuse.

Nom Du Gène: FTO

Votre Génotype: AT

Le gène FTO est fortement associé à des pathologies telles que l'obésité et le diabète de type II. Il est connu pour contribuer à la régulation de la taille corporelle et de l'accumulation de graisse corporelle, en particulier à la thermogenèse (production de chaleur) et à la différenciation des adipocytes (cellules adipeuses) en cellules adipeuses brunes ou blanches. Il est également impliqué dans la régulation du taux métabolique global, de la dépense énergétique et de l'homéostasie énergétique.

À faire et à ne pas faire

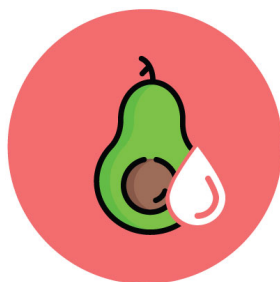
À faire

1. Consommez une alimentation équilibrée.
2. Maintenez votre consommation de graisses saturées strictement en dessous de 10 % de l'apport calorique quotidien.
3. Essayez de remplacer autant que possible les graisses saturées par des graisses insaturées.

À ne pas faire

1. Évitez de consommer trop de calories, car les graisses sont très denses en calories.

Réponse Aux Graisses Monoinsaturées



Qu'est-ce que Réponse aux graisses monoinsaturées ?

Les acides gras monoinsaturés (AGMI) sont un type de graisse qui contient une double liaison dans sa colonne vertébrale. Ces graisses sont généralement liquides à température ambiante. Les graisses monoinsaturées jouent également un rôle essentiel dans la régulation de la fonction immunitaire de l'organisme. Manger des gras monoinsaturés au lieu de gras saturés et de gras trans peut abaisser le taux de cholestérol et réduire le risque de maladie cardiaque et d'accident vasculaire cérébral. Les graisses monoinsaturées sont également riches en vitamine E, une vitamine antioxydante qui maintient le corps en bonne santé en protégeant les cellules des dommages. Les aliments comme les avocats, le beurre d'arachide, les noix, les graines, l'huile d'olive, l'huile d'arachide, l'huile de canola et l'huile de tournesol sont particulièrement riches en graisses monoinsaturées. Les variations génétiques peuvent influencer le degré d'avantages pour la santé observés avec la consommation d'AGMI.

7.5



Réponse aux graisses
monoinsaturées

Interprétation

Selon votre génotype, votre réponse aux acides gras monoinsaturés (AGMI) est faible. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à bénéficier moins d'un régime alimentaire riche en AGMI que la population typique.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: APOA1

Votre Génotype: GG

Le gène APOA1 code pour une protéine, l'apolipoprotéine A-I (ApoA-1), qui est le principal composant protéique des lipoprotéines de haute densité (HDL) dans le plasma. Des niveaux élevés de HDL peuvent réduire le risque de développer des maladies cardiovasculaires. Les HDL transportent le cholestérol et certaines graisses à travers les tissus jusqu'au foie, d'où ces composés sont soit redistribués vers d'autres tissus, soit éliminés de l'organisme. L'ApoA-1 facilite le mouvement du cholestérol et des phospholipides vers la surface externe des cellules, où ces substances se combinent avec l'apoA-I et forment des HDL. L'élimination de l'excès de cholestérol des cellules est importante pour contrôler le taux de cholestérol sanguin et maintenir la santé cardiovasculaire.

Nom Du Gène: ADIPOQ

Votre Génotype: GG, GG

Le gène ADIPOQ code pour une protéine, l'adiponectine, qui est une protéine plasmatique sécrétée par le tissu adipeux viscéral. L'adiponectine augmente la sensibilité à l'insuline et l'oxydation des graisses tissulaires, entraînant une réduction des niveaux d'acides gras circulants. Par conséquent, des variantes du gène ADIPOQ peuvent influencer les taux sériques de cholestérol et de lipoprotéines de basse densité (LDL), ainsi que les taux sériques de lipides ; ces facteurs dépendent en outre de la composition des acides gras alimentaires.

Nom Du Gène: APOB

Votre Génotype: GG

Le gène APOB code pour une protéine, l'apolipoprotéine B, qui est la principale apolipoprotéine des chylomicrons et des lipoprotéines de basse densité. Cette protéine est impliquée dans le transport des molécules de graisse, notamment du cholestérol, dans le sang.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Consommez une alimentation équilibrée.
2. Remplacez les sources riches en graisses saturées par des sources riches en graisses insaturées.

À ne pas faire

1. Évitez de consommer trop de calories, car les graisses sont très denses en calories.
2. Évitez de consommer trop de AGMI.

Réponse Aux Graisses Polyinsaturées



Qu'est-ce que Réponse aux graisses polyinsaturées ?

Les acides gras polyinsaturés (AGPI) sont un type de graisse qui contient plus d'une double liaison dans sa structure. Les sources riches en AGPI comprennent l'huile de sésame. D'autres sources comprennent des graines telles que les noix et les graines de lin. Les AGPI à température ambiante sont des liquides. Les AGPI peuvent aider à réduire les taux de cholestérol LDL dans le sang, ce qui peut par la suite réduire le risque de maladie cardiaque et d'accident vasculaire cérébral. Les huiles riches en graisses polyinsaturées apportent également de la vitamine E, une vitamine antioxydante qui maintient le corps en bonne santé en protégeant les cellules des dommages. Il existe deux principaux types d'AGPI, les acides gras oméga-3 et oméga-6. Les AGPI oméga-3 sont anti-inflammatoires et présents dans les poissons gras, les crustacés, le foie et certaines graines comme les graines de lin. Les aliments riches en oméga-6 sont majoritairement présents dans les graisses animales. Le rapport idéal entre oméga-6 et oméga-3 se situe autour de 2:1 à 4:1, mais les régimes alimentaires modernes contiennent des ratios allant de 15:1 à même 25:1, ce qui conduit à un besoin alimentaire considérablement accru en apport en oméga-3. pour la plupart des individus. Les variations génétiques peuvent influencer les besoins alimentaires en AGPI oméga-3.

5.8



Réponse aux graisses
polyinsaturées

Interprétation

Selon votre génotype, votre réponse aux acides gras polyinsaturés (AGPI) est typique. Les personnes possédant un tel génotype présentent généralement une réponse typique à l'apport d'AGPI oméga 3 en termes de bienfaits pour la santé.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: APOA4

Votre Génotype: AG

Les variations du gène APOA4 ont tendance à avoir une influence sur la taille des particules des lipoprotéines de basse densité et sur leur propension aux modifications oxydatives en réponse au régime alimentaire. Ainsi, des variantes du gène APOA4 pourraient modifier la concentration plasmatique de cholestérol LDL suite à un apport en graisses alimentaires.

Nom Du Gène: CETP

Votre Génotype: TT

Le gène CETP code pour une protéine impliquée dans le transfert de l'ester de cholestérol des lipoprotéines de haute densité (HDL) vers d'autres lipoprotéines. Les variations du gène CETP peuvent influencer les réponses des lipides (graisses) et des lipoprotéines aux modifications du rapport entre les acides gras polyinsaturés et saturés dans l'alimentation.

Nom Du Gène: FADS1

Votre Génotype: GG, TT

Ce gène code pour l'enzyme désaturase des acides gras 1 ($\Delta 5$ désaturase) qui catalyse la conversion des acides gras parents oméga-3 et oméga-6, à savoir l'acide alpha-linolénique (ALA) et l'acide linoléique (LA) en leurs dérivés à chaîne plus longue (acide eicosapentaénoïque ou EPA et acide docosahexaénoïque ou DHA de l'ALA et acide arachidonique ou AA de LA). L'activité désaturase peut affecter les réponses vasculaires à une lésion inflammatoire en modifiant la disponibilité des précurseurs des eicosanoïdes. Les personnes ayant une plus grande activité désaturase peuvent avoir un risque plus élevé de maladie vasculaire, en raison des niveaux accrus d'AA. Bien que les niveaux d'EPA soient également augmentés chez ces individus, le n-6 alimentaire est plusieurs fois plus élevé que le n-3. Par conséquent, chez ces individus, la prédisposition à la coronaropathie athéroscléreuse est principalement due à une augmentation des taux d'AA.

Nom Du Gène: APOC3

Votre Génotype: CG

Le gène APOC3 code pour une protéine, l'apolipoprotéine C-3 (APOC3), qui est un composant des lipoprotéines de très basse densité (VLDL). Ce gène joue un rôle dans l'inhibition des activités des protéines nécessaires à l'hydrolyse des triglycérides et influence donc les taux de triglycérides circulants. Par conséquent, une augmentation du niveau d'APOC3 peut augmenter le risque d'hypertriglycéridémie et inhiber l'absorption hépatique des particules riches en triglycérides, ce qui peut entraîner une dégradation altérée des triglycérides.

Nom Du Gène: APOA5

Votre Génotype: AG, TT

Le gène APOA5 code pour une protéine, l'apolipoprotéine A-5 (APOA5), qui est un composant majeur des VLDL (lipoprotéine de très basse densité), des chylomicrons et des HDL (lipoprotéine de haute densité). APOA5 fonctionne comme un activateur d'une enzyme clé dans le catabolisme des triglycérides, inhibe la production et l'assemblage des particules VLDL dans le foie et accélère l'absorption des restes de lipoprotéines dans le foie. Certaines variantes de ce gène sont associées à des concentrations plus élevées de triglycérides à jeun chez les personnes consommant un régime riche en acides gras polyinsaturés n-6 (AGPI).

Nom Du Gène: ADIPOQ

Votre Génotype: TT

Le gène ADIPOQ code pour une protéine, l'adiponectine, qui est une protéine plasmatique sécrétée par le tissu adipeux viscéral. L'adiponectine augmente la sensibilité à l'insuline et l'oxydation des graisses tissulaires, entraînant une réduction des niveaux d'acides gras circulants. Par conséquent, des variantes du gène ADIPOQ peuvent influencer les taux sériques de cholestérol et de lipoprotéines de basse densité (LDL), ainsi que les taux sériques de lipides ; ces facteurs dépendent en outre de la composition des acides gras alimentaires.

Nom Du Gène: SREBP1C

Votre Génotype: CC, AA, AA, CC

La protéine de liaison aux éléments régulateurs des stérols-1c (SREBP1C) est un facteur de transcription impliqué dans la régulation du métabolisme des lipides et du glucose et dans l'homéostasie des stérols dans les cellules. L'expression de SREBP1C est régulée par des stimuli nutritionnels tels que les acides gras polyinsaturés, le glucose et l'adénosine monophosphate cyclique. L'insuline régule également positivement l'expression du gène SREBP1C du muscle squelettique, augmentant ainsi l'expression des gènes des enzymes glycolytiques et lipogéniques. Il a été démontré que l'expression de SREBF-1 est réduite en cas d'obésité et de DT2 chez l'homme.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Remplacez les sources riches en graisses saturées par des sources riches en graisses insaturées.
2. Consommez des AGPI oméga-3 pour maintenir un rapport sain entre l'apport en AGPI oméga-3 et oméga-6.

À ne pas faire

1. Évitez de consommer trop de calories, car les graisses sont très denses en calories.

Réponse À La Fibre



Qu'est-ce que Réponse à la fibre ?

Les fibres alimentaires sont un type de glucides qui ne peuvent pas être digérés par l'organisme. Le rôle principal des fibres alimentaires est la fonction intestinale. Les fibres alimentaires, en particulier les fibres insolubles, aident à prévenir la constipation en augmentant le poids des selles et en réduisant le temps de transit des selles dans l'intestin. Cela contribue également à réduire les risques de maladies cardiaques et de diabète. Les aliments à base de fibres retiennent l'eau dans l'intestin, ce qui aide à se sentir rassasié, contrôlant ainsi l'apport calorique excessif, ce qui réduit le risque de développer l'obésité. On le trouve couramment dans les fruits, les légumes, les légumineuses et les grains entiers. Les variations génétiques peuvent influencer l'ampleur des avantages qu'une augmentation de l'apport en fibres peut avoir sur le contrôle du poids.

6.0



Réponse à la fibre

Interprétation

Selon votre génotype, votre réponse fibreuse est typique. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à présenter des avantages typiques en termes de perte de graisse avec un apport accru en fibres.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: FTO

Votre Génotype: AT

Le gène FTO est fortement associé à des pathologies telles que l'obésité et le diabète de type II. Des études ont montré que les personnes présentant certaines variations du gène FTO obtiennent des résultats bénéfiques avec un apport accru en fibres ; les variations peuvent également être associées à une diminution de l'indice de masse corporelle (IMC) et à l'obésité en réponse à un apport élevé en fibres et à une activité physique.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Incluez des aliments riches en fibres dans votre alimentation.
2. Augmenter la consommation d'eau ainsi que l'apport accru de fibres.

À ne pas faire

1. Évitez de consommer trop de fibres car cela peut entraîner des ballonnements, des gaz, de la diarrhée et/ou de la constipation.

Réponse Aux Glucides



Qu'est-ce que Réponse aux glucides ?

Les glucides sont des macronutriments importants et la principale source d'énergie et de calories pour le corps. Les glucides sont principalement divisés en groupes de glucides simples et de glucides complexes. Les glucides simples sont rapidement décomposés et absorbés par l'organisme, ce qui entraîne une augmentation du taux de sucre dans le sang et de la sécrétion d'insuline. Une consommation accrue de glucides simples tels que la farine raffinée, le sucre de table, les sirops et les boissons aux fruits pourrait augmenter le risque de développer un diabète et une obésité. Les glucides complexes, en raison de leur structure complexe, ne peuvent pas être rapidement décomposés, provoquant une libération lente et soutenue de sucre et d'insuline dans le sang. Les sources de glucides complexes comprennent l'avoine, le quinoa, le riz brun, l'orge et les légumineuses. Les variations génétiques peuvent influencer le risque de développer une résistance à l'insuline et une obésité en réponse à la consommation de glucides.

Interprétation

3.7



Réponse aux glucides

Selon votre génotype, votre réponse glucidique est bonne. Les personnes présentant un tel profil génétique ont tendance à métaboliser efficacement les glucides, ce qui réduit leur risque de développer une résistance à l'insuline et une obésité en réponse à la consommation de glucides. Cependant, une consommation excessive de glucides doit être évitée car elle peut entraîner un apport énergétique excessif et donc une prise de poids.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: ACE

Votre Génotype: AA

Le gène ACE fournit des instructions pour fabriquer l'enzyme de conversion de l'angiotensine. Le système rénine-angiotensine (RAS); est impliqué dans la plupart des processus pathologiques conduisant à la pathogenèse du diabète. L'angiotensine II (Ang II) est le peptide majeur du RAS et se forme sous l'action de l'enzyme de conversion de l'angiotensine (ACE). L'Ang II présente une activité accrue dans des conditions de glucose élevé. Une activité plus élevée de l'enzyme ACE pendant une longue période a été impliquée dans la résistance à l'insuline et dans la pathogenèse du diabète de type 2.

Nom Du Gène: MMAB

Votre Génotype: CG

Le gène MMAB code pour une enzyme qui contribue à la production d'adénosylcobalamine, importante pour la dégradation du cholestérol. Le gène MMAB peut jouer un rôle dans la modulation des concentrations de HDL-C, ce qui peut affecter le risque de développer une dyslipidémie et une maladie coronarienne. L'implication du MMAB dans la synthèse du cholestérol pourrait expliquer son rôle dans l'apport en glucides.

Nom Du Gène: SREBP1C

Votre Génotype: TT, CC

La protéine de liaison aux éléments régulateurs des stérols-1c (SREBP1C) est un facteur de transcription impliqué dans la régulation du métabolisme des lipides et du glucose et dans l'homéostasie des stérols dans les cellules. L'expression de SREBP1C est régulée par des stimuli nutritionnels tels que les acides gras polyinsaturés, le glucose et l'adénosine monophosphate cyclique. L'insuline régule également positivement l'expression du gène SREBP1C du muscle squelettique, augmentant ainsi l'expression des gènes des enzymes glycolytiques et lipogéniques. Il a été démontré que l'expression de SREBF-1 est réduite en cas d'obésité et de DT2 chez l'homme.

Nom Du Gène: PPARA

Votre Génotype: GG

Le passage entre le stockage et la synthèse du glucose pendant le jeûne et l'alimentation est essentiel au maintien de la glycémie. PPARA contribue à l'adaptation du métabolisme hépatique des glucides pendant la transition jeûne-alimentation et alimentation-jeûne. Le métabolisme hépatique des glucides passe du stockage du glucose pendant l'alimentation à la production de glucose pendant le jeûne.

Nom Du Gène: PPARG

Votre Génotype: CG

Le PPAR (récepteur activé par les proliférateurs de peroxysomes) est impliqué dans la régulation de l'homéostasie des glucides et des lipides, de l'adipogenèse, du stockage des acides gras et du maintien de l'équilibre énergétique. Le gène PPARG code pour une protéine (PPAR-gamma) qui joue un rôle dans la régulation de la différenciation des cellules graisseuses, du stockage des acides gras et du métabolisme du glucose.

Nom Du Gène: TCF7L2

Votre Génotype: AT, CT, GT

Le gène TCF7L2 code pour une protéine qui influence la sécrétion d'une hormone (glucagon-like peptide-1) qui a des effets insulinothromes (stimule la sécrétion d'insuline) et joue un rôle dans la régulation de l'homéostasie de la glycémie. La digestion des glucides provoque la libération de glucose dans la circulation sanguine, ce qui déclenche la production d'insuline par les cellules β du pancréas. Les variations du gène TCF7L2 peuvent entraver la tolérance au glucose, ce qui peut être responsable d'une altération de la réactivité des cellules β et augmenter le risque de développer un diabète de type II.

Nom Du Gène: FTO

Votre Génotype: CA

L'expression du gène FTO dans l'hypothalamus est révélatrice de son rôle potentiel dans la régulation de l'homéostasie énergétique en modifiant l'appétit. Les glucides influencent divers aspects tels que le poids corporel, l'appétit et l'endocrinologie. L'apport en glucides affecte les tissus adipeux via la glycolyse (dégradation du glucose), la synthèse des triglycérides et les changements hormonaux provoqués par l'apport en glucides.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Maintenez une alimentation équilibrée. Maintenez l'apport total en glucides entre 45 % et 65 % de l'apport calorique total.
2. Augmenter la consommation de glucides à absorption lente, tout en diminuant la consommation de glucides à absorption rapide.

À ne pas faire

1. Évitez de consommer trop de malbouffe riche en calories.

Réponse Aux Protéines



Qu'est-ce que Réponse aux protéines ?

Les protéines sont un macronutriment essentiel dont l'organisme a besoin pour sa croissance et son maintien. Il agit comme un élément constitutif de toutes les cellules du corps et peut également servir de source de carburant. Décomposés en acides aminés, ils sont utilisés comme précurseurs de plusieurs autres molécules essentielles à la vie. Une alimentation riche en protéines stimule le métabolisme et réduit l'appétit. Par conséquent, la consommation de protéines provoque une sensation de satiété, diminue la consommation totale de calories et réduit l'appétit au fil du temps, ce qui facilite la perte de graisse et le maintien du poids. Les sources alimentaires de protéines comprennent à la fois les protéines animales et végétales, notamment les viandes, les produits laitiers, le poisson, les œufs, les céréales, les légumineuses et les noix. Les variations génétiques peuvent entraîner une réponse altérée à une consommation accrue de protéines en termes de maintien du poids perdu.

4.6



Réponse aux protéines

Interprétation

Selon votre génotype, votre réponse protéique est typique. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à montrer un bénéfice typique avec une ingestion accrue de protéines en termes de maintien du poids corporel perdu.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: Near ADCY3

Votre Génotype: GG

Ce gène code pour une enzyme associée à la membrane qui catalyse la formation de l'adénosine monophosphate cyclique messenger secondaire (AMPC) à partir de l'adénosine triphosphate (ATP). Il est largement exprimé dans la plupart des types de cellules, y compris le tissu adipeux, et est impliqué dans un certain nombre de processus physiologiques et physiopathologiques. Des études d'association ont montré un lien important entre le fonctionnement d'ADCY3 et la gestion du poids et le risque d'obésité.

Nom Du Gène: MTNR1B

Votre Génotype: GG

Ce gène code pour l'une des deux formes à haute affinité d'un récepteur de mélatonine, la principale hormone sécrétée par la glande pinéale. Étant donné que la mélatonine est une hormone impliquée dans l'équilibre énergétique et le statut pondéral, ce gène est impliqué dans la régulation du poids corporel.

Nom Du Gène: TFAP2B

Votre Génotype: AA

Le gène TFAP2B code pour une protéine (facteur de transcription AP-2 β) qui, en conjonction avec d'autres protéines de la famille AP-2, se lie à des régions spécifiques de l'ADN et aide à contrôler l'activité des gènes impliqués dans la stimulation de la prolifération cellulaire et dans la destruction des cellules.

Nom Du Gène: FTO

Votre Génotype: AT

Ce gène code pour une protéine nucléaire de la superfamille des oxygénases non héminiques liées à AlkB et des oxygénases dépendantes du 2-oxoglutarate. ARN déméthylase qui intervient dans la déméthylation oxydative de différentes espèces d'ARN, telles que les ARNm, les ARNt et les snRNA, et agit comme un régulateur de la masse grasse, de l'adipogenèse et de l'homéostasie énergétique.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Consommez au moins 0,8 gramme de protéines par kilogramme de poids corporel et par jour.

À ne pas faire

1. Évitez de consommer plus de 2 grammes de protéines par kilogramme de poids corporel et par jour.



Résumé de la catégorie

GESTION ET MAINTIEN DU POIDS

7.4



Capacité à maintenir la perte de poids

6.0



Tendance à prendre du poids

6.3



Absorption, métabolisme et stockage des graisses



Capacité À Maintenir La Perte De Poids



Qu'est-ce que Capacité à maintenir la perte de poids ?

Même si perdre du poids est difficile pour de nombreuses personnes, il est tout aussi difficile de le maintenir. Un nombre important de personnes qui perdent beaucoup de poids ont tendance à le reprendre 1 à 3 ans plus tard. Certaines variations génétiques peuvent influencer la capacité à maintenir le poids corporel après une perte de poids. Cela augmente l'importance de suivre un plan de nutrition saine et un programme d'exercice pour maintenir la perte de poids pour les personnes qui présentent un risque génétique plus élevé de reprendre le poids perdu.

7.4



Capacité à maintenir la
perte de poids

Interprétation

Selon votre génotype, votre capacité à maintenir une perte de poids est faible. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à être incapables de maintenir leur poids après une intervention de perte de poids.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: BDNF

Votre Génotype: GG

Le gène BDNF code pour une protéine (facteur neurotrophique dérivé du cerveau - BDNF) dont on sait qu'elle a des effets significatifs sur la prise alimentaire et le poids corporel. Il joue un rôle important dans la régulation de l'équilibre énergétique.

Nom Du Gène: ADIPOQ

Votre Génotype: GG

Le gène ADIPOQ code pour une protéine, l'adiponectine, qui est produite dans le tissu adipeux (tissu adipeux). Les variations du gène ADIPOQ peuvent influencer la production d'adiponectine, affectant ainsi l'apport énergétique et le poids corporel.

Nom Du Gène: PPARG

Votre Génotype: CG

Le PPAR (récepteur activé par les proliférateurs de peroxysomes) est impliqué dans la régulation de l'homéostasie des glucides et des lipides, de l'adipogenèse, du stockage des acides gras et du maintien de l'équilibre énergétique. Le gène PPARG code pour une protéine (PPAR-gamma) qui joue un rôle dans la régulation de la différenciation des cellules graisseuses, du stockage des acides gras et du métabolisme du glucose.

Nom Du Gène: FTO

Votre Génotype: GT

Le gène FTO est fortement associé à des pathologies telles que l'obésité et le diabète de type II. Les variations du gène FTO peuvent influencer la reprise de poids.

À faire et à ne pas faire

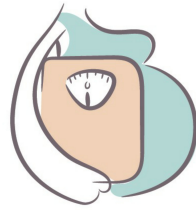
À faire

1. Maintenez un mode de vie actif avec un programme d'entraînement et un régime alimentaire durables.
2. Gérez votre apport calorique.

À ne pas faire

1. Évitez de consommer des aliments riches en calories.
2. Évitez de suivre un régime intensif pour perdre du poids.

Tendance À Prendre Du Poids



Qu'est-ce que Tendance à prendre du poids ?

La prise de poids est une augmentation du poids corporel. Cela peut inclure une augmentation de la masse musculaire, un excès de graisse ou une rétention d'eau. Habituellement, la prise de poids résulte de l'absorption de plus de calories que celles qui sont brûlées. Certaines variations génétiques peuvent influencer la capacité à prendre du poids, même si un mode de vie sain est suivi. Une prise de poids excessive peut augmenter le risque de problèmes de santé graves.

Interprétation

Selon votre génotype, vous avez une tendance typique à prendre du poids. Les personnes possédant un tel génotype constatent généralement que leur corps a une capacité typique à utiliser et à mobiliser les réserves de graisse supplémentaires comme source d'énergie. Ces personnes sont incapables d'obtenir des bénéfices en termes de perte de graisse et montrent une réponse moyenne aux stimuli externes comme l'exercice. Cependant, une consommation excessive de calories pourrait entraîner une prise de poids à long terme.

6.0



Tendance à prendre du poids

Tableau des gènes

Nom Du Gène: Near SEC16B

Votre Génotype: TC

SEC16B a été identifié pour la première fois comme une protéine améliorant l'expression du gène de la régucalcine et appelée RGPR-p117. SEC16B contrôle le processus de sécrétion en permettant l'assemblage des vésicules qui transportent les protéines et les graisses nouvellement formées hors du système membranaire qui les produit (le réticulum endoplasmique). Il est important de noter que SEC16B est nécessaire au transport des facteurs favorisant la formation de peroxysomes. Ces structures cellulaires sont impliquées dans la dégradation des acides gras. Le gène SEC16B code pour une protéine impliquée dans la sécrétion de protéines qui aident au transport et à la dégradation des graisses.

Nom Du Gène: LEP

Votre Génotype: AA, GG

Le gène LEP fournit des instructions pour fabriquer une hormone appelée leptine, qui participe à la régulation du poids corporel. Normalement, les cellules graisseuses du corps libèrent de la leptine proportionnellement à leur taille. À mesure que la graisse s'accumule dans les cellules, davantage de leptine est produite.

Nom Du Gène: MTCH2

Votre Génotype: AA

Le gène code une protéine, le transporteur mitochondrial 2. Il joue un rôle clé dans les voies métaboliques et les fonctions cellulaires. Les polymorphismes sont liés à l'obésité. MTCH2 est un régulateur conservé de l'homéostasie lipidique.

Nom Du Gène: Near KCTD15

Votre Génotype: AG

KCTD15 (Potassium Channel Tetramerization Domain Containing 15) est un gène codant pour une protéine. L'expression du gène KCTD15 régule la différenciation des adipocytes et est associée à l'obésité chez l'homme. KCTD15 joue un rôle essentiel dans la régulation de l'adipogenèse.

Nom Du Gène: SH2B1

Votre Génotype: AA

Ce gène code pour un membre de la famille des médiateurs contenant le domaine SH2. SH2B1 est un candidat sérieux pour réguler le poids corporel. SH2B1 est impliqué dans la signalisation de la leptine. SH2B1 améliore la signalisation de la leptine en stimulant l'activité JAK2 et en assemblant un complexe de signalisation JAK2/IRS1/2. SH2B1 favorise la signalisation de l'insuline en améliorant l'activité catalytique du récepteur de l'insuline et en protégeant contre la déphosphorylation des protéines IRS.

Nom Du Gène: Near NEGR1

Votre Génotype: GG

NEGR1 (Neuronal Growth Regulator 1) est un gène codant pour une protéine. C'est un gène clé de l'obésité qui a également des effets sur la structure du cerveau. Les polymorphismes de ce gène sont associés à la propension à reprendre du poids.

Nom Du Gène: Near LEP

Votre Génotype: GG

Le gène LEP fournit des instructions pour fabriquer une hormone appelée leptine, qui participe à la régulation du poids corporel. Normalement, les cellules graisseuses du corps libèrent de la leptine proportionnellement à leur taille. À mesure que la graisse s'accumule dans les cellules, davantage de leptine est produite.

Nom Du Gène: Near GNPDA2

Votre Génotype: AA

La protéine codée par ce gène est une enzyme allostérique qui catalyse la réaction réversible convertissant le D-glucosamine-6-phosphate en D-fructose-6-phosphate et en ammonium. Il a été rapporté que des variations de ce gène sont associées à une influence sur l'indice de masse corporelle et la susceptibilité à l'obésité. L'enzyme GNPDA2 est principalement active dans le cerveau et certaines recherches suggèrent qu'elle pourrait jouer un rôle dans la régulation de l'appétit. Les niveaux d'enzyme GNPDA2 dans l'hypothalamus augmentent avec la leptine.

Nom Du Gène: Near TMEM18

Votre Génotype: TC

TMEM18 joue un rôle dans le contrôle de l'équilibre énergétique chez les mammifères. TMEM18 lui-même, agissant au sein du système nerveux central, est un médiateur plausible de l'impact des variations génétiques adjacentes sur l'adiposité humaine.

Nom Du Gène: UCP2

Votre Génotype: CT, GA

UCP2 joue un rôle dans la lutte contre l'obésité induite par l'alimentation en améliorant le métabolisme des acides gras périphériques. L'un des principaux régulateurs du bilan énergétique est la protéine de découplage 2 (UCP2), une protéine transporteuse présente dans la membrane interne des mitochondries. Il a été rapporté que l'effet de l'UCP2 sur la sécrétion d'insuline s'étend à la régulation du métabolisme des graisses, directement ou indirectement, en favorisant l'oxydation des graisses.

Nom Du Gène: BDNF

Votre Génotype: GG

Le BDNF joue un rôle crucial dans le contrôle du poids corporel et de l'homéostasie énergétique. Des niveaux accrus de BDNF réduisent la consommation alimentaire et maintiennent l'équilibre énergétique. L'administration centrale et périphérique de BDNF a diminué la prise alimentaire, augmenté la dépense énergétique et amélioré l'hyperinsulinémie et l'hyperglycémie.

Nom Du Gène: ADIPOQ

Votre Génotype: GG

Le gène ADIPOQ indique aux cellules adipeuses comment fabriquer l'hormone adiponectine. Cette hormone circule dans votre sang jusqu'aux cellules musculaires et hépatiques où elle commence à brûler les graisses et à déclencher les processus d'utilisation du glucose. Ce faisant, il favorise la consommation d'énergie. Par conséquent, un taux plus élevé d'adiponectine dans le sang facilite la perte de poids et réduit le risque de diabète de type 2.

Nom Du Gène: MC4R

Votre Génotype: TT

MC4R est exprimé dans des régions du système nerveux central, notamment l'hypothalamus, le cortex cérébral, le tronc cérébral et la moelle épinière. MC4R est un composant du système leptine, qui régule l'apport énergétique avec des effecteurs neuropeptides tels que la pro-opiomélanocortine (POMC), l'hormone stimulant les mélanocytes (α -MSH) et le peptide lié à l'agouti (AGRP). Lorsque le corps est dans un état d'énergie négative, la diminution des niveaux de leptine entraîne une expression plus faible de la POMC, ce qui réduit les niveaux d' α -MSH, stimulant simultanément l'expression de l'AGRP dans les neurones orexigéniques du noyau arqué, qui est un antagoniste au niveau de l' α -MSH. MC4R. La diminution de l' α -MSH et l'augmentation de l'AGRP, ainsi que la répression soutenue du MC4R, entraînent une augmentation de la consommation alimentaire, ce qui peut provoquer l'obésité.

Nom Du Gène: FTO

Votre Génotype: AT

FTO (FTO, alpha-ketoglutarate dépendant dioxygénase) est un gène codant pour la dioxygénase qui répare l'ADN et l'ARN alkylés par déméthylation oxydative. Nécessite de l'oxygène moléculaire, de l'alpha-cétoglutarate et du fer. Contribue à la régulation du taux métabolique global, de la dépense énergétique et de l'homéostasie énergétique. Contribue à la régulation de la taille corporelle et à l'accumulation de graisse corporelle. Il participe notamment à la régulation de la thermogenèse et au contrôle de la différenciation des adipocytes en cellules graisseuses brunes ou blanches.

À faire et à ne pas faire

À faire

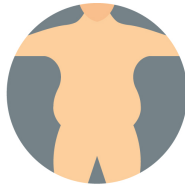
1. Maintenez un poids santé.
2. Ayez une alimentation équilibrée et faites régulièrement de l'exercice.

À ne pas faire

1. Évitez de manger des aliments transformés, riches en graisses et en sucres et riches en calories.
2. Évitez de boire trop d'alcool.

Absorption, Métabolisme Et Stockage Des Graisses

F A T S T O R A G E



Qu'est-ce que Absorption, métabolisme et stockage des graisses ?

Le corps humain a besoin de nutriments et d'un apport calorique pour maintenir ses niveaux d'énergie. Cependant, en cas d'apport calorique excessif, le corps convertit les calories excédentaires en graisse, qui est stockée sous forme de graisse corporelle. Cette graisse stockée est utilisée par le corps pour produire de l'énergie lorsque cela est nécessaire. Les variations génétiques peuvent influencer la tendance d'un individu à accumuler de la graisse corporelle lors de la consommation de certains types de graisses alimentaires. Une capacité moindre à convertir les graisses stockées en énergie et à augmenter le risque de dépôt de graisse viscérale (graisse dans l'abdomen) peut augmenter le risque de développer une obésité et d'autres conditions associées.

6.3



Absorption, métabolisme
et stockage des graisses

Interprétation

Selon votre génotype, vous avez une faible capacité à convertir efficacement les graisses stockées en production d'énergie. Un tel score est également révélateur d'un risque élevé de dépôt de graisse viscérale pouvant par la suite augmenter le risque de développer plusieurs maladies métaboliques et une sensibilité accrue à certains types de graisses.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: PLIN4

Votre Génotype: GA

Les membres de la famille des périlipines, tels que PLIN4, recouvrent les gouttelettes de stockage lipidique intracellulaire. À l'état basal, la périlipine 4 est localisée dans tout le cytoplasme des adipocytes, mais lorsqu'elle est stimulée par l'insuline et l'acide oléique, des gouttelettes lipidiques recouvertes de périlipine 4 se forment et se déplacent vers la périphérie de l'adipocyte.

Nom Du Gène: PLIN1

Votre Génotype: GA

La protéine codée par ce gène recouvre les gouttelettes de stockage lipidiques dans les adipocytes, les protégeant ainsi jusqu'à ce qu'elles puissent être décomposées par la lipase hormono-sensible. Le rôle de la périlipine 1 dans le métabolisme énergétique et la dérégulation se concentre sur sa capacité à contrôler l'accès aux réserves de triglycérides adipocytaires qui alimentent la plupart des tissus en carburant. En fonction de l'état énergétique de l'organisme, la périlipine 1 limite l'accès de la lipase aux triglycérides stockés (à l'état nourri) ou facilite la lipolyse stimulée par les hormones (à jeun).

Nom Du Gène: APOA5

Votre Génotype: TC, GG, AG, TT, GG

APOA5 (Apolipoprotéine A5) est un gène codant pour une protéine. La protéine codée par ce gène est une apolipoprotéine qui joue un rôle important dans la régulation des taux plasmatiques de triglycérides, un facteur de risque majeur de maladie coronarienne. C'est un composant des lipoprotéines de haute densité et est très similaire à une protéine de rat qui est régulée positivement en réponse à une lésion hépatique. Des mutations de ce gène ont été associées à une hypertriglycéridémie et à une hyperlipoprotéïnémie de type 5.

Nom Du Gène: ADRB2

Votre Génotype: AG, CC

Il a été démontré qu'une variation du gène ADRB2 modifie les propriétés structurales d'une protéine, ce qui pourrait éventuellement affecter la lipolyse (la dégradation des graisses pour libérer des acides gras).

Nom Du Gène: APOA2

Votre Génotype: TT

Le gène APOA2 code pour une protéine, l'apolipoprotéine (apo-) A-II, qui est la deuxième protéine la plus abondante parmi les particules de lipoprotéines de haute densité. Les graisses saturées peuvent stimuler la production d'APOA2 dans la phase postprandiale (après avoir mangé un repas). Certaines variations du gène peuvent entraîner un niveau plus élevé d'hypertriglycéridémie postprandiale (augmentation du taux de triglycérides) dans le sang.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Adonnez-vous à des activités physiques régulières. Au moins 30 minutes d'exercice d'intensité modérée par jour peuvent aider à perdre de la graisse abdominale et à contrôler son poids.
2. L'entraînement en force peut aider à réduire la graisse abdominale.
3. Adoptez une alimentation saine et mettez l'accent sur le contrôle des portions.
4. Incluez des glucides plus complexes comme les grains entiers et les légumes que les glucides simples comme le pain blanc. Choisissez des graisses plus saines que les graisses saturées et les graisses trans dans votre alimentation.
5. Reposez-vous et dormez suffisamment.

À ne pas faire

1. Limitez strictement votre consommation de sucre et évitez tout sucre ajouté dans votre alimentation.
2. Évitez les gras trans dans votre alimentation.
3. Évitez la consommation excessive d'alcool.
4. Évitez le stress. Adonnez-vous à des passe-temps productifs ou pratiquez des techniques de relaxation pour réduire les niveaux de stress.



Résumé de la catégorie

BESOINS EN MICRONUTRIMENTS

7.0



Métabolisme du lycopène

7.6



Métabolisme de la vitamine A

7.8



Métabolisme de la vitamine D

8.2



Métabolisme de la choline

7.9



Métabolisme du sélénium

6.4



Métabolisme du calcium

6.0



Métabolisme du cuivre

6.5



Métabolisme de la vitamine K

7.0



Métabolisme des phosphates

6.6



Métabolisme antioxydant

6.5



Métabolisme du fer

5.9



Métabolisme de la vitamine B12

6.3



Métabolisme de la vitamine B6

5.3



Métabolisme du magnésium

5.5



Métabolisme de la vitamine C



5.8



Métabolisme de la vitamine E

3.7



Niveaux de coenzyme Q10

4.5



Métabolisme de la vitamine B9

4.8



Métabolisme du zinc

5.0



Métabolisme du manganèse



Métabolisme Du Lycopène



Qu'est-ce que Métabolisme du lycopène ?

Le lycopène est un pigment caroténoïde naturel qui donne une couleur rouge à certains légumes comme les tomates, la pastèque, etc. C'est un puissant antioxydant qui protège les protéines, les lipides et l'ADN de notre organisme contre l'oxydation, grâce à son effet de réduction des radicaux libres. Il s'est également avéré efficace pour réduire le risque de certains types de cancer. Les variations génétiques peuvent influencer les taux sériques de lycopène, influençant ainsi les besoins alimentaires de celui-ci.

7.0



Métabolisme du lycopène

Interprétation

Votre génétique indique que votre métabolisme du lycopène est médiocre. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir un risque élevé de développer de faibles taux sériques de lycopène.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: SETD7

Votre Génotype: AC

Les lysine méthyltransférases sont des enzymes qui catalysent le transfert de groupes méthyle de la S-adénosylméthionine (SAM) vers les résidus lysine des histones, en particulier les histones H3 et H4. La dérégulation de cette méthylation est essentielle au développement du cancer.

Nom Du Gène: SCARB1

Votre Génotype: GT

La protéine codée par ce gène est un récepteur membranaire plasmique du cholestérol des lipoprotéines de haute densité (HDL). La protéine codée assure le transfert du cholestérol vers et depuis les HDL. De plus, cette protéine est un récepteur de la glycoprotéine E2 du virus de l'hépatite C.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Consommez des sources riches en lycopène telles que la tomate, la goyave, la papaye, les poivrons rouges et le pamplemousse dans votre alimentation.
2. Le lycopène est un composé liposoluble, donc manger des aliments riches en lycopène contenant des sources de graisses augmente la biodisponibilité du lycopène.

À ne pas faire

1. Évitez de vous soigner vous-même avec des suppléments sans consulter un médecin.
2. Une chaleur et une lumière excessives peuvent détruire la teneur en lycopène des aliments, évitez donc une cuisson excessive de ces aliments riches en lycopène.

Métabolisme De La Vitamine A

VITAMIN A METABOLISM



Qu'est-ce que Métabolisme de la vitamine A ?

La vitamine A est un groupe de composés organiques nutritionnels qui jouent un rôle primordial dans le processus de vision. Il joue également un rôle important dans la fonction immunitaire du corps et dans le maintien de la santé de la peau. Les sources animales comme les abats, le poisson et les produits laitiers fournissent de la vitamine A sous forme de rétinol ou d'acide rétinoïque, tandis que les sources végétales comme les carottes, les patates douces, les épinards, le chou frisé et les cantaloups fournissent le précurseur de la vitamine A sous forme de carotènes, qui sont convertis en rétinol à l'intérieur du corps. Certains symptômes liés à une carence en vitamine A comprennent la cécité nocturne, l'acné ou la peau sèche. Un excès de vitamine A dans le corps peut entraîner des douleurs abdominales, des douleurs musculaires, des nausées, des vomissements et de la diarrhée. Les variations génétiques peuvent affecter le processus de conversion du bêta-carotène en rétinol, influençant ainsi les besoins alimentaires en vitamine A.

7.6



Métabolisme de la
vitamine A

Interprétation

Selon votre génotype, votre métabolisme de la vitamine A est médiocre. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir une capacité réduite à métaboliser la vitamine A, augmentant ainsi leur risque de carence en vitamine A.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: Near BCMO1

Votre Génotype: GG, GG

La protéine codée par ce gène est une enzyme clé dans le métabolisme du bêta-carotène en vitamine A. Elle catalyse le clivage oxydatif du bêta-carotène en deux molécules rétiniques. Le métabolisme de la vitamine A est important pour des processus vitaux tels que la vision, le développement embryonnaire, la différenciation cellulaire et la protection des membranes et de la peau.

Nom Du Gène: BCMO1

Votre Génotype: AA, CT, AA

La protéine codée par ce gène est une enzyme clé dans le métabolisme du bêta-carotène en vitamine A. Elle catalyse le clivage oxydatif du bêta-carotène en deux molécules rétiniques. Le métabolisme de la vitamine A est important pour des processus vitaux tels que la vision, le développement embryonnaire, la différenciation cellulaire et la protection des membranes et de la peau.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Consommez une alimentation équilibrée.
2. Incluez des aliments riches en vitamine A dans votre alimentation.

À ne pas faire

1. Évitez de vous soigner vous-même avec des suppléments sans consulter un médecin.

Métabolisme De La Vitamine D

VITAMIN D METABOLISM



Qu'est-ce que Métabolisme de la vitamine D ?

La vitamine D est une vitamine liposoluble synthétisée lors de l'exposition de la peau au soleil. La vitamine D joue un rôle important dans la régulation des niveaux de calcium dans le sang, jouant ainsi un rôle important dans le maintien de la santé des os. La carence en vitamine D a été associée au rachitisme (faiblesse osseuse et musculaire). Cela entraîne également des troubles cognitifs chez les personnes âgées. Un excès de vitamine D dans l'organisme est associé à des taux élevés de calcium dans le sang, ce qui, à court terme, pourrait entraîner des nausées, des vomissements et un manque d'appétit. Les sources alimentaires de vitamine D comprennent le thon, le saumon, les jaunes d'œufs, le fromage et les épinards. Cependant, les sources alimentaires ne contiennent qu'un très faible pourcentage des besoins quotidiens en vitamine D, ce qui fait du soleil la principale source de vitamine D. Les variations génétiques peuvent influencer le métabolisme de la vitamine D, influençant ainsi le risque de développer une carence en vitamine D.

7.8



Métabolisme de la
vitamine D

Interprétation

Selon votre génotype, votre métabolisme de la vitamine D est médiocre. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir une capacité réduite à métaboliser la vitamine D. Elles courent donc un risque élevé de développer une carence en vitamine D.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: CYP2R1

Votre Génotype: AG

Le gène CYP2R1 fournit des instructions pour fabriquer une enzyme appelée 25-hydroxylase. Cette enzyme effectue la première des deux réactions pour convertir la vitamine D en sa forme active, la 1,25-dihydroxyvitamine D3, également connue sous le nom de calcitriol. La vitamine D peut être obtenue à partir des aliments contenus dans l'alimentation ou peut être produite par l'organisme à l'aide de l'exposition au soleil. Lorsqu'elle est active, cette vitamine participe au maintien du bon équilibre de plusieurs minéraux de l'organisme, dont le calcium et le phosphate, essentiels à la formation normale des os et des dents. L'un des rôles majeurs de la vitamine D est de contrôler l'absorption du calcium et du phosphate des intestins vers la circulation sanguine. La vitamine D est également impliquée dans plusieurs processus sans rapport avec la formation des os et des dents.

Nom Du Gène: Near DHCR7

Votre Génotype: GG

Le gène DHCR7 fournit des instructions pour fabriquer une enzyme appelée 7-déhydrocholestérol réductase. Cette enzyme est responsable de l'étape finale de la production de cholestérol dans de nombreux types de cellules. Plus précisément, la 7-déhydrocholestérol réductase convertit une molécule appelée 7-déhydrocholestérol en cholestérol.

Nom Du Gène: GC

Votre Génotype: CC

Le gène GC code pour la protéine de liaison à la vitamine D (DBP) qui appartient à la famille des gènes de l'albumine. La protéine codée a de multiples fonctions et se trouve dans le plasma, le liquide ascitique, le liquide céphalo-rachidien et à la surface de nombreux types de cellules. La protéine se lie à la vitamine D et à ses métabolites plasmatiques et les transporte vers les tissus cibles.

Nom Du Gène: VDR

Votre Génotype: TT, CA, GG, TT

La vitamine D peut être acquise par l'alimentation ou produite par l'organisme à l'aide de l'exposition au soleil. Le gène VDR code pour la protéine du récepteur de la vitamine D (VDR) qui joue un rôle dans la réponse de l'organisme à la vitamine D. Il se lie au calcitriol, la forme active de la vitamine D, conduisant à la formation d'une protéine appelée récepteur X des rétinoïdes. Le complexe résultant se lie aux éléments de réponse à la vitamine D (régions spécifiques de l'ADN) et influence ainsi l'activité des gènes sensibles à la vitamine D.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Exposez-vous au soleil car c'est la principale source de vitamine D.

À ne pas faire

1. Évitez de vous soigner vous-même avec des suppléments sans consulter un médecin.

Métabolisme De La Choline

CHOLINE METABOLISM



Qu'est-ce que Métabolisme de la choline ?

La choline est un nutriment essentiel présent naturellement dans les aliments. Il est également ajouté comme composant enrichi dans les compléments alimentaires. Le corps a besoin de choline pour l'intégrité structurelle des membranes cellulaires, la synthèse des neurotransmetteurs, le développement du cerveau et de la mémoire chez le fœtus, le transport des lipides et le métabolisme des groupes méthyles. La carence en choline a été associée à des lésions musculaires et hépatiques, à des anomalies du tube neural, aux maladies cardiovasculaires, au cancer, au déclin cognitif et aux fractures osseuses. Les femmes enceintes courent un plus grand risque de carence en choline. Les sources alimentaires riches en choline comprennent le foie, les jaunes d'œufs, le poulet, le poisson, les légumes crucifères, les haricots, les noix et les grains entiers. Les variations génétiques peuvent influencer le métabolisme de la choline.

8.2



Métabolisme de la
choline

Interprétation

Selon votre génotype, votre métabolisme de la choline est très faible. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à être inefficaces pour métaboliser la choline, augmentant ainsi leur risque de carence en choline.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: CHKA

Votre Génotype: AC

La principale voie de biosynthèse de la phosphatidylcholine se fait via la voie CDP-choline. La protéine codée par ce gène est l'enzyme initiale de la séquence et peut jouer un rôle régulateur. La protéine codée catalyse également la phosphorylation de l'éthanolamine. Le gène CHKA code pour l'enzyme choline kinase alpha, qui est impliquée dans la voie des réactions qui convertissent la choline en phosphatidylcholine (nécessaire aux membranes cellulaires). Les porteurs de la variante sont plus susceptibles d'avoir besoin de choline alimentaire car ils ne convertissent pas très bien les protéines alimentaires (méthionine) en choline.

Nom Du Gène: PEMT

Votre Génotype: CC

Le gène PEMT code pour l'enzyme phosphatidyléthanolamine N-méthyltransférase. PEMT est impliqué dans la méthylation de la phosphatidyléthanolamine en utilisant la S-adénosylméthionine comme donneur de méthyle pour produire de la phosphatidylcholine et de la S-adénosylhomocystéine. La voie PEMT est responsable de la production par l'organisme de phosphatidylcholine, qui fait partie de la bicouche phospholipidique constituant les membranes entourant nos cellules. L'enzyme PEMT est essentielle à la capacité du corps à créer de la choline. Les variantes génétiques qui diminuent la fonction de l'enzyme entraînent une plus grande dépendance à l'égard de la choline provenant de sources alimentaires.

Nom Du Gène: MTHFD1

Votre Génotype: GA

Le gène MTHFD1 code pour l'enzyme appelée méthylènetétrahydrofolate déshydrogénase, cyclohydrolase et formyltétrahydrofolate synthétase 1. Il joue un rôle indirect dans le métabolisme de l'homocystéine et de la choline. Il fournit du 5,10-méthylènetétrahydrofolate (THF) en en canalisant une partie pour le métabolisme de l'homocystéine.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Consommez une alimentation équilibrée.
2. Incluez des aliments riches en choline dans votre alimentation.

À ne pas faire

1. Évitez de vous soigner vous-même avec des suppléments sans consulter un médecin.

Métabolisme Du Sélénium

SELENIUM METABOLISM



Qu'est-ce que Métabolisme du sélénium ?

Le sélénium est un oligo-élément naturellement présent dans plusieurs aliments ; il est également ajouté comme composant enrichi dans les suppléments. Le sélénium joue un rôle important dans de nombreux processus corporels tels que la protection contre le stress oxydatif, le métabolisme des hormones thyroïdiennes, la synthèse de l'ADN et les processus de reproduction. Les symptômes d'une carence en sélénium comprennent l'infertilité, la faiblesse musculaire, la fatigue et un système immunitaire affaibli, tandis qu'un excès de sélénium peut provoquer des troubles gastro-intestinaux et une perte de cheveux. Les sources alimentaires de sélénium comprennent les noix du Brésil, les fruits de mer comme le thon et les huîtres, les champignons et les œufs. Les variations génétiques peuvent avoir une influence sur les taux sériques de sélénium, influençant ainsi les besoins alimentaires.

Interprétation

7.9



Métabolisme du sélénium

Selon votre génotype, votre métabolisme du sélénium est médiocre. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir une capacité réduite à métaboliser le sélénium, augmentant ainsi leur risque de développer une carence en sélénium.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: SEP15

Votre Génotype: CC

Ce gène code pour une sélénoprotéine, qui contient un résidu sélénocystéine (Sec) sur son site actif. La sélénocystéine est codée par le codon UGA qui signale normalement la fin de la traduction. L'UTR 3' des gènes de sélénoprotéine a une structure tige-boucle commune, la séquence d'insertion sec (SECIS), qui est nécessaire à la reconnaissance de l'UGA en tant que codon Sec plutôt qu'en tant que signal d'arrêt. Des études chez la souris suggèrent que cette sélénoprotéine pourrait avoir une fonction rédox et pourrait être impliquée dans le contrôle de la qualité du repliement des protéines. La régulation de ce gène repose sur le statut en sélénium de l'individu ainsi que sur les conditions de stress cellulaire. Les effets protecteurs du sélénium sont obtenus grâce à l'expression régulatrice des sélénoprotéines.

Nom Du Gène: CBS**Votre Génotype:** TT

Le gène CBS code pour la fabrication d'une enzyme appelée cystathionine bêta-synthase. Cette enzyme est impliquée dans une voie chimique responsable de l'utilisation de la vitamine B6 pour convertir les éléments constitutifs des protéines (acides aminés) appelées homocystéine et sérine en une molécule appelée cystathionine. L'enzyme CBS est connue pour être impliquée dans la voie de la transsulfuration. Cette voie est importante pour l'élimination de l'homocystéine. Une voie TS altérée entraîne des niveaux élevés d'homocystéine, modifiant à leur tour le cycle de la méthionine et la production de S-adénosylméthionine (SAM). SAM agit comme principal donneur de méthyle pour les réactions de méthylation, y compris celles nécessaires à l'excrétion du sélénium. L'altération de la voie TS altère le rôle du glutathion dans le métabolisme du sélénite, contribuant ainsi à la variation des niveaux de sélénium.

Nom Du Gène: GPX1**Votre Génotype:** TT, CC

La protéine codée par ce gène appartient à la famille des glutathion peroxydase, dont les membres catalysent la réduction des hydroperoxydes organiques et du peroxyde d'hydrogène (H_2O_2) par le glutathion, et protègent ainsi les cellules contre les dommages oxydatifs. Une fonction majeure du Se est son rôle dans la défense contre le stress oxydatif en tant que composant des enzymes glutathion peroxydase (GPx). D'autres sélénoprotéines ayant une fonction oxydoréductase sont la famille d'enzymes Thioredoxin Reductase. Ces enzymes font partie du système rédox cellulaire majeur des disulfures. La sélénoprotéine P (SePP) est une autre sélénoenzyme importante qui peut avoir une fonction antioxydante, en plus de sa fonction majeure de transporteur de Se vers les tissus.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Consommez une alimentation équilibrée.
2. Incluez des aliments riches en sélénium dans votre alimentation.

À ne pas faire

1. Évitez de vous soigner vous-même avec des suppléments sans consulter un médecin.

Métabolisme Du Calcium

CALCIUM METABOLISM



Qu'est-ce que Métabolisme du calcium ?

Le calcium est le minéral le plus abondant dans l'organisme, présent à plus de 90 % dans les os et les dents. Le calcium est également important pour le bon fonctionnement de la glande thyroïde. Le calcium est absorbé par l'organisme sous forme de sels de phosphate et il est crucial pour la régulation de la contraction musculaire et du fonctionnement cardiaque. Les niveaux de calcium dans le sang jouent également un rôle important dans la production de facteurs de coagulation et dans la transmission de l'influx nerveux. Compte tenu de sa multitude de fonctions dans le corps humain, une carence en calcium peut entraîner des problèmes tels que l'ostéoporose, l'ostéopénie et des crampes musculaires. Un apport excessif en calcium peut provoquer de la constipation, une augmentation de la soif ou de la miction, des nausées, des vomissements et des calculs rénaux. Les aliments riches en calcium comprennent tous les produits laitiers, les amandes, le brocoli, le chou, le soja, le tofu, le saumon et les sardines. Les variations génétiques peuvent entraîner une absorption anormale du calcium dans l'organisme.

6.4



Métabolisme du calcium

Interprétation

Selon votre génotype, votre métabolisme du calcium est médiocre. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir un risque élevé de développer des taux élevés de calcium sérique.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: CYP24A1

Votre Génotype: GA

Le CYP24A1 code pour une enzyme du cytochrome P450 qui hydroxyle le 1,25-(OH)₂D en métabolites ciblés pour la dégradation et semble être l'un des régulateurs centraux du métabolisme du 1,25-(OH)₂-D. Le CYP24A1 est hautement régulé par son propre substrat 1,25(OH)₂-D, ainsi que par la PTH, le phosphate sérique et le facteur de croissance des fibroblastes-23 (FGF-23).

Nom Du Gène: DGKD

Votre Génotype: GG

DGKD code pour la diacylglycérol kinase delta, un membre de la famille des enzymes diacylglycérol kinase (DGK). L'épissage alternatif du gène DGKD donne lieu à deux isoformes, qui diffèrent par leurs profils d'expression et leurs mécanismes de régulation. Les DGK jouent un rôle important dans la transduction du signal en modulant l'équilibre entre le diacylglycérol (DAG) et l'acide phosphatidique (PA), seconds messagers importants dans les cascades de signalisation. Des découvertes récentes suggèrent que le DAG est impliqué dans la signalisation du calcium dans les cellules parathyroïdiennes. La signalisation CASR influence les niveaux de DAG intracellulaires dans les cardiomyocytes.

Nom Du Gène: Near GATA3

Votre Génotype: CC

GATA3 appartient à une famille de facteurs de transcription à doigts de zinc impliqués dans le développement embryonnaire des vertébrés. De plus, GATA3 est également exprimé dans les parathyroïdes, l'oreille interne et les reins en développement. GATA3 est impliqué dans les troubles monogéniques de l'équilibre calcique.

Nom Du Gène: Near DGKH

Votre Génotype: GG

Ce gène code pour un membre de la famille des enzymes diacylglycérol kinase (DGK). Les membres de cette famille sont impliqués dans la régulation des concentrations intracellulaires de diacylglycérol et d'acide phosphatidique.

Nom Du Gène: CASR

Votre Génotype: AG, GT

Le gène CASR code pour une protéine (récepteur sensible au calcium - CaSR), abondante dans les cellules des glandes parathyroïdes et des tubules rénaux des reins. L'hormone parathyroïdienne produite par les glandes parathyroïdes contribue à augmenter les taux de calcium dans le sang. La liaison d'une grande quantité de calcium à la protéine CaSR peut bloquer la production d'hormone parathyroïdienne, empêchant ainsi la libération de davantage de calcium dans le sang.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Maintenez une alimentation équilibrée.

À ne pas faire

1. Évitez de vous soigner vous-même avec des suppléments sans consulter un médecin.

Métabolisme Du Cuivre



Qu'est-ce que Métabolisme du cuivre ?

Le cuivre est un minéral essentiel nécessaire à la production de globules rouges, au maintien de l'intégrité des cellules nerveuses et à la régulation du système immunitaire ; il joue également un rôle dans l'absorption du fer et la formation de collagène. Les principaux sites de stockage du cuivre dans l'organisme sont le foie, le cerveau, les reins et les muscles squelettiques. L'excès, ainsi que la carence en cuivre, ont été associés à des déficiences du système nerveux, des lésions du foie et du système cardiovasculaire. La génétique est un facteur crucial dans la détermination de la capacité innée d'un individu à métaboliser et à absorber le cuivre dans l'organisme.

6.0



Métabolisme du cuivre

Interprétation

Selon votre génotype, votre métabolisme du cuivre est typique. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir une efficacité typique pour le métabolisme du cuivre.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: SELENBP1

Votre Génotype: TT

Ce gène code pour un membre de la famille des protéines liant le sélénium. Les protéines liant le sélénium sont connues pour présenter de puissantes propriétés anticancérigènes. La diminution de l'expression de ces protéines liant le sélénium a été impliquée dans plusieurs types de cancer. L'absorption cellulaire du cuivre dans les érythrocytes se fait principalement via des sites de transcription améliorée dans les gènes voisins. Un état nutritionnel adéquat en cuivre est nécessaire au bon métabolisme du fer, lui-même nécessaire au développement de l'érythropoïèse.

Nom Du Gène: SMIM1

Votre Génotype: AA

Ce gène code pour une petite protéine conservée connue pour être impliquée dans la formation des globules rouges. La protéine codée est localisée dans la membrane cellulaire et agit comme un antigène pour un groupe sanguin, impliqué dans les réactions transfusionnelles (groupe sanguin Vel). Le cuivre a été impliqué dans l'érythropoïèse. Plusieurs enzymes contenant du cuivre ont la capacité d'oxyder le fer ferreux en fer ferrique. Le fer ferrique se combine avec la protéine transferrine pour le transfert du fer vers le site de formation des globules rouges. Un état nutritionnel adéquat en cuivre est nécessaire au bon métabolisme du fer. Par conséquent, SMIM1 pourrait être impliqué dans le transport du cuivre, soit en tant que principal transporté, soit en tant que cofacteur d'autres transporteurs connus.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Consommez une alimentation équilibrée.
2. Incluez des aliments riches en cuivre dans votre alimentation.

À ne pas faire

1. Évitez de vous soigner vous-même avec des suppléments sans consulter un médecin.

Métabolisme De La Vitamine K

VITAMIN K METABOLISM



Qu'est-ce que Métabolisme de la vitamine K ?

La vitamine K est un groupe de composés organiques liposolubles. La vitamine K est essentielle à des processus importants tels que la coagulation sanguine et la minéralisation osseuse. Par conséquent, une carence en vitamine K peut provoquer des symptômes tels que des saignements excessifs, des ecchymoses faciles et une prédisposition accrue à l'ostéoporose. Les variations génétiques peuvent influencer des processus qui finissent par affecter les besoins alimentaires en vitamine K. Deux formes actives de vitamine K sont la phylloquinone et la ménaquinone. Les sources alimentaires riches en phylloquinone comprennent les légumes verts comme les épinards, le brocoli et la laitue iceberg. La viande, les produits laitiers et les aliments fermentés contiennent de plus grandes quantités de ménaquinone.

6.5



Métabolisme de la
vitamine K

Interprétation

Selon votre génotype, votre métabolisme de la vitamine K est médiocre. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir une capacité réduite à métaboliser la vitamine K, augmentant ainsi leur risque de développer une carence en vitamine K.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: CYP4F2

Votre Génotype: CC

Les protéines du cytochrome P450 sont des monooxygénases qui catalysent de nombreuses réactions impliquées dans le métabolisme des médicaments et la synthèse du cholestérol, des stéroïdes et d'autres lipides. Le CYP4F2 régule la biodisponibilité de la vitamine E et de la vitamine K, un cofacteur essentiel à la coagulation sanguine. Catalyse l'oméga-hydroxylation des tocophérols (formes de vitamine E), favorisant ainsi la rétention des alpha-tocophérols dans les tissus. Les oméga-hydroxylates et inactivent la phylloquinone (vitamine K1) et la ménaquinone-4 (MK-4, une forme de vitamine K2), toutes deux agissant comme cofacteurs dans la coagulation sanguine. Les variations du CYP4F2 qui affectent la biodisponibilité de la vitamine K affectent également le dosage des antagonistes de la vitamine K tels que la warfarine ou l'acénocoumarol.

Nom Du Gène: GGCX

Votre Génotype: GG

Ce gène code pour une protéine membranaire intégrale du réticulum endoplasmique rugueux qui carboxyle les résidus glutamate des protéines dépendantes de la vitamine K en gamma carboxyglutamate, une modification nécessaire à leur activité. Les substrats protéiques dépendants de la vitamine K contiennent un propeptide qui lie l'enzyme, le dioxyde de carbone, le dioxyde et la vitamine K réduite agissant comme co-substrats. Les protéines dépendantes de la vitamine K affectent un certain nombre de processus physiologiques, notamment la coagulation sanguine, la prévention de la calcification vasculaire et l'inflammation. Des variantes alléliques de ce gène ont été associées à un trouble de type pseudoxanthome élastique associé à un déficit en facteurs de coagulation multiples.

Nom Du Gène: VKORC1

Votre Génotype: AA, CC

Le gène VKORC1 fournit des instructions pour fabriquer une enzyme époxyde réductase de vitamine K. L'enzyme VKORC1 est produite principalement dans le foie. Il recouvre la membrane d'une structure cellulaire appelée réticulum endoplasmique, qui participe au traitement et au transport des protéines. L'enzyme VKORC1 aide à activer (activer) les protéines de la coagulation dans la voie qui forme les caillots sanguins. Plus précisément, l'enzyme VKORC1 convertit une forme de vitamine K en une autre forme de vitamine K qui aide à activer les protéines de la coagulation.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Consommez une alimentation équilibrée.
2. Incluez des aliments riches en vitamine K dans votre alimentation.

À ne pas faire

1. Évitez de vous soigner vous-même avec des suppléments sans consulter un médecin.

Métabolisme Des Phosphates

PHOSPHATE METABOLISM



Qu'est-ce que Métabolisme des phosphates ?

Le phosphate est un minéral essentiel nécessaire à la formation des os et des dents. Dans l'organisme, la quasi-totalité du phosphore se combine avec l'oxygène pour former du phosphate. Le phosphate est également utilisé comme élément constitutif de plusieurs substances importantes, notamment celles utilisées par la cellule pour la production d'énergie, la fabrication des membranes cellulaires et la fabrication de l'ADN. Les sources alimentaires de phosphate comprennent le lait, les produits carnés, les poissons de mer (saumon, maquereau et sardines), les graines (graines de citrouille et de tournesol), les légumineuses, les œufs et les flocons d'avoine. Les variations génétiques peuvent influencer les taux de phosphate sérique, entraînant ainsi une modification des besoins alimentaires.

7.0



Métabolisme des phosphates

Interprétation

Selon votre génotype, votre métabolisme des phosphates est faible. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir une capacité réduite à métaboliser le phosphate, ce qui entraîne une augmentation des besoins alimentaires.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: CASR

Votre Génotype: AG

Le gène CASR code pour une protéine (récepteur sensible au calcium - CaSR), abondante dans les cellules des glandes parathyroïdes et des tubules rénaux des reins. Les niveaux de phosphate dépendent du niveau d'hormone parathyroïdienne (PTH) et le CaSR influence les niveaux de PTH, jouant ainsi un rôle important dans l'homéostasie minérale systémique. D'autres facteurs qui influencent les taux de phosphate circulant sont le facteur de croissance des fibroblastes 23 (qui contrôle la réabsorption du phosphate dans le tubule rénal proximal) et la réabsorption intestinale du phosphate médiée par la 1,25-dihydroxyvitamine D.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Ayez une alimentation bien équilibrée.
2. Assurez-vous que vous ne souffrez pas de carence en vitamine D et/ou en magnésium.

À ne pas faire

1. Évitez de vous soigner vous-même avec des suppléments sans consulter un médecin.

Métabolisme Antioxydant

ANTIOXIDANT METABOLISM



Qu'est-ce que Métabolisme antioxydant ?

Les antioxydants sont des composés qui inhibent le processus d'oxydation dans le corps. Certains processus peuvent conduire à la formation d'espèces oxydatives dans l'organisme, susceptibles d'endommager les cellules et l'ADN, entraînant ainsi une altération des fonctions cellulaires. La capacité des antioxydants à détruire les espèces oxydantes protège l'intégrité structurale des cellules et des tissus. Les antioxydants fonctionnent également en renforçant la réponse immunitaire du corps. Ils sont également connus pour réduire le risque de cancer et de maladies neurodégénératives telles que la maladie d'Alzheimer et la maladie de Parkinson. Les sources riches en antioxydants comprennent le chocolat noir, les épinards, le thé vert et les myrtilles. Les variations génétiques peuvent entraîner une altération du fonctionnement du système de défense antioxydant inné de l'organisme, influençant ainsi les besoins alimentaires en antioxydants.

Interprétation

6.6



Métabolisme antioxydant

Selon votre génotype, votre métabolisme antioxydant est médiocre. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir un système de défense antioxydant réduit, ce qui augmente leur risque de complications de santé induites par le stress oxydatif.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: GSTP1

Votre Génotype: AG, CC

La glutathion S-transférase P1 est une enzyme codée par le gène GSTP1. Cette enzyme joue un rôle clé dans le processus de détoxification et dans le système antioxydant.

Nom Du Gène: PON1

Votre Génotype: TT

Ce gène code pour un membre de la famille des enzymes paraoxonases et présente une activité lactonase et ester hydrolase. L'estérase/lactonase paraoxonase 1 (PON1) associée aux HDL est impliquée dans la contribution aux activités anti-inflammatoires et antioxydantes de la lipoprotéine. Plusieurs éléments de preuve suggèrent que PON1 favorise les effets antioxydants et athéroprotecteurs. PON1 inhibe l'oxydation des lipoprotéines de basse densité (LDL) in vitro. La suppression génétique de PON1 est associée à une susceptibilité accrue des LDL à l'oxydation ex vivo, à une augmentation des mesures du stress oxydatif des macrophages et à une augmentation de la taille des lésions dans les modèles animaux d'athérosclérose.

Nom Du Gène: SOD2

Votre Génotype: TT

Le gène SOD2 code pour une enzyme, la superoxyde dismutase manganèse-dépendante (MnSOD), qui se lie aux sous-produits superoxydes et contribue à leur conversion en peroxyde d'hydrogène et en oxygène diatomique. Les superoxydes sont nocifs pour l'organisme car ils peuvent endommager l'ADN et la MnSOD aide à atténuer ces dommages grâce à la conversion des superoxydes. La MnSOD est la principale enzyme antioxydante qui joue un rôle important dans la protection des cellules contre le stress oxydatif.

Nom Du Gène: GPX1

Votre Génotype: CC, TT

Le gène GPX1 code pour une enzyme (glutathion peroxydase 1 - GPX1), qui est une enzyme antioxydante importante dans l'organisme. La glutathion peroxydase joue un rôle dans la dégradation du peroxyde d'hydrogène et contribue ainsi à protéger les cellules contre les dommages oxydatifs.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Maintenez une alimentation équilibrée.
2. Augmenter la consommation de sources alimentaires de vitamine E et de vitamine C.

À ne pas faire

1. Évitez de vous soigner vous-même avec des suppléments sans consulter un médecin.
2. Évitez de consommer trop de malbouffe, d'aliments grillés au charbon de bois, d'aliments frits et d'aliments hautement transformés.

Métabolisme Du Fer

IRON METABOLISM



Qu'est-ce que Métabolisme du fer ?

Le fer est un élément essentiel nécessaire à l'organisme pour la production de globules rouges. Environ 70 % des réserves de fer de l'organisme se trouvent dans les globules rouges. Il est essentiel à la formation de l'hémoglobine et au transport de l'oxygène vers les cellules de l'organisme. Le fer est également impliqué dans les fonctions liées au système immunitaire et constitue un nutriment essentiel pour le métabolisme énergétique. Une carence en fer peut entraîner fatigue, faiblesse, peau pâle, maux de tête et étourdissements, tandis qu'un apport excessif en fer est toxique pour l'organisme. Les sources alimentaires de fer comprennent le poulet, le tofu, les viandes rouges, le brocoli, les choux de Bruxelles, les légumineuses et les épinards. Les variations génétiques peuvent affecter le métabolisme du fer et ainsi influencer la capacité à absorber le fer présent dans l'alimentation.

6.5



Métabolisme du fer

Interprétation

Selon votre génotype, votre métabolisme du fer est médiocre. Les personnes possédant un tel génotype courent généralement un risque élevé de développer une carence en fer en raison de sa capacité réduite d'absorption et de transport.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: Near HJV

Votre Génotype: TT

Le gène du HJV fournit des instructions pour fabriquer une protéine appelée hémojuvéline. Cette protéine est fabriquée dans le foie, le cœur et les muscles utilisés pour le mouvement (muscles squelettiques). L'hémojuvéline joue un rôle dans le maintien de niveaux de fer adéquats dans le corps en contrôlant les niveaux d'une autre protéine appelée hepcidine. L'hepcidine est nécessaire au maintien d'un équilibre approprié en fer (homéostasie du fer) dans l'organisme.

Nom Du Gène: Near BMP4

Votre Génotype: TT

L'hepcidine est une hormone peptidique produite par le foie qui contrôle la concentration plasmatique du fer et la distribution du fer dans les tissus en inhibant l'absorption intestinale du fer, le recyclage du fer par les macrophages et la mobilisation du fer à partir du foie. L'expression de l'hepcidine est induite par la voie de signalisation de la protéine morphogénétique osseuse (BMP). Cette voie implique les protéines BMP2 et BMP4 et le corécepteur BMP HJV, qui phosphoryle les protéines Smad activées par le récepteur (R-Smads) 1 et 5. Les R-Smads phosphorylés forment un complexe avec le médiateur commun Smad4 (Co-Smad), qui permet le signal transduction dans le noyau pour la régulation du gène de l'hepcidine.

Nom Du Gène: TF

Votre Génotype: GG

Ce gène code pour une glycoprotéine d'un poids moléculaire approximatif de 76,5 kDa. Les transferrines sont des protéines de transport liant le fer qui peuvent se lier à deux ions $\text{Fe}(3+)$ en association avec la liaison d'un anion, généralement du bicarbonate. Il est responsable du transport du fer depuis les sites d'absorption et de dégradation de l'hème vers ceux de stockage et d'utilisation. La transferrine sérique peut également jouer un rôle supplémentaire dans la stimulation de la prolifération cellulaire.

Nom Du Gène: HIST1H1T

Votre Génotype: GA

HIST1H1T appartient à la famille des protéines histones H1 qui est l'une des cinq principales familles de protéines histones. Les histones sont les principales protéines qui sont des composants de la chromatine présentes dans les cellules. Chromatine a plusieurs fonctions, une fonction cruciale parmi elles étant la régulation de l'expression des gènes. Le gène HIST1H1T est situé dans la région du gène HFE qui joue un rôle important dans le métabolisme du fer.

Nom Du Gène: CUBN

Votre Génotype: AA

La vitamine B12 n'est pas synthétisée dans l'organisme et est obtenue à partir de l'apport alimentaire. Le gène CUBN code pour une protéine, la cubiline, qui est le récepteur intestinal de la vitamine B12 (également appelée cobalamine). Le gène CUBN joue donc un rôle crucial dans l'absorption de la vitamine B12. La protéine Cubiline, principalement associée aux cellules rénales et aux cellules tapissant l'intestin grêle, se lie à la vitamine B12 lors de son passage dans l'intestin grêle ; le complexe cubiline-vitamine B12 qui en résulte est libéré dans le sang par les cellules intestinales et transporté dans tout le corps.

Nom Du Gène: TMPRSS6

Votre Génotype: CT, AG

Le gène TMPRSS6 code pour une protéine appelée matryptase-2, qui influence les niveaux de la protéine hepcidine. L'hepcidine est importante pour la régulation de l'équilibre du fer dans l'organisme. De faibles niveaux de fer dans le sang peuvent diminuer la production d'hepcidine, ce qui peut entraîner l'absorption d'une plus grande quantité de fer provenant de l'alimentation dans les intestins et son transport vers la circulation sanguine.

Nom Du Gène: HFE

Votre Génotype: CG, GG

Le gène HFE code pour une protéine membranaire qui se lie à la protéine du récepteur 1 de la transferrine. Ce processus empêche le récepteur de se lier à une autre protéine appelée transferrine. Cependant, la liaison du récepteur 1 de la transferrine à la transferrine est nécessaire pour que le fer pénètre dans les cellules hépatiques, régulant ainsi les niveaux de fer dans les cellules hépatiques. Le gène HFE influence également la production d'hepcidine, une protéine produite par le foie. L'hepcidine joue un rôle dans la détermination de la quantité de fer absorbée par l'alimentation et dans sa libération des sites de stockage dans tout le corps. La liaison de la protéine HFE au récepteur de la transferrine 1 empêche la production d'hepcidine, et la production d'hepcidine se produit lorsque la protéine HFE n'est pas liée au récepteur de la transferrine 1.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Consommez une alimentation équilibrée.

À ne pas faire

1. Évitez de consommer simultanément des suppléments de calcium et de fer, car le calcium peut inhiber l'absorption du fer.
2. Évitez de vous soigner vous-même avec des suppléments sans consulter un médecin.

Métabolisme De La Vitamine B12

VITAMIN B12 METABOLISM



Qu'est-ce que Métabolisme de la vitamine B12 ?

La vitamine B12, ou cobalamine, est une vitamine hydrosoluble impliquée dans de nombreuses voies métaboliques de notre corps. Il est particulièrement important dans le fonctionnement du système nerveux et dans la synthèse de la myéline. Il joue également un rôle important dans la formation des globules rouges et la production d'ADN. Avec le folate et la riboflavine, il aide également à éliminer l'homocystéine de la cellule. On sait qu'une carence en vitamine B12 entraîne une altération du fonctionnement du système nerveux, une léthargie et une fatigue. Les sources de vitamine B12 comprennent le poulet, la viande, le tofu, les œufs, le saumon, les produits laitiers et le lait d'amande. Les variations génétiques peuvent affecter son absorption par les aliments, influençant ainsi le risque de carence en vitamine B12.

5.9



Métabolisme de la
vitamine B12

Interprétation

Selon votre génotype, votre métabolisme de la vitamine B12 est typique. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir une efficacité typique en matière d'absorption de la vitamine B12.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: ABCD4

Votre Génotype: CC

Le gène ABCD4 (membre 4) de la sous-famille D de la cassette de liaison ATP est situé sur le chromosome 14. Ce gène code pour la protéine ABCD4, qui est un transporteur membranaire impliqué dans le transport de la vitamine B12 hors des lysosomes. Il a été démontré que les polymorphismes du gène ABCD4 affectent le fonctionnement de la protéine ABCD4 et le traitement intracellulaire de la vitamine B12.

Nom Du Gène: MTRR

Votre Génotype: AA

La méthionine synthase réductase, également connue sous le nom de MSR, est une enzyme qui, chez l'homme, est codée par le gène MTRR. Le gène de la méthionine synthase réductase (MTRR) agit principalement dans la régénération réductrice de la cobalamine (vitamine B12). Cob(I)alamine est un cofacteur qui maintient l'activation de l'enzyme méthionine synthase (MTR) Méthionine synthase, reliant le métabolisme du folate et de la méthionine. Les dons de groupes méthyle du folate sont utilisés pour la méthylation cellulaire et de l'ADN. Le MTRR rompt l'association entre la méthionine synthase et la vitamine B12 inactive, permettant à une nouvelle molécule fonctionnelle de vitamine B12 de se lier, assurant ainsi la production continue de méthionine.

Nom Du Gène: TCN1

Votre Génotype: GG

Ce gène code pour un membre de la famille des protéines liant la vitamine B12. Cette famille de protéines, également appelées liants R, est exprimée dans divers tissus et sécrétions. Cette protéine est un constituant majeur des granules secondaires des neutrophiles et facilite le transport de la cobalamine dans les cellules. Il facilite l'entrée de la vitamine B12 dans les cellules via une endocytose médiée par les récepteurs.

Nom Du Gène: CD320

Votre Génotype: CC

Ce gène code pour le récepteur de transcobalamine exprimé à la surface cellulaire. Il médie l'absorption cellulaire de la cobalamine liée à la transcobalamine (vitamine B12) et est impliqué dans la prolifération des cellules B et la sécrétion d'immunoglobulines. Les mutations de ce gène sont associées à l'acidurie méthylmalonique.

Nom Du Gène: TCN2

Votre Génotype: TT

Le gène TCN2 fournit des instructions pour fabriquer une protéine appelée transcobalamine (anciennement connue sous le nom de transcobalamine II). Cette protéine transporte la cobalamine (également connue sous le nom de vitamine B12) de la circulation sanguine vers les cellules de tout le corps. La transcobalamine est impliquée dans la fixation à la cobalamine lorsqu'elle est libérée dans la circulation sanguine et transporte la vitamine vers les cellules. Le complexe transcobalamine-cobalamine se lie à un récepteur situé à la surface de la cellule, ce qui permet au complexe de pénétrer dans la cellule. La transcobalamine libère de la cobalamine lorsque le complexe pénètre dans la cellule et que la transcobalamine est décomposée.

Nom Du Gène: MTR**Votre Génotype: AA**

Le gène MTR fournit des instructions pour fabriquer une enzyme appelée méthionine synthase. Cette enzyme joue un rôle dans le traitement des acides aminés, les éléments constitutifs des protéines. Pour fonctionner correctement, la méthionine synthase nécessite de la méthylcobalamine (une forme de vitamine B12) et une autre enzyme appelée méthionine synthase réductase, produite à partir du gène MTRR. MTR utilise du méthylB12 (méthylcobalamine) et du zinc dans la réaction de conversion de l'homocystéine en méthionine. Ainsi, une augmentation de l'activité enzymatique peut maintenir les niveaux d'homocystéine plus bas (généralement une bonne chose), mais seulement s'il y a beaucoup de méthylcobalamine.

Nom Du Gène: CUBN**Votre Génotype: AA**

La vitamine B12 n'est pas synthétisée dans l'organisme et est obtenue à partir de l'apport alimentaire. Le gène CUBN code pour une protéine, la cubiline, qui est le récepteur intestinal de la vitamine B12 (également appelée cobalamine). Le gène CUBN joue donc un rôle crucial dans l'absorption de la vitamine B12. La protéine Cubiline, principalement associée aux cellules rénales et aux cellules tapissant l'intestin grêle, se lie à la vitamine B12 lors de son passage dans l'intestin grêle ; le complexe cubiline-vitamine B12 qui en résulte est libéré dans le sang par les cellules intestinales et transporté dans tout le corps.

Nom Du Gène: FUT2**Votre Génotype: AG, AG**

Le gène FUT2 code pour une enzyme (galactoside 2-alpha-L-fucosyltransférase 2), qui influence la synthèse de l'antigène H. L'antigène H joue un rôle dans la fixation des bactéries *H. pylori* à la muqueuse gastrique ; L'infection à *H. pylori* peut entraîner une diminution de la sécrétion du facteur intrinsèque glycoprotéique, nécessaire à l'absorption de la vitamine B12 dans le système gastro-intestinal. Les variantes du gène FUT2 sont associées aux taux de vitamine B12 dans le plasma sanguin. Les variations du gène FUT2 sont également associées à une altération du microbiote intestinal, ce qui peut entraîner une diminution de la production de B12 par le microbiome.

Nom Du Gène: MTHFR**Votre Génotype: CC**

Le gène MTHFR code pour une enzyme clé du cycle du folate. Les variantes du MTHFR peuvent diminuer la conversion en méthylfolate.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Consommez une alimentation équilibrée.
2. Incluez des aliments riches en vitamine B12 dans votre alimentation.

À ne pas faire

1. Évitez de vous soigner vous-même avec des suppléments sans consulter un médecin.

Métabolisme De La Vitamine B6

VITAMIN B6 METABOLISM



Qu'est-ce que Métabolisme de la vitamine B6 ?

La vitamine B6 fait partie du groupe des vitamines B des nutriments essentiels. Notre corps utilise les vitamines B pour convertir les aliments que nous mangeons en énergie dont nous avons besoin pour fonctionner. Il joue un rôle crucial dans le métabolisme des glucides, des lipides et des acides aminés. Une carence en vitamine B6 est associée à une anémie, une dermatite et un affaiblissement de la fonction immunitaire de l'organisme. Lorsqu'il est présent en excès, il a été démontré qu'il provoque des troubles neurologiques. Les sources de vitamine B6 comprennent le poulet, les œufs, les pois chiches, les bananes, les patates douces, les pistaches et les épinards. Les variations génétiques peuvent altérer l'absorption de la vitamine B6, influençant ainsi le risque de carence en vitamine B6.

6.3



Métabolisme de la
vitamine B6

Interprétation

Selon votre génotype, votre métabolisme de la vitamine B6 est médiocre. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir de faibles taux plasmatiques de vitamine B6 en raison de sa capacité d'absorption réduite. Ils courent donc un risque élevé de carence en vitamine B6.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: Near NBPF3

Votre Génotype: CT

Cette variante est située à proximité du gène NBPF3. Des variantes du gène NBPF3 se sont avérées associées à la concentration plasmatique de phosphate de pyridoxal (PLP). Le PLP est une forme active de vitamine B6, impliquée dans plusieurs réactions enzymatiques.

Nom Du Gène: Near ALPL

Votre Génotype: CT

Le gène ALPL code pour une isoenzyme non spécifique aux tissus et liée à la membrane de la phosphatase alcaline (ALPL ; EC 3.1.3.1), qui catalyse les réactions d'hydrolyse produisant un alcool et un phosphate inorganique à partir d'un monoester de phosphate et d'eau. L'expression tissulaire de l'ALPL est omniprésente, mais le foie, les os et les reins sont les principaux emplacements de cette enzyme. La fonction physiologique de l'ALPL n'a pas été entièrement élucidée, mais son rôle indispensable dans l'absorption de la vitamine B6 par les cellules (par hydrolyse du PLP en PL) est bien connu.

Nom Du Gène: CBS

Votre Génotype: TT

La protéine cystathionine β -synthase (CBS) codée par le gène CBS agit comme un homotétramère pour catalyser le changement de l'homocystéine en cystathionine, la première étape de la voie de transsulfuration, et provoque une surexpression de CBS qui à son tour réduit les niveaux d'homocystéine et induit un déficit fonctionnel en folate. La voie est impliquée dans la synthèse et la méthylation de l'ADN. Des perturbations des protéines dues à des altérations chromosomiques résultant d'une synthèse défectueuse de l'ADN ou d'une méthylation altérée des oncogènes ou des gènes suppresseurs de tumeurs ont été liées à la lymphomagenèse.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Consommez une alimentation équilibrée.
2. Incluez des aliments riches en vitamine B6 dans votre alimentation.

À ne pas faire

1. Évitez de vous soigner vous-même avec des suppléments sans consulter un médecin.

Métabolisme Du Magnésium

MAGNESIUM METABOLISM



Qu'est-ce que Métabolisme du magnésium ?

Le magnésium est le quatrième minéral le plus abondant dans l'organisme. Il aide à maintenir une fonction nerveuse et musculaire normale, soutient un système immunitaire sain, maintient le rythme cardiaque stable et aide les os à rester solides. Le magnésium agit également avec le calcium pour réguler la contraction musculaire. La carence en magnésium a été associée à des influx nerveux inappropriés, entraînant ainsi une mauvaise coordination, des spasmes musculaires, des tremblements et une perte d'appétit. Pendant ce temps, un apport excessif en magnésium a été associé à des battements cardiaques irréguliers, à une hypotension artérielle et à un ralentissement de la respiration. Les sources riches en magnésium comprennent le saumon, le maquereau, le thon, les épinards, le chou frisé, les noix et le chocolat noir. Les variations génétiques peuvent influencer l'absorption du magnésium, affectant ainsi ses taux sériques.

5.3



Métabolisme du
magnésium

Interprétation

Selon votre génotype, votre métabolisme du magnésium est typique. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir une efficacité typique pour le métabolisme du magnésium.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: SHROOM3

Votre Génotype: AG

Shroom3 est une protéine associée à l'actine qui régule la forme des cellules épithéliales et la morphogenèse des tissus. Il est connu pour induire la constriction des cellules épithéliales en favorisant l'accumulation apicale de fibres d'actine et de myosine. Au cours du développement, Shroom3 est essentiel à la fermeture du tube neural, à la morphogenèse de l'intestin et du cristallin. Dans le rein, il est connu pour contribuer au maintien de la barrière de filtration glomérulaire, indiquant peut-être un rôle dans l'homéostasie du magnésium. Il s'agit d'un gène candidat puissant pour la pathogenèse de la maladie rénale chronique.

Nom Du Gène: MDS1

Votre Génotype: AG

La protéine codée par ce gène est un régulateur transcriptionnel et une oncoprotéine qui peut être impliquée dans l'hématopoïèse, l'apoptose, le développement, ainsi que la différenciation et la prolifération cellulaire. Il fonctionne comme un régulateur transcriptionnel en liant les séquences d'ADN dans la région promotrice des gènes cibles régulant leur expression. La surexpression de ce gène est impliquée dans plusieurs types de leucémie.

Nom Du Gène: Near DCDC5

Votre Génotype: TT

Ce gène code pour un membre de la famille des doublecortines. La protéine codée par ce gène contient deux domaines doublecortine. Il a été démontré que le domaine doublecortine se lie à la tubuline et améliore la polymérisation des microtubules. Ce gène a été impliqué dans les voies du métabolisme énergétique, le cycle cellulaire et les cascades de signalisation intracellulaire.

Nom Du Gène: MUC1

Votre Génotype: TT

MUC1 code pour la mucine 1, une phosphoprotéine glycosylée liée à la membrane. Plusieurs protéines de mucine se combinent pour former du mucus dans diverses surfaces et cavités du corps. La mucine 1 est exprimée de manière omniprésente dans les cellules épithéliales. Il est connu pour jouer un rôle dans la croissance et la division cellulaire. Il est attaché à la surface apicale de nombreux épithéliums, où il se lie aux agents pathogènes et remplit une fonction de signalisation cellulaire. Il est également exprimé dans les cellules rénales et joue un rôle dans le développement des reins. Des formes aberrantes de la protéine ont été associées à des carcinomes gastriques.

Nom Du Gène: CASR

Votre Génotype: AG

Le gène CASR code pour une protéine (récepteur sensible au calcium - CaSR), abondante dans les cellules des glandes parathyroïdes et des tubules rénaux des reins. La protéine CaSR peut se lier au magnésium, ce qui peut inhiber la sécrétion de l'hormone parathyroïdienne en raison de taux sériques élevés de magnésium, ce qui peut entraîner une hypocalcémie (faible taux de calcium dans le plasma sanguin). Par conséquent, le CaSR pourrait jouer un rôle dans le maintien de l'homéostasie du magnésium.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Maintenez une alimentation équilibrée.

À ne pas faire

1. Évitez de vous soigner vous-même avec des suppléments sans consulter un médecin.

Métabolisme De La Vitamine C

VITAMIN C METABOLISM



Qu'est-ce que Métabolisme de la vitamine C ?

La vitamine C, également connue sous le nom d'acide ascorbique, est une vitamine hydrosoluble essentielle impliquée dans la réparation des tissus et la production enzymatique de certains neurotransmetteurs. Il joue également un rôle important dans le système immunitaire, fonctionnant comme antioxydant. On sait qu'une carence en vitamine C provoque le scorbut (saignement des gencives), des éruptions cutanées et une cicatrisation altérée des plaies. Cependant, une consommation excessive peut provoquer des problèmes gastro-intestinaux, des maux de tête et des troubles du sommeil. Les sources riches en acide ascorbique comprennent les agrumes comme les oranges et les pamplemousses, le kiwi, la mangue et la papaye. Les variations génétiques peuvent influencer l'absorption de la vitamine C dans l'organisme.

5.5



Métabolisme de la
vitamine C

Interprétation

Selon votre génotype, votre métabolisme de la vitamine C est typique. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir une efficacité typique en matière d'absorption de la vitamine C.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: SLC23A1

Votre Génotype: GG

L'absorption et la distribution de la vitamine C dans tout l'organisme nécessitent deux protéines transporteuses dépendantes du sodium. Le gène SLC23A1 code pour l'une de ces protéines, SVCT1 ; SVCT1 est actif dans le transport en vrac de la vitamine C, il influence l'homéostasie du corps entier et les niveaux de vitamine C en circulation.

Nom Du Gène: SLC23A2

Votre Génotype: TT, AG, AG

L'absorption de la vitamine C dans l'organisme et sa distribution dans les organes nécessitent deux transporteurs de vitamine C dépendants du sodium. Ce gène code pour l'un des deux transporteurs requis et la protéine codée représente l'absorption spécifique des tissus de la vitamine C.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Consommez une alimentation équilibrée.
2. Consommez des aliments riches en vitamine C.

À ne pas faire

1. Évitez de vous soigner vous-même avec des suppléments sans consulter un médecin.

Métabolisme De La Vitamine E

VITAMIN E METABOLISM



Qu'est-ce que Métabolisme de la vitamine E ?

La vitamine E, également connue sous le nom de tocophérols, est une classe de vitamines liposolubles. Le rôle principal de la vitamine E dans l'organisme est celui d'un antioxydant, qui neutralise les radicaux libres produits dans l'organisme, prévenant ainsi les dommages cellulaires. C'est également un élément important du système immunitaire. On sait qu'une carence en vitamine E provoque un déclin cognitif et des problèmes neuromusculaires. Un excès de vitamine E peut être dangereux et peut entraîner des nausées, des diarrhées, des crampes d'estomac, des maux de tête et des problèmes liés aux saignements. Les sources de vitamine E comprennent les huiles végétales, les noix, le saumon, les écrevisses, le soja, les épinards, le brocoli et les amandes. Les variations génétiques peuvent influencer l'absorption de la vitamine E dans l'organisme.

5.8



Métabolisme de la
vitamine E

Interprétation

Selon votre génotype, votre métabolisme de la vitamine E est typique. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir une efficacité typique en matière d'absorption de la vitamine E.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: SOD3

Votre Génotype: CC

La SOD3 se trouve principalement dans la matrice extracellulaire des tissus des mammifères. Il élimine le radical superoxyde et réduit sa toxicité en le convertissant en H₂O₂ qui à son tour est converti en oxygène et en eau par l'action d'autres enzymes antioxydantes. L'activité accrue de l'enzyme SOD peut conduire à une accumulation de H₂O₂ qui inhibe davantage la catalase épidermique, entraînant un stress oxydatif conduisant à la destruction des mélanocytes. Le H₂O₂ accumulé, s'il n'est pas éliminé correctement, subit des réactions de Fenton et Haber-Weiss générant des radicaux (hydroxyles) hautement réactifs, qui sont beaucoup plus critiques dans cette maladie et peuvent expliquer la survenue d'une maladie du jour au lendemain. effet blanchissant qui se produit parfois.

Nom Du Gène: APOE

Votre Génotype: TT, GG, TT

La protéine codée par ce gène est une apoprotéine majeure du chylomicron. Il se lie à un récepteur spécifique du foie et des cellules périphériques et est essentiel au catabolisme normal des constituants lipoprotéiques riches en triglycérides. Ce gène correspond au chromosome 19 dans un groupe contenant les gènes associés des apolipoprotéines C1 et C2.

Nom Du Gène: APOA4

Votre Génotype: TT

APOA4 code pour une apoprotéine sécrétée par l'intestin et associée aux chylomicrons. Le gène APOA4 joue un rôle dans la sécrétion et le catabolisme des chylomicrons et des VLDL. Nécessaire pour l'activation efficace de la lipoprotéine lipase par l'ApoC-II.

Nom Du Gène: CD36

Votre Génotype: AA, AA, CC

La vitamine E est une vitamine liposoluble et un antioxydant. La protéine codée par le gène CD36 est impliquée dans l'absorption des acides gras à longue chaîne et peut donc également influencer les concentrations plasmatiques de vitamine E.

Nom Du Gène: NOS3

Votre Génotype: GG

L'oxyde nitrique synthase (NOS 3) génère du NO provenant de l'oxydation de la L-arginine en L-citrulline. L'oxyde nitrique (NO) est un gaz radicalaire hautement réactif et peut agir comme un « accepteur » et inactiver le superoxyde (O₂).

Nom Du Gène: SOD2

Votre Génotype: TT

La MnSOD (SOD2) décompose les ROS toxiques en H₂O₂ et éteint les radicaux libres produits par la chaîne de transport d'électrons. L'enzyme antioxydante (MnSOD) constitue la principale défense contre les espèces réactives de l'oxygène (ROS) dans les mitochondries et agit comme première barrière dans le développement du cancer. Cependant, la régulation positive de la MnSOD sans augmentation concomitante des piègeurs de peroxyde d'hydrogène (H₂O₂) joue un rôle très complexe. Il contribue à la prolifération, à l'angiogenèse et à l'invasion, affectant le métabolisme glycolytique et empêchant les mitochondries d'induire l'apoptose.

Nom Du Gène: TTPA

Votre Génotype: TA

Le gène TTPA code pour une protéine (α -tocophérol transfer protein - α TTP) qui joue un rôle clé dans la distribution de l' α -tocophérol (vitamine E obtenue à partir de l'alimentation) dans tout le corps. La vitamine E issue de l'alimentation est absorbée dans l'intestin et transportée vers le foie. Dans le foie, l' α TTP transfère la vitamine E aux lipoprotéines de très basse densité (VLDL) qui voyagent dans la circulation sanguine et transportent la vitamine E dans tout le corps. α TTP peut également jouer un rôle dans le transport de la vitamine E vers les cellules nerveuses.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Consommez une alimentation équilibrée.
2. Incluez des aliments riches en vitamine E dans votre alimentation.

À ne pas faire

1. Évitez de vous soigner vous-même avec des suppléments sans consulter un médecin.

Niveaux De Coenzyme Q10



Qu'est-ce que Niveaux de coenzyme Q10 ?

La coenzyme Q10 (CoQ10), également connue sous le nom d'ubiquinone, est une substance semblable à une vitamine présente dans chaque cellule du corps humain. Il joue un rôle essentiel dans la production d'énergie au sein des cellules, en particulier dans les mitochondries, qui sont les centrales électriques de la cellule. La CoQ10 agit également comme un antioxydant, protégeant les cellules des dommages causés par des molécules nocives appelées radicaux libres. La CoQ10 est produite naturellement dans l'organisme, mais ses niveaux peuvent diminuer avec l'âge et certains problèmes de santé, tels que les maladies cardiaques, la maladie de Parkinson et le diabète.

Interprétation

Selon votre génotype, vous avez une faible prédisposition à développer de faibles niveaux de coenzyme Q10. Les individus possédant un tel génotype ont tendance à être moins susceptibles de développer un déficit en coenzyme Q10. Cependant, d'autres facteurs tels que l'âge avancé, certaines conditions médicales telles que les maladies cardiaques, la maladie de Parkinson, le diabète, une mauvaise alimentation, le tabagisme et les toxines environnementales peuvent affecter les niveaux de coenzyme Q10 en circulation.

3.7



Niveaux de coenzyme
Q10

Tableau des gènes

Nom Du Gène: NPC1L1

Votre Génotype: GG

La protéine codée par ce gène est une protéine membranaire multi-passes. Il contient un domaine Niemann-Pick C1 (NPC1) N-terminal conservé et un domaine putatif de détection des stérols (SSD) qui comprend un motif YQRL fonctionnant comme une membrane plasmique pour le signal de transport du réseau trans-Golgi dans d'autres protéines. Cette protéine absorbe le cholestérol libre dans les cellules par endocytose vésiculaire et joue un rôle essentiel dans l'absorption du cholestérol intestinal. Il a également la capacité de transporter l'alpha-tocophérol (vitamine E). Le médicament ézétimibe cible cette protéine et inhibe l'absorption du cholestérol intestinal et de l'alpha-tocophérol. De plus, cette protéine pourrait jouer un rôle essentiel dans la régulation du métabolisme lipidique. Les variations polymorphes de ce gène sont associées aux taux plasmatiques de cholestérol total et de cholestérol des lipoprotéines de basse densité (LDL-C) et au risque de maladie coronarienne (CHD).

Nom Du Gène: CYP7A1

Votre Génotype: TG

Le CYP7A1 (sous-famille A du cytochrome P450, membre 1 de la famille 7) code pour un membre de la superfamille d'enzymes du cytochrome P450. Les protéines du cytochrome P450 sont des monooxygénases qui catalysent de nombreuses réactions impliquées dans le métabolisme des médicaments et la synthèse du cholestérol, des stéroïdes et d'autres lipides. Cette protéine membranaire du réticulum endoplasmique catalyse la première réaction de la voie catabolique du cholestérol dans le foie, qui convertit le cholestérol en acides biliaires. Cette réaction est l'étape limitante et le principal site de régulation de la synthèse des acides biliaires, qui est le principal mécanisme d'élimination du cholestérol de l'organisme. Les polymorphismes du promoteur de ce gène sont associés à des défauts de synthèse des acides biliaires.

Nom Du Gène: CD36

Votre Génotype: AA

La protéine codée par ce gène est la quatrième glycoprotéine majeure de la surface des plaquettes et sert de récepteur à la thrombospondine dans les plaquettes et diverses lignées cellulaires. Étant donné que les thrombospondines sont des protéines largement distribuées impliquées dans divers processus d'adhésion, cette protéine peut avoir des fonctions importantes en tant que molécule d'adhésion cellulaire. Il se lie au collagène, à la thrombospondine, aux phospholipides anioniques et aux LDL oxydés. Il médie directement la cytoadhésion des érythrocytes parasités par *Plasmodium falciparum* et se lie aux acides gras à longue chaîne et peut fonctionner dans le transport et/ou comme régulateur du transport des acides gras. Les mutations de ce gène provoquent un déficit en glycoprotéine plaquettaire.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Adoptez une alimentation saine comprenant des aliments riches en CoQ10.
2. Incluez davantage de fruits et de légumes riches en antioxydants, qui peuvent aider à protéger les cellules des dommages pouvant entraîner une diminution des niveaux de CoQ10.

À ne pas faire

1. Évitez la consommation d'alcool et le tabac, car ceux-ci peuvent endommager les cellules et contribuer à une diminution des niveaux de CoQ10.

Métabolisme De La Vitamine B9

VITAMIN B9 METABOLISM



Qu'est-ce que Métabolisme de la vitamine B9 ?

La vitamine B9, plus communément appelée folate (une forme naturelle de B9) ou acide folique (une forme synthétique), est une vitamine hydrosoluble qui fait partie de la famille des vitamines B. La vitamine B9, une fois convertie en sa forme active, joue un rôle important dans la synthèse de l'ADN et la division cellulaire, la production de globules rouges et la clairance de l'homocystéine, qui sont toutes affectées en cas d'altération du métabolisme de la vitamine B9. Une accumulation excessive d'homocystéine peut provoquer une inflammation, endommager les vaisseaux sanguins, augmenter la tension artérielle et perturber la santé cardiaque. Cependant, on sait qu'un apport excessif en vitamine B9 provoque des problèmes d'estomac, des troubles du sommeil et des réactions cutanées indésirables. Les sources riches en vitamine B9 comprennent les jaunes d'œufs, le foie de bœuf, le thon, les légumineuses, les asperges et les betteraves. Les variations de certains gènes peuvent influencer le métabolisme de la vitamine B9. .

4.5



Métabolisme de la
vitamine B9

Interprétation

Selon votre génotype, votre métabolisme de la vitamine B9 est typique. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir une efficacité typique pour convertir la vitamine B9 alimentaire en sa forme active.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: MTHFR

Votre Génotype: AA, CC

Le gène MTHFR code pour une enzyme (méthyltétrahydrofolate réductase) qui joue un rôle dans le traitement des acides aminés. Cette enzyme est impliquée dans la réaction chimique impliquant la vitamine B9 (folate). Il joue un rôle dans la conversion d'une forme de folate en une forme différente présente dans le sang. La forme de folate qui en résulte influence également le processus de formation de méthionine, qui est nécessaire à la formation de protéines et d'autres composés importants nécessaires à l'organisme.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Consommez une alimentation équilibrée.
2. Incluez des aliments riches en vitamine B9 dans votre alimentation.

À ne pas faire

1. Évitez de vous soigner vous-même avec des suppléments sans consulter un médecin.

Métabolisme Du Zinc



Qu'est-ce que Métabolisme du zinc ?

Le zinc est un minéral essentiel qui joue un rôle vital dans le métabolisme cellulaire, la synthèse de l'ADN, la régulation de la fonction immunitaire, la cicatrisation des plaies et la synthèse des protéines. Dans le corps, il n'existe pas de système de stockage du zinc, ce qui nécessite un apport alimentaire adéquat en zinc. Une carence en zinc peut entraîner une altération de la fonction immunitaire, un retard de croissance et une perte d'appétit ; un apport excessif en zinc peut provoquer une toxicité et des symptômes tels que des nausées, une perte d'appétit et des crampes abdominales. Les aliments riches en zinc comprennent les huîtres, les œufs, le crabe, les grains entiers, les haricots et les noix. Les variations génétiques des gènes codant pour les transporteurs de zinc influencent l'absorption et les taux sériques de zinc dans l'organisme.

4.8



Métabolisme du zinc

Interprétation

Selon votre génotype, votre métabolisme du zinc est typique. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir une efficacité typique pour le métabolisme du zinc.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: PPCDC

Votre Génotype: TC

Le gène PPCDC est un gène codant pour une protéine codant pour la phosphopantothénoylcystéine décarboxylase. Cette enzyme est impliquée dans la biosynthèse du coenzyme A à partir de l'acide pantothénique (vitamine B5). Cela pourrait affecter le statut en Zn en raison de ses effets sur le métabolisme de la vitamine B5 (pantothénate). Un syndrome neurologique de neurodégénérescence associée à la pantothénate kinase (OMIM : Neurodégénérescence avec accumulation de fer cérébral 1 ; NBIA1) est dû à un déficit enzymatique à une étape précoce de la voie de synthèse de CoA. L'étude des effets du déficit en pantothénate kinase chez la drosophile a montré que l'hétérozygotie pour l'une ou l'autre des deux mutations de ce gène était associée à une augmentation substantielle de la concentration de Zn dans l'ensemble du corps.

Nom Du Gène: MT2A

Votre Génotype: AA

Ce gène fait partie de la famille des gènes des métallothionéines. Les protéines codées par cette famille de gènes ont un faible poids moléculaire, sont riches en cystéine, manquent de résidus aromatiques et se lient aux ions de métaux lourds divalents, modifiant ainsi la concentration intracellulaire de métaux lourds dans la cellule. Ces protéines agissent comme antioxydants, protègent contre les radicaux libres hydroxyles, jouent un rôle important dans le contrôle homéostatique des métaux dans la cellule et jouent un rôle dans la détoxification des métaux lourds. La protéine codée interagit avec la protéine codée par l'homéobox contenant 1 gène dans certains types de cellules, contrôlant les niveaux de zinc intracellulaire, affectant les voies de l'apoptose et de l'autophagie. Certains polymorphismes de ce gène sont associés à un risque accru de cancer.

Nom Du Gène: CA1

Votre Génotype: AA

L'anhydrase carbonique 1 est une enzyme qui, chez l'homme, est codée par le gène CA1. Les anhydrases carboniques (AC) sont une grande famille de métalloenzymes de zinc impliquées dans la catalyse de l'hydratation réversible du dioxyde de carbone. Ils ont été impliqués dans divers processus biologiques, notamment la respiration cellulaire, la calcification, l'équilibre acido-basique, la résorption osseuse et la formation d'humeur aqueuse, de liquide céphalo-rachidien, de salive et d'acide gastrique. Elle est exprimée principalement dans les érythrocytes.

Nom Du Gène: IL6

Votre Génotype: GG

Ce gène code pour une cytokine qui fonctionne dans les processus inflammatoires et également impliquée dans la maturation des cellules B. Elle s'exprime au niveau du site d'une inflammation aiguë ou chronique et est impliquée dans une grande variété de maladies associées à l'inflammation. Ce gène a également été impliqué dans la modulation de l'homéostasie intracellulaire du zinc, qui est à son tour affectée par des protéines spécifiques appelées métallothionéines (MT). Ces protéines agissent comme des antioxydants puisque l'amas de zinc et de soufre est sensible aux changements de l'état rédox cellulaire et que les sites oxydants dans la MT (groupes thiol réduits) induisent le transfert du zinc de ses sites de liaison à la MT vers ceux de moindre affinité dans d'autres protéines, telles que l'antioxydant métallo. -enzymes. Étant donné que l'IL-6 affecte l'expression et la production du gène MT, l'interaction entre la MT, l'IL-6 et l'homéostasie intracellulaire du zinc est donc cruciale lors de l'inflammation et du vieillissement.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Consommez une alimentation équilibrée.
2. Incluez des aliments riches en zinc dans votre alimentation.

À ne pas faire

1. Évitez de vous soigner vous-même avec des suppléments sans consulter un médecin.

Métabolisme Du Manganèse



Qu'est-ce que Métabolisme du manganèse ?

Le manganèse (Mn) est un oligoélément essentiel, c'est-à-dire qu'il est nécessaire à l'organisme en quantités faibles mais significatives pour diverses fonctions physiologiques. Le Mn est nécessaire à la fonction immunitaire, à la régulation de la glycémie et de l'énergie cellulaire, à la reproduction, à la digestion, à la croissance osseuse, à la coagulation sanguine, à l'hémostase et à la défense contre les espèces réactives de l'oxygène. Le Mn est impliqué dans un large éventail de processus métaboliques, agissant principalement comme cofacteur pour de nombreuses enzymes et protéines participant à des fonctions biologiques essentielles. Le métabolisme du manganèse englobe l'absorption, la distribution, l'utilisation et l'excrétion du manganèse dans l'organisme. Il est étroitement réglementé pour garantir que les niveaux de ce minéral restent dans une plage étroite et optimale, car une carence comme un excès peuvent avoir des effets néfastes sur la santé. Si le métabolisme du manganèse n'est pas efficace, cela peut entraîner une carence en manganèse, ce qui peut entraîner des problèmes de croissance et du squelette, ainsi que des problèmes neurologiques. À l'inverse, un métabolisme inefficace peut entraîner une toxicité du manganèse, entraînant des symptômes neurotoxiques tels que des tremblements, des troubles psychiatriques et des troubles cognitifs.

Interprétation

Selon votre génotype, vous avez une prédisposition typique à avoir un métabolisme du manganèse inefficace. Les individus possédant un tel génotype ont tendance à avoir une probabilité typique ou moyenne de développer une intoxication au manganèse. Cependant, d'autres facteurs tels que l'âge, les facteurs nutritionnels, l'exposition environnementale ou professionnelle et certains médicaments peuvent affecter les taux de manganèse circulant.

5.0



Métabolisme du
manganèse

Tableau des gènes

Nom Du Gène: Near SLC30A10

Votre Génotype: GG

SLC30A10 est une protéine de surface cellulaire à forte expression dans le cerveau et a été initialement identifiée comme un transporteur de Zn, mais des études récentes ont démontré une spécificité de SLC30A10 pour le Mn. De rares mutations SLC30A10 avec perte de fonction entraînent des concentrations de Mn gravement élevées dans le sang et le cerveau, même en l'absence d'exposition externe au Mn, entraînant des symptômes neurodégénératifs. SLC30A10 est fortement exprimé dans le foie et, comme des mutations délétères provoquent une accumulation de Mn dans la bile, SLC30A10 peut être impliqué dans l'excrétion de Mn via la bile. Cependant, SLC30A10 est également fortement exprimé dans le SNC et pourrait ainsi exercer un deuxième niveau de régulation en contrôlant l'homéostasie du Mn dans le cerveau.

Nom Du Gène: LOC105373281

Votre Génotype: TT

LOC105373281 (LOC105373281 non caractérisé) est un gène ARN et est affilié à la classe ncRNA.

Nom Du Gène: SLC39A8

Votre Génotype: CC

Ce gène code pour un membre de la famille SLC39 de gènes porteurs de soluté, qui présentent les caractéristiques structurelles des transporteurs de zinc. La protéine codée est glycosylée et présente dans la membrane plasmique et les mitochondries, et fonctionne dans l'importation cellulaire de zinc au début de l'inflammation. On pense également qu'il s'agit du principal transporteur du cation toxique cadmium, présent dans la fumée de cigarette.

Nom Du Gène: CDH13

Votre Génotype: CC

Ce gène code pour un membre de la superfamille des cadhérines. La protéine codée est localisée à la surface de la membrane cellulaire et est ancrée par un fragment GPI plutôt que par un domaine transmembranaire. La protéine n'a pas le domaine cytoplasmique caractéristique des autres cadhérines et n'est donc pas considérée comme une glycoprotéine d'adhésion cellule-cellule.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Ayez une alimentation bien équilibrée.

À ne pas faire

1. Évitez toute exposition environnementale au manganèse en utilisant un équipement de protection approprié, tel que des gants et des masques.
2. Évitez de cuisiner avec des ustensiles de cuisine riches en manganèse. Utilisez plutôt des ustensiles de cuisine alternatifs, tels que l'acier inoxydable ou la fonte.
3. Évitez de consommer de l'alcool et de fumer.



Résumé de la catégorie

INTOLÉRANCES ET SENSIBILITÉS ALIMENTAIRES

6.7



Métabolisme du sel

6.2



Métabolisme de la caféine

6.4



Intolérance au gluten

7.0



Intolérance au lactose



Métabolisme Du Sel



Qu'est-ce que Métabolisme du sel ?

Le sel de table est un minéral composé principalement de chlorure de sodium. Le sodium est un électrolyte important et un nutriment essentiel pour la santé humaine, dont le rôle dans l'organisme est principalement d'électrolyte et de maintien de l'équilibre hydrique. Le sodium permet la transmission de l'influx nerveux dans le corps, régulant les charges électriques entrant et sortant des cellules. La présence d'ions sodium est essentielle à la contraction des muscles dont le muscle le plus important, le cœur. L'excès de sodium dans le corps entraîne de nombreux effets secondaires tels que l'hypertension, la rétention d'eau, l'enflure et l'œdème. Une transpiration intense, des vomissements et de la diarrhée sont également nettement associés à une augmentation des taux de sodium. Les sources alimentaires riches en sodium sont les charcuteries, le poisson salé, le fromage et les aliments en conserve. Les variations génétiques peuvent influencer la façon dont un individu réagit à la consommation de sel, influençant ainsi la quantité de sel pouvant être tolérée dans son alimentation.

6.7



Métabolisme du sel

Interprétation

Selon votre génotype, votre métabolisme du sel est faible. Les personnes possédant un tel génotype sont susceptibles de mal réagir à une consommation accrue de sel et il est donc conseillé d'en limiter la consommation.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: Near SGK1

Votre Génotype: CC

Cette variante est située à proximité du gène SGK1. Le gène SGK1 code pour une protéine qui joue un rôle clé dans la réponse cellulaire au stress. Il est également connu pour activer certains canaux sodiques, chlorés et potassiques, ce qui suggère son implication dans la régulation de plusieurs processus, dont l'excrétion rénale du sodium. Le niveau d'expression de ce gène peut également influencer des conditions telles que l'hypertension.

Nom Du Gène: ADD1

Votre Génotype: GT

Le gène ADD1 joue le rôle de transport et de réabsorption du sodium dans les tubules rénaux.

Nom Du Gène: AGTR1

Votre Génotype: GG, AA

Le gène AGTR1 fournit des instructions pour fabriquer une protéine appelée récepteur de l'angiotensine II de type 1 (récepteur AT1). Cette protéine fait partie du système rénine-angiotensine, qui régule la pression artérielle et l'équilibre des liquides et des sels dans le corps. La liaison de l'angiotensine II au récepteur AT1 stimule également la production de l'hormone aldostérone, qui déclenche l'absorption de l'eau et du sel par les reins. L'augmentation de la quantité de liquide dans le corps augmente également la pression artérielle.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Incluez des sels faibles en sodium tels que le sel marin et le sel rose de l'Himalaya dans votre alimentation.
2. Limitez strictement votre consommation de sel si vous souffrez d'hypertension ou si vous avez des antécédents familiaux d'hypertension.

À ne pas faire

1. Évitez de dépasser l'apport quotidien recommandé en sel de table.
2. Évitez de consommer trop de cornichons, de sauces, de vinaigrettes et d'autres aliments emballés car ils contiennent du sel.

Métabolisme De La Caféine

CAFFEINE METABOLISM



Qu'est-ce que Métabolisme de la caféine ?

La caféine est un stimulant du système nerveux central, présent dans les boissons comme le café, le thé, les boissons énergisantes et les boissons gazeuses comme le cola. La caféine provoque un sentiment de vigilance et d'éveil lors de sa consommation. Cependant, cela peut aussi produire une forme légère de dépendance. En général, jusqu'à 400 mg de caféine semblent être une dose sûre pour les adultes, mais une grande variabilité est observée en termes de quantité de caféine pouvant être tolérée par un individu, qui elle-même est régie par des variations génétiques. Une consommation excessive de caféine peut provoquer plusieurs effets secondaires tels que l'anxiété, l'insomnie, des problèmes digestifs, l'hypertension artérielle et une fréquence cardiaque rapide.

6.2



Métabolisme de la
caféine

Interprétation

Selon votre génotype, votre métabolisme de la caféine est faible. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à métaboliser lentement la caféine et sont donc incapables d'en tolérer des quantités relativement plus élevées.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: Near CYP1A2

Votre Génotype: CC, CC

Code pour un type de famille du cytochrome P450 (CYP1) polycyclique aromatique inductible par les hydrocarbures humains appelé enzyme CYP1A2. Le CYP1A2 déméthyle les molécules de caféine en substances comme la paraxanthine et la paraxanthine. méthylxanthine (qui peut être excrétée par l'urine), réduisant ainsi la quantité et donc l'effet de la caféine dans l'organisme. Comme le métabolisme de la caféine, c'est-à-dire la détoxification du substrat (caféine) en produits excrétables en phase terminale comme l'acide 1 méthylurique, nécessite l'activité du CYP1A2 à plusieurs étapes, une réduction du taux de cette enzyme peut provoquer une accumulation de caféine ainsi que de ses sous-produits qui sont tout aussi préjudiciable à la santé.

Nom Du Gène: Near AHR

Votre Génotype: TT, AA

Cette variante est située à proximité du gène AHR. Le gène AHR code pour une protéine qui joue un rôle dans la régulation de l'expression d'autres gènes, notamment le gène CYP1A2, influençant ainsi le métabolisme de la caféine.

Nom Du Gène: CYP1A2

Votre Génotype: CC

Le gène CYP1A2 code pour une enzyme hépatique essentielle à la dégradation des molécules de caféine en substances pouvant être excrétées par l'urine. Cette fonction influence la quantité de caféine et ses effets dans l'organisme. Les variations du gène CYP1A2 peuvent avoir un impact sur le métabolisme de la caféine et sur ses effets sur l'organisme.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Limitez votre consommation de caféine.
2. Choisissez des boissons décaféinées plutôt que des boissons caféinées ordinaires.
3. Arrêtez de consommer de la caféine si vous ressentez de l'anxiété ou des palpitations cardiaques.

À ne pas faire

1. Évitez de consommer des boissons très caféinées telles que les boissons énergisantes.

Intolérance Au Gluten

GLUTEN INTOLERANCE RISK



Qu'est-ce que Intolérance au gluten ?

Le gluten est une forme de protéine de stockage qui est stockée avec l'amidon dans les graines de diverses céréales telles que le blé, l'orge, le seigle et l'avoine. Le gluten contenu dans le blé est responsable de son élasticité et de sa levée pendant le processus de cuisson. L'intolérance au gluten se caractérise par des réactions indésirables au gluten. La maladie coeliaque est la forme d'intolérance au gluten la plus grave. Les symptômes de l'intolérance au gluten lors de la consommation de produits contenant du gluten comprennent les ballonnements, la diarrhée, la constipation et les douleurs abdominales. La maladie coeliaque a également été associée à d'autres maladies telles que le diabète, les troubles thyroïdiens et d'autres maladies auto-immunes. Les personnes intolérantes au gluten peuvent consommer des céréales sans gluten. Un régime sans gluten est essentiel pour gérer les signes et symptômes de la maladie coeliaque et d'autres problèmes médicaux associés au gluten. Les variations génétiques peuvent influencer le risque de développer la maladie coeliaque.

Interprétation

6.4



Intolérance au gluten

Selon votre génotype, votre métabolisme du gluten est médiocre. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir un risque élevé de développer une intolérance au gluten. En cas d'ingestion de gluten, ils peuvent présenter des troubles gastro-intestinaux tels que des ballonnements abdominaux, des flatulences, des crampes et de la diarrhée.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: Near RGS1

Votre Génotype: AA

Cette variante est située à proximité du gène RGS1. Le gène RGS1 code pour une protéine qui appartient à la famille des protéines RGS ; il atténue l'activité de signalisation des protéines G. Le gène RGS1 est impliqué dans la voie responsable de l'inflammation de la muqueuse en cas de maladie coeliaque (MC) active. La MC est une maladie chronique à médiation immunitaire qui peut être déclenchée par la consommation de gluten alimentaire.

Nom Du Gène: Near IL18RAP

Votre Génotype: GA

Cette variante est située à proximité du gène IL18RAP. La protéine codée par le gène IL18RAP fait partie du récepteur de l'interleukine 18 (IL18), impliqué dans le déclenchement de l'immunité à médiation cellulaire. La protéine influence la signalisation par l'IL18. Les variations de ce gène sont associées à des affections telles que la maladie coeliaque (MC). La maladie coeliaque (MC) est une maladie chronique à médiation immunitaire qui peut être déclenchée par la consommation de gluten alimentaire.

Nom Du Gène: TAGAP

Votre Génotype: GG

Le gène TAGAP code pour une protéine qui pourrait jouer un rôle dans la protéine activatrice de la Rho GTPase. Les variations du gène TAGAP peuvent entraîner une augmentation de l'activité de la GTPase, ce qui peut éventuellement entraîner le développement de la maladie coeliaque (MC). Des variantes de ce gène peuvent jouer un rôle dans la réponse immunitaire de l'organisme à la MC ; La MC est une maladie chronique à médiation immunitaire qui peut être déclenchée par la consommation de gluten alimentaire.

Nom Du Gène: HLA-DRA

Votre Génotype: GT

Le gène HLA-DRA (complexe majeur d'histocompatibilité, classe II, DR alpha) code pour une protéine qui joue un rôle crucial dans la régulation du système immunitaire. Des variations peuvent conduire à une réponse immunitaire en réponse à la consommation de gluten et peuvent influencer la sensibilité au gluten d'un individu.

Nom Du Gène: REL

Votre Génotype: GG

Le gène REL code pour une protéine, c-Rel, qui appartient à la famille des facteurs de transcription Rel/NF-κB, qui aide à la régulation des gènes impliqués dans des processus importants comme l'inflammation et la réponse immunitaire. Des études ont suggéré une association entre c-REL et le développement d'une immunité adaptative anti-gluten.

Nom Du Gène: LPP

Votre Génotype: AC

Le gène LPP est fortement exprimé dans l'intestin grêle et participe à la régulation de divers processus cellulaires importants. Des études ont suggéré une forte relation entre la maladie coeliaque (MC) et le gène LPP. La MC est une maladie chronique à médiation immunitaire qui peut être déclenchée par la consommation de gluten alimentaire. Les variations du gène LPP peuvent conduire à ce que les taux de protéine-tyrosine-phosphatase 1B (PTP1B) deviennent adéquats ou excessifs. Cela peut conduire à une activité accrue de la kinase régulée par le signal extracellulaire (ERK), ce qui peut provoquer la progression de la MC.

Nom Du Gène: Near CCR3

Votre Génomotype: AG

Cette variante est située à proximité du gène CCR3. Le gène CCR3 code pour une protéine qui est un récepteur des chimiokines de type C-C. Il est fortement exprimé dans diverses cellules et peut également contribuer à l'accumulation et à l'activation de plusieurs cellules inflammatoires impliquées dans les voies respiratoires allergiques.

Nom Du Gène: HLA DQ7

Votre Génomotype: GG

Le système d'antigène leucocytaire humain (HLA) Le gène est associé à la synthèse du complexe majeur d'histocompatibilité (CMH), qui sont des protéines de surface cellulaire associées à la régulation du système immunitaire. Il a été démontré que les variations des gènes HLA DQ 8 sont de puissants prédictors génétiques de la sensibilité au gluten, individuellement et conjointement avec d'autres marqueurs des gènes HLA.

Nom Du Gène: HLA DQ2.2

Votre Génomotype: AA

Le système d'antigène leucocytaire humain (HLA) Le gène est associé à la synthèse du complexe majeur d'histocompatibilité (CMH), qui sont des protéines de surface cellulaire associées à la régulation du système immunitaire. Il a été démontré que les variations des gènes HLA DQ 8 sont de puissants prédictors génétiques de la sensibilité au gluten, individuellement et conjointement avec d'autres marqueurs des gènes HLA.

Nom Du Gène: HLA DQ8

Votre Génomotype: AA

HLA-DQ8 (DQ8) est un sérotype d'antigène leucocytaire humain appartenant au groupe des sérotypes HLA-DQ (DQ). DQ8 est un antigène divisé de l'antigène large DQ3. DQ8 est déterminé par la reconnaissance des anticorps de $\beta 8$ et cela détecte généralement le produit génique de DQB1*0302. Le DQ8 est généralement lié à une maladie auto-immune dans la population humaine. La DQ8 est la deuxième isoforme la plus prédominante liée à la maladie coeliaque et la DQ la plus liée au diabète juvénile. DQ8 augmente le risque de polyarthrite rhumatoïde et est lié au principal locus de risque de PR, HLA-DR4. DR4 joue également un rôle important dans le diabète juvénile.

Nom Du Gène: FUT2

Votre Génomotype: GA

Le gène FUT2 code pour une protéine qui influence la production de l'antigène H, qui est un antigène essentiel à la synthèse des antigènes A et B solubles. Ces antigènes agissent comme des points d'ancrage et des sources de carbone pour les bactéries intestinales présentes dans la muqueuse intestinale. Par conséquent, les variations du gène FUT2 s'avèrent associées à une altération du microbiote intestinal ; une altération des bactéries intestinales peut entraîner une intolérance au gluten.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Arrêtez de consommer des aliments riches en gluten si des symptômes d'intolérance au gluten sont observés.
2. Subir des tests de confirmation diagnostiques appropriés avec la consultation d'un médecin, si des symptômes d'intolérance au gluten sont observés.

À ne pas faire

1. Les problèmes gastro-intestinaux ne doivent pas être ignorés car ils pourraient être associés à une intolérance au gluten.

Intolérance Au Lactose



Qu'est-ce que Intolérance au lactose ?

Le lactose, communément appelé sucre du lait, est une forme de glucide présente dans le lait et d'autres produits laitiers. Cela donne aux produits laitiers un goût légèrement sucré. Le corps commence à métaboliser le lactose dans les intestins à l'aide de la lactase, une enzyme produite et libérée par les cellules qui tapissent l'intestin grêle. Lorsque l'organisme ne produit pas suffisamment d'enzyme lactase, le lactose est fermenté par les bactéries intestinales. Cela entraîne la formation d'acide lactique et de divers gaz dans l'estomac, provoquant des symptômes liés à l'intolérance au lactose. Les symptômes de l'intolérance au lactose sont des ballonnements, des gaz dans l'estomac et de la diarrhée. Les variations génétiques peuvent influencer le risque de développer une intolérance au lactose.

7.0



Intolérance au lactose

Interprétation

Selon votre génotype, votre métabolisme du lactose est médiocre. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir un risque élevé de développer une intolérance au lactose. Il est généralement conseillé à ces personnes de limiter leur consommation de produits laitiers ou de les éviter complètement.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: MCM6

Votre Génotype: TC, TC

Un élément régulateur (qui est une séquence d'ADN spécifique), au sein du gène MCM6, joue un rôle clé dans la régulation de l'activité ou de l'expression du gène LCT. Le gène LCT code pour une enzyme, la lactase, qui contribue au métabolisme du lactose. Une activité ou une expression réduite du gène LCT peut présenter un risque d'intolérance au lactose.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Consommez des alternatives au lait riche en lactose comme le lait de soja et le lait d'amande.

À ne pas faire

1. Évitez de négliger les symptômes de l'intolérance au lactose.



Résumé de la catégorie

RÉPONSE AUX TYPES DE RÉGIME

4.9



Régime méditerranéen



Régime Méditerranéen



Mediterranean diet

Qu'est-ce que Régime méditerranéen ?

Le régime méditerranéen est un régime alimentaire basé sur la cuisine traditionnelle des pays riverains de la mer Méditerranée, comme l'Italie, la Grèce et l'Espagne. Il se caractérise par l'accent mis sur les aliments d'origine végétale tels que les fruits, les légumes, les grains entiers, les légumineuses et les noix, ainsi que sur les graisses saines, comme l'huile d'olive. En outre, le régime comprend des quantités modérées de fruits de mer, de volaille et de produits laitiers, ainsi que des quantités limitées de viande rouge et d'aliments transformés. Le régime méditerranéen a été associé à un certain nombre de bienfaits pour la santé, notamment la gestion du poids, la réduction du risque de maladie cardiaque, de diabète de type 2 et de certains types de cancer, ainsi qu'à l'amélioration des fonctions cognitives et de la santé mentale. La génétique détermine l'étendue des bienfaits pouvant être conférés par le régime méditerranéen et son utilité dans la gestion du poids et la santé globale.

4.9



Régime méditerranéen

Interprétation

Selon votre génotype, votre réponse au régime méditerranéen est typique. Les personnes présentant un tel profil génétique ont tendance à présenter une réponse moyenne au régime méditerranéen en ce qui concerne la gestion du poids et la réduction du risque de syndrome métabolique.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: Near FUCA1

Votre Génotype: AA

La protéine codée par ce gène est une enzyme lysosomale impliquée dans la dégradation des glycoprotéines et des glycolipides contenant du fucose. Les mutations de ce gène sont associées à la fucosidose (FUCA1D), qui est une maladie de stockage lysosomal autosomique récessive. Un pseudogène de ce locus est présent sur chr 2.

Nom Du Gène: CLOCK

Votre Génotype: CC, CC

La protéine codée par ce gène joue un rôle central dans la régulation des rythmes circadiens. La protéine codée forme un hétérodimère avec ARNTL (BMAL1) qui se lie aux éléments amplificateurs de la boîte E en amont des gènes Period (PER1, PER2, PER3) et Cryptochrome (CRY1, CRY2) et active la transcription de ces gènes. Les polymorphismes de ce gène peuvent être associés à des changements de comportement dans certaines populations ainsi qu'à l'obésité et au syndrome métabolique.

Nom Du Gène: MLXIPL

Votre Génotype: CG

Ce gène code pour un facteur de transcription basique de la leucine zipper hélice-boucle-hélice de la superfamille Myc/Max/Mad. Cette protéine forme un complexe hétérodimère et se lie et active, de manière glucose-dépendante, les motifs des éléments de réponse glucidique (ChoRE) dans les promoteurs des gènes de synthèse des triglycérides. Le gène est supprimé dans le syndrome de Williams-Beuren, un trouble du développement multisystémique causé par la suppression de gènes contigus au niveau du chromosome 7.

Nom Du Gène: MTNR1B

Votre Génotype: GG

Le gène du récepteur 1B de la mélatonine code pour l'une des deux formes de haute affinité d'un récepteur de la mélatonine, la principale hormone sécrétée par la glande pinéale. Ce produit génique est une protéine membranaire intégrale qui est un récepteur 7-transmembranaire couplé à la protéine G. On pense qu'elle participe aux fonctions dépendantes de la lumière dans la rétine et pourrait être impliquée dans les effets neurobiologiques de la mélatonine.

Nom Du Gène: APOA1

Votre Génotype: GG

Ce gène code pour l'apolipoprotéine A-I, le composant protéique majeur des lipoprotéines de haute densité (HDL) dans le plasma. La préproprotéine codée est traitée protéolytiquement pour générer la protéine mature, qui favorise l'efflux de cholestérol des tissus vers le foie pour l'excrétion, et est un cofacteur de la lécithine cholestérol acyltransférase (LCAT), une enzyme responsable de la formation de la plupart des esters de cholestérol plasmatiques. Ce gène est étroitement lié à deux autres gènes d'apolipoprotéine sur le chromosome 11. Les défauts de ce gène sont associés à des déficits en HDL, notamment la maladie de Tanger et l'amylose systémique non neuropathique.

Nom Du Gène: TCF7L2

Votre Génotype: CT, GT

Ce gène code pour un facteur de transcription contenant une boîte de groupe à haute mobilité (HMG) qui joue un rôle clé dans la voie de signalisation Wnt. La protéine a été impliquée dans l'homéostasie de la glycémie. Les variantes génétiques de ce gène sont associées à un risque accru de diabète de type 2. Plusieurs variantes de transcription codant pour plusieurs isoformes différentes ont été trouvées pour ce gène.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Adhérer au régime méditerranéen est une stratégie utile pour gérer le poids et réduire le risque de développer un syndrome métabolique.
2. Incluez une variété de fruits et légumes frais de saison dans votre alimentation.
3. Incorporez des grains entiers et des légumineuses à votre alimentation.
4. Incorporez des graisses saines provenant de sources de graisses monoinsaturées et polyinsaturées comme la volaille et les fruits de mer, si votre alimentation le permet.

À ne pas faire

1. Évitez les aliments transformés et emballés, comme les fast-foods et les collations riches en sel, en sucre et en gras.



Résumé de la catégorie

LIÉ À L'ENDURANCE

7.6



Seuil de lactate

4.9



Capacité aérobie

4.5



Endurance



Seuil De Lactate

LACTATE THRESHOLD



Qu'est-ce que Seuil de lactate ?

Le lactate est produit par l'organisme lors de la glycolyse anaérobie. Ce lactate est ensuite utilisé comme carburant par la voie du métabolisme aérobie pour la production d'énergie. Cependant, lors d'un exercice intense, le système aérobie n'est pas en mesure d'utiliser tout le lactate produit par le système anaérobie, ce qui augmente la concentration de lactate. Cela est directement lié à la fatigue musculaire. Par conséquent, le seuil de lactate est défini comme l'intensité de l'exercice à laquelle la concentration de lactate commence à augmenter de façon exponentielle, provoquant ainsi de la fatigue. L'intensité de l'exercice en dessous du seuil lactate peut se faire sans aucune sensation apparente de malaise et de fatigue. Par conséquent, un seuil de lactate plus élevé entraîne une amélioration des performances puisqu'une intensité d'exercice plus élevée peut être obtenue.

Interprétation

7.6



Seuil de lactate

La composante génétique de votre seuil lactique est faible. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir une faible clairance et une mauvaise utilisation du lactate. Cela peut entraîner des performances moins qu'optimales dans les activités d'endurance, car elles ont tendance à être incapables de soutenir une intensité d'effort plus élevée sans fatigue.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: PPARD

Votre Génotype: AG

Le gène PPARD code pour une protéine qui peut affecter la production d'énergie. Dans les tissus musculaires, l'expression de ce gène est augmentée en raison de l'exercice, ce qui peut entraîner une augmentation de la capacité de combustion des graisses et une augmentation des fibres musculaires de type I. Les fibres musculaires de type I constituent le principal groupe de muscles utilisés dans des activités telles que la course à pied, le cyclisme, la natation et l'entraînement d'endurance.

Nom Du Gène: MCT1

Votre Génotype: AT

Le gène MCT1 code pour une protéine (transporteur de monocarboxylate 1), qui influence le transport du lactate à travers les membranes, pour produire de l'ATP, la monnaie énergétique des cellules. Il s'agit d'un processus important pour le métabolisme cellulaire, notamment celui des muscles squelettiques. Des défauts du transporteur de lactate dans les muscles squelettiques peuvent provoquer de la fatigue et des crampes musculaires pendant l'exercice. Des variantes du gène MCT1 peuvent influencer l'apparition de la fatigue. L'expression de MCT1 dans les muscles peut aider à compenser la fatigue ; une expression accrue de MCT1 peut impliquer une probabilité réduite de ressentir facilement de la fatigue.

Nom Du Gène: PPARGC1A

Votre Génotype: GG

On pense que le gène PARAGC1A influence la disponibilité de produits chimiques au cours des dernières étapes d'un marathon et la conversion de ces produits chimiques en ATP, la monnaie énergétique du corps. Cette influence a un effet direct sur la fonction des muscles squelettiques lors d'un marathon, affectant ainsi le seuil lactate.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Entrenez des séances de fartlek et des entraînements de sprint pour améliorer le seuil de lactate.
2. Entrenez un entraînement de haute intensité car il est optimal pour augmenter le seuil de lactate ; l'intensité de l'entraînement doit être supérieure au seuil de lactate, correspondant à environ 85 à 95 % de la fréquence cardiaque maximale.
3. Effectuez au moins deux séances d'entraînement améliorant le seuil lactate (comme celles mentionnées ci-dessus) chaque semaine.
4. Vous pouvez également en ajouter un troisième si le seuil lactique ne semble pas s'améliorer.

À ne pas faire

1. Évitez les courses régulières conventionnelles pour améliorer le seuil de lactate, car elles ne sont pas efficaces pour ce faire.

Capacité Aérobie



Qu'est-ce que Capacité aérobie ?

La capacité aérobie, également appelée VO2 max, est définie comme la capacité maximale de notre corps à transporter et à utiliser l'oxygène pendant l'exercice. Pendant les exercices d'aérobic, l'oxygène est utilisé pour décomposer les réserves de carburant nécessaires à la production d'énergie et sa demande augmente avec l'intensité de l'exercice. Un entraînement approprié conduit à une amélioration de la capacité aérobie, ce qui se traduit directement par une amélioration des performances. Cependant, l'ampleur et la facilité avec lesquelles ces améliorations sont réalisées sont régies par la génétique. Les personnes ayant une génétique favorable trouvent qu'il est très facile d'améliorer leur capacité aérobie, tandis que d'autres peuvent trouver cela très difficile. Divers gènes impliqués dans l'approvisionnement et l'utilisation de l'oxygène cellulaire régulent la capacité d'entraînement de la capacité aérobie.

Interprétation

4.9



Capacité aérobie

Selon votre génotype, votre capacité d'entraînement aérobie est typique. Les personnes possédant un tel génotype suscitent généralement une réponse moyenne en ce qui concerne l'amélioration de leur capacité aérobie grâce à un entraînement approprié. Par conséquent, vous devez déployer des efforts supplémentaires pour améliorer votre capacité aérobie afin d'améliorer vos performances dans les activités aérobiques.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: Near BIRC7

Votre Génotype: GG

Cette variante est située à proximité du gène BIRC7. Le gène BIRC7 code pour une protéine (protéine 7 contenant des répétitions baculovirales IAP), qui joue un rôle clé dans la mort cellulaire programmée, la prolifération cellulaire et le contrôle du cycle cellulaire. La variation de ce gène a été associée à la réponse à l'entraînement de VO2max.

Nom Du Gène: Near KCNH8

Votre Génotype: TT

Cette variante est située à proximité du gène KCNH8. Cette variante s'est avérée être un prédicteur de la réponse $\dot{V}\dot{O}_2\text{max}$ à l'entraînement physique. Le gène KCNH8 code pour une protéine (membre 8 de la sous-famille H des canaux voltage-dépendants potassiques), qui est principalement exprimée dans le système nerveux humain.

Nom Du Gène: Near GRIN3A

Votre Génotype: GA

Cette variante est située à proximité du gène GRIN3A. Le gène GRIN3A code pour une protéine (sous-unité 3A du récepteur ionotrope du glutamate de type NMDA), qui est exprimée dans les cellules neurales. Les variations associées au gène GRIN3A se sont révélées être de puissants prédicteurs de la capacité d'entraînement de VO_2max .

Nom Du Gène: Near PRDM1

Votre Génotype: GG

Cette variante est située à proximité du gène PRDM1. Cette variante s'est avérée jouer un rôle important en tant que prédicteur de VO_2max . Le gène PRDM1 code pour une protéine (protéine à doigt de zinc 1 du domaine PR) ; une expression accrue de cette protéine peut entraîner une réponse immunitaire par l'intermédiaire de plasmocytes sécrétant des anticorps (un type de globules blancs). Il joue également un rôle dans la régulation des cellules souches hématopoïétiques (cellules qui produisent les cellules sanguines).

Nom Du Gène: Near DBX1

Votre Génotype: AA

Cette variante est située à proximité du gène DBX1. Le gène DBX1 code pour une protéine (homéobox 1 du cerveau en développement), impliquée dans le destin neuronal, permettant la spécification des cellules nerveuses qui jouent un rôle dans les fonctions biologiques primaires comme la locomotion (mouvement) ou la respiration.

Nom Du Gène: Near RGS18

Votre Génotype: GG

Cette variante est située à proximité du gène RGS18. Des études ont associé cette variante à des gains de $\dot{V}\dot{O}_2\text{max}$. Le gène RGS18 code pour une protéine (régulateur de la signalisation 18 de la protéine G), qui augmente la conversion du GTP en GDP. Les protéines G jouent un rôle clé dans divers processus cellulaires, notamment la croissance cellulaire et la synthèse des protéines.

Nom Du Gène: Near DAAM1

Votre Génotype: AA

Cette variante est située à proximité du gène DAAM1. Des études ont associé cette variante à des gains de $\dot{V}\dot{O}_2\text{max}$. Le gène DAAM1 code pour une protéine (activateur associé échevelé de la morphogenèse 1), qui, dans le tissu musculaire squelettique, régule la croissance cellulaire et favorise la croissance et l'arrangement de nouveaux filaments d'actine, qui jouent un rôle dans la création de la force responsable de la contraction musculaire.

Nom Du Gène: CAMTA1

Votre Génotype: GG

Le gène CAMTA1 code pour une protéine (calmodulin-binding transcription activator 1), qui est un activateur transcriptionnel (une protéine qui augmente la première étape du processus d'expression génique). Des études ont associé des variations de ce gène à des gains moindres de VO_2max .

Nom Du Gène: Near NDN

Votre Génotype: GG

Cette variante est située à proximité du gène NDN. Des études ont associé cette variante à des gains de $\dot{V}\dot{O}_2\text{max}$. Le gène NDN code pour une protéine (necdine), qui agit comme un suppresseur de croissance.

Nom Du Gène: Near ZIC4

Votre Génotype: AA

Cette variante est située à proximité du gène ZIC4. Des études ont associé cette variante à la réponse $\dot{V}\dot{O}_2\text{max}$ à l'entraînement. Le gène ZIC4 code pour une protéine qui joue un rôle clé au cours du développement. Ce gène est exprimé dans le système nerveux central et aurait un effet sur le développement moteur et le tonus musculaire.

Nom Du Gène: ACSL1

Votre Génotype: AA

Il a été constaté que le gène ACSL1 a une forte influence sur la réponse à l'entraînement VO_2max en pilotant des processus complexes dans les cellules qui affectent la disponibilité de l'ATP, un produit chimique qui fournit de l'énergie pour piloter de nombreux processus cellulaires.

Nom Du Gène: HIF1A

Votre Génotype: CC

HIF1A peut influencer la réponse à l'hypoxie (privation d'un apport adéquat en oxygène) et la consommation d'oxygène des cellules en activant les gènes qui affectent la formation des globules rouges et des vaisseaux sanguins. Ces facteurs jouent un rôle dans la détermination de la capacité aérobie.

Nom Du Gène: CNTF

Votre Génotype: GG

Le gène CNTF code pour une protéine (facteur neurotrophique ciliaire) qui joue un rôle dans les tissus neuronaux et musculaires. Des études ont associé une variante de ce gène à une plus grande force et qualité musculaires à des vitesses de contraction relativement rapides, ce qui conduit à la conclusion qu'une force et une qualité musculaires améliorées peuvent entraîner une augmentation de la puissance aérobie.

Nom Du Gène: NR3C1

Votre Génotype: GG

Le gène NR3C1 influence la sensibilité au cortisol. Le cortisol est une hormone qui peut être bénéfique en réponse au stress, y compris au stress physique. Cependant, en entreprenant de gros volumes d'exercice sans temps de récupération suffisant, les niveaux de cortisol peuvent augmenter pendant de longues périodes. Une exposition prolongée peut entraîner une dégradation des tissus musculaires, ce qui a un impact négatif sur les gains musculaires et les performances physiques.

Nom Du Gène: AKT1

Votre Génotype: GG

Le gène AKT1 joue un rôle dans la croissance et le métabolisme des muscles squelettiques. Les variations de ce gène peuvent influencer les réponses à l'entraînement aérobie.

Nom Du Gène: AMPD1

Votre Génotype: CC

Le gène AMPD1 joue un rôle clé dans la production de molécules que les cellules musculaires peuvent utiliser pour générer de l'énergie lors d'activités physiques.

Nom Du Gène: GSTP1

Votre Génotype: AG

Le gène GSTP1 influence la production d'une enzyme qui joue un rôle important dans la détoxification en réduisant les effets néfastes de certains composés produits lors de l'exercice.

Nom Du Gène: GABPB1

Votre Génotype: AA, AC

Le gène GABPB1 joue un rôle dans la production de la protéine Nrf2. En réponse à l'exercice et à l'augmentation de la demande d'énergie dans les muscles, la protéine Nrf2 améliore la capacité respiratoire et augmente le taux de production d'ATP (énergie). Par conséquent, des variantes du gène GABPB1 peuvent influencer la capacité aérobie des athlètes d'endurance.

Nom Du Gène: VEGFA

Votre Génotype: GC

Le VEGFA joue un rôle dans la production d'une protéine cruciale dans le processus d'angiogenèse induite par l'exercice, c'est-à-dire la formation de nouveaux vaisseaux sanguins provoquée par l'exercice. Les variations de ce gène peuvent influencer la VO2max avant et après un entraînement aérobique.

Nom Du Gène: PPARD

Votre Génotype: TC

Le gène PPARD code pour une protéine qui peut affecter la production d'énergie. Dans les tissus musculaires, l'expression de ce gène est augmentée en raison de l'exercice, ce qui peut entraîner une augmentation de la capacité de combustion des graisses et une augmentation des fibres musculaires de type I. Les fibres musculaires de type I constituent le principal groupe de muscles utilisés dans des activités telles que la course à pied, le cyclisme, la natation et l'entraînement d'endurance. Les variations du gène PPARD peuvent influencer le changement de la capacité aérobie lors d'interventions sur le mode de vie.

Nom Du Gène: ADRB2

Votre Génotype: AG

Le gène ADRB2 influence la sensibilité de notre corps aux effets de l'adrénaline. Les variations du gène ADRB2 peuvent affecter la fréquence cardiaque et entraîner une augmentation du pompage du sang dans le corps, qui transporte l'oxygène et les nutriments vers les muscles ; cela peut augmenter la taille de la trachée, permettant ainsi à plus d'oxygène d'être absorbé ; et cela peut également augmenter la dégradation des graisses, qui servent de carburant pendant l'exercice. De tels effets provoqués par différentes variations de ce gène influencent la réponse à de meilleures améliorations du VO2max.

Nom Du Gène: PPARA

Votre Génotype: GG

Le gène PPARA est important pour la production d'une protéine qui à son tour active d'autres gènes et régule également l'oxydation des acides gras pendant l'exercice. Ce gène a un effet sur la réponse du corps à divers exercices ; lorsque les cellules sont privées d'énergie suffisante dans certaines conditions qui épuisent les réserves d'énergie du corps, par ex. pendant l'exercice, le gène PPARA est activé.

Nom Du Gène: PPARGC1A

Votre Génotype: GG

Le gène PPARGC1A joue un rôle dans la production d'une protéine qui a des effets bénéfiques sur l'organisme, suite à l'exercice. PPARGC1A affecte l'utilisation de l'oxygène et la fatigue musculaire et certaines variantes de PPARGC1A peuvent influencer les performances d'endurance.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Entrenez des entraînements par intervalles de haute intensité (HIIT), car ils sont les plus efficaces pour augmenter la capacité aérobie. Les intervalles de haute intensité doivent être effectués à plus de 85 % de la fréquence cardiaque maximale.
2. Gardez une séance HIIT par semaine, car cela est recommandé pour améliorer la capacité aérobie.
3. Consommez des aliments riches en fer et en vitamine B, car ils peuvent être utiles.

À ne pas faire

1. Évitez de consommer de la nicotine et des produits contenant du tabac tels que les cigarettes.
2. Évitez d'entreprendre uniquement des séances de formation lentes et à distance pour la construction de bases ; concentrez-vous sur les séances de haute intensité.

Endurance



Qu'est-ce que Endurance ?

L'endurance est la capacité du corps à maintenir une activité physique pendant une période prolongée. Une capacité d'endurance élevée indique qu'un individu peut entreprendre des activités d'intensité légère à modérée pendant une durée prolongée avec des inconforts minimes comme l'essoufflement et la fatigue. La performance d'endurance est dictée par des facteurs tels que la capacité aérobie, l'oxydation des graisses, le métabolisme aérobie, le seuil de lactate, l'économie d'exercice et le pourcentage de fibres musculaires à contraction lente. La génétique joue un rôle important dans ces facteurs et détermine donc si un individu est apte ou non aux activités d'endurance.

Interprétation

4.5



Endurance

Vous avez un profil génétique typique pour l'Endurance. Les personnes ayant un tel profil génétique ont généralement une capacité moyenne pour les activités d'endurance et ont du mal à atteindre des niveaux de performance très élevés dans les épreuves d'endurance. Cependant, suivre un programme d'entraînement strict pourrait compenser le désavantage causé par la génétique.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: TFAM

Votre Génotype: GG

Les mitochondries sont essentielles à la production d'énergie, ce qui est crucial pour la réalisation d'activités/exercices physiques. Par conséquent, le maintien d'un niveau optimal d'ADN mitochondrial et l'expression de ses gènes sont importants pour l'approvisionnement énergétique. Le gène TFAM code pour une protéine (facteur de transcription mitochondrial A), nécessaire à l'expression de l'ADN mitochondrial et à la protection des cellules contre le stress oxydatif. Il a été noté que les activités physiques et aérobies ont tendance à augmenter l'expression du TFAM et, par conséquent, le nombre d'ADN mitochondrial. Des études ont trouvé une association entre une variation de ce gène et la performance physique des athlètes.

Nom Du Gène: RBFOX1

Votre Génotype: GG

Le gène RBFOX1 code pour une protéine (protéine de liaison à l'ARN, homologue fox-1 1), qui joue un rôle clé dans la régulation de l'expression des gènes. Cette protéine peut influencer la différenciation musculaire. Une variation du gène RBFOX1 a été associée à une fonction musculaire favorable chez les athlètes d'endurance ; Il a été démontré que cette variation est surreprésentée chez les athlètes d'endurance par rapport aux athlètes de puissance.

Nom Du Gène: PPARGC1B

Votre Génotype: GG

Le gène PPARGC1B code pour une protéine [récepteur gamma activé par les proliférateurs de peroxyssomes, coactivateur 1 bêta (PGC1 β)]. PPARGC1B ainsi que le gène PPARGC1A jouent un rôle clé dans la régulation de l'adipogenèse (formation de cellules adipeuses), de la signalisation de l'insuline, de la lipolyse (dégradation des graisses), de la biogenèse mitochondriale (production de nouvelles mitochondries), de l'angiogenèse (formation de nouveaux vaisseaux sanguins) et hépatique. gluconéogenèse (production de glucose par le foie). Il a été rapporté que des variations dans les gènes PPARGC1B et PPARGC1A influencent la morphologie musculaire, la consommation d'oxygène, la puissance de sortie et les performances d'endurance, qui peuvent être associées aux performances sportives d'élite.

Nom Du Gène: NFIA-AS2

Votre Génotype: CC

Le gène NFIA-AS2 code pour un long ARN non codant qui jouerait un rôle dans la régulation de l'expression d'un autre gène qui influencerait éventuellement l'érythropoïèse (production de globules rouges) et la granulopoïèse (production de granulocytes qui sont un type de globules blancs). cellule sanguine). Les variations de ce gène, qui influence l'érythropoïèse, jouent un rôle dans la capacité d'un individu à atteindre des niveaux élevés dans les activités d'endurance.

Nom Du Gène: EPAS1

Votre Génotype: GG, CC

Le gène EPAS1 donne des instructions pour fabriquer une protéine ; qui est une partie (sous-unité) d'un complexe protéique plus vaste, jouant un rôle essentiel dans la capacité du corps à s'adapter aux changements des niveaux d'oxygène. Ce gène permet des activités qui favorisent l'apport d'oxygène aux tissus lors des exercices d'endurance, influençant ainsi la performance.

Nom Du Gène: COL6A1

Votre Génotype: TC

Ce gène code pour la chaîne alpha-1 (VI) du collagène protéique. Le collagène de type VI est situé dans l'espace entourant les cellules qui composent les muscles utilisés pour le mouvement (cellules des muscles squelettiques) et les cellules qui constituent le tissu conjonctif, qui confère force et flexibilité aux structures de tout le corps, y compris la peau et les articulations. Le collagène VI régule la formation de fines fibrilles présentes dans les fibres de collagène.

Nom Du Gène: GNB3

Votre Génotype: CT

Le gène GNB3 code pour la sous-unité G β 3 des protéines G. Il a été suggéré qu'une variation de ce gène est associée à une activation accrue de la protéine G et que l'on pense que les protéines G sont influencées par l'exercice aérobie.

Nom Du Gène: AQP1

Votre Génotype: GG

Ce gène code pour la protéine Aquaporin 1. AQP1 facilite le transfert de l'eau du sang vers le muscle et favorise la réabsorption de l'eau. La régulation du débit d'eau à travers les membranes cellulaires est essentielle au maintien de l'équilibre hydrique inter et intracellulaire, essentiel à la santé et à la performance physique. Les fonctions AQP1 sont vitales pendant l'exercice et ont une profonde influence sur les performances en course d'endurance.

Nom Du Gène: UCP3

Votre Génotype: CC

Les protéines de découplage (UCP) jouent un rôle dans la dépense énergétique, la thermogenèse (production de chaleur corporelle), la régulation des acides gras libres et la réduction des espèces réactives de l'oxygène (l'accumulation de telles molécules peut être nocive). Le gène UCP3 code pour une protéine (protéine de découplage mitochondrial 3 - UCP3), qui est exprimée sélectivement dans les muscles squelettiques. La protéine UCP3 est impliquée dans la régulation du métabolisme énergétique, le contrôle du poids et dans la modulation de l'utilisation des graisses et du glucose pour la production d'énergie. Il a été démontré qu'une variation du gène UCP3 est associée aux athlètes d'endurance.

Nom Du Gène: CKM

Votre Génotype: AA

Ce gène code pour la protéine créatine kinase spécifique du muscle. C'est une enzyme impliquée dans le maintien de l'homéostasie énergétique de la cellule musculaire. Il est associé à la performance physique des muscles squelettiques et contribue à l'absorption maximale d'oxygène (VO2max) pendant l'entraînement d'endurance.

Nom Du Gène: AGTR2

Votre Génotype: CC

Certaines variations du gène AGTR2 sont associées à une proportion accrue de fibres musculaires à contraction lente, liées aux activités d'endurance comme la course de longue distance. Par conséquent, ce gène est responsable de la détermination du statut d'athlète d'endurance et de la performance aérobie.

Nom Du Gène: HIF1A

Votre Génotype: CC

HIF1A peut influencer la réponse à l'hypoxie (privation d'un apport adéquat en oxygène) et la consommation d'oxygène des cellules en activant les gènes qui affectent la formation des globules rouges et des vaisseaux sanguins. Il assure l'adaptation des muscles squelettiques à l'entraînement d'endurance.

Nom Du Gène: AMPD1

Votre Génotype: CC

Le gène AMPD1 joue un rôle clé dans la production de molécules que les cellules musculaires peuvent utiliser pour générer de l'énergie lors d'activités physiques.

Nom Du Gène: SLC2A4

Votre Génotype: AG

Le gène SLC2A4 code pour une protéine [famille de transporteurs de soluté 2 (transporteur de glucose facilité), membre 4, également connue sous le nom de GLUT4], qui joue un rôle important dans la régulation du métabolisme du glucose en facilitant l'absorption du glucose par les cellules musculaires. ceci est nécessaire à la production d'énergie pendant les activités d'endurance.

Nom Du Gène: UCP2

Votre Génotype: CT

Le gène UCP2 code pour une protéine (protéine de découplage mitochondrial 2) impliquée dans la régulation du métabolisme lipidique et de la dépense énergétique. L'entraînement d'endurance peut entraîner une augmentation de la teneur en ARNm UCP2 et en protéines dans les muscles squelettiques. Une variation du gène UCP2 s'est avérée associée à une modification de l'indice de masse corporelle (IMC), de l'activité physique et des modifications de la dépense énergétique. Un génotype spécifique a été associé à une efficacité physique plus élevée, une efficacité métabolique améliorée et une activité physique.

Nom Du Gène: TSHR

Votre Génotype: CT

Le gène TSHR code pour une protéine qui influence la production d'hormones thyroïdiennes et régule le métabolisme des cellules thyroïdiennes. Les hormones thyroïdiennes ont un effet sur les tissus musculaires squelettiques. Une variation du gène TSHR est associée à son expression plus élevée, ce qui peut entraîner une augmentation de l'angiogenèse (formation de nouveaux vaisseaux sanguins) et/ou du taux métabolique, qui sont des facteurs qui ont une influence directe sur la performance aérobie.

Nom Du Gène: NOS3

Votre Génotype: TT, GG

Une variante du gène NOS3 est associée à la production d'une enzyme (eNOS) qui affecte la production d'oxyde nitrique, ce qui à son tour influence le processus qui peut aider à réguler la pression artérielle (vasodilatation dépendante de l'endothélium) en réponse à l'exercice. Une dépense énergétique plus élevée peut augmenter considérablement l'activité du gène NOS3 et la vasodilatation associée aux activités physiques. Certaines variantes sont associées à des performances d'endurance.

Nom Du Gène: GABPB1

Votre Génotype: AA, AC

GABPB1 est un marqueur génétique chez les athlètes d'endurance. Le gène GABPB1 joue un rôle dans la production de la protéine Nrf2. En réponse à l'exercice et à l'augmentation de la demande d'énergie dans les muscles, la protéine Nrf2 améliore la capacité respiratoire et augmente le taux de production d'ATP (énergie). Par conséquent, des variantes du gène GABPB1 peuvent influencer la capacité aérobie des athlètes d'endurance.

Nom Du Gène: VEGFA

Votre Génotype: GC

Le gène VEGFA joue un rôle dans la production d'une protéine cruciale dans le processus d'angiogenèse induite par l'exercice, c'est-à-dire la formation de nouveaux vaisseaux sanguins provoquée par l'exercice. Les variations de ce gène peuvent influencer la VO2max avant et après un entraînement aérobique, influençant ainsi l'état d'endurance de l'athlète.

Nom Du Gène: PPARD

Votre Génotype: TC

Le gène PPARD code pour une protéine qui peut affecter la production d'énergie. Dans les tissus musculaires, l'expression de ce gène est augmentée en raison de l'exercice, ce qui peut entraîner une augmentation de la capacité de combustion des graisses et une augmentation des fibres musculaires de type I. Les fibres musculaires de type I constituent le principal groupe de muscles utilisés dans des activités telles que la course à pied, le cyclisme, la natation et l'entraînement d'endurance.

Nom Du Gène: MCT1

Votre Génotype: AT

Le gène MCT1 code pour une protéine responsable du transport du lactate à travers la membrane cellulaire, ce qui revêt une importance primordiale dans les tissus squelettiques. Le gène MCT1 influence également le transport des molécules utilisées pour produire l'ATP ; la monnaie énergétique des cellules. Des études ont associé une variante du MCT1 au statut d'athlète d'endurance et au taux de lactate sanguin après un exercice intensif.

Nom Du Gène: COL5A1

Votre Génotype: TC

Ce gène code pour la chaîne protéique du collagène alpha-1 (V), que l'on trouve dans les ligaments, les tendons et d'autres tissus contenant du collagène de type I. Le gène COL5A1 a été associé à la fois aux performances de course d'endurance et au test de flexibilité de l'amplitude de mouvement en position assise.

Nom Du Gène: ACE

Votre Génotype: AA

Le gène ACE joue un rôle dans la production d'une enzyme (angiotensine II) qui contrôle la pression artérielle et équilibre les liquides et le sel dans le corps. Certaines variantes de ce gène peuvent contribuer à de meilleures améliorations lors d'un entraînement de plus haute intensité. Certaines variations des gènes ACE montrent une plus grande réponse à l'entraînement de force et d'endurance.

Nom Du Gène: HFE

Votre Génotype: CG

Ce gène code pour la protéine (régulateur homéostatique du fer) essentielle à la régulation de l'absorption du fer. Le fer, à son tour, est essentiel au métabolisme énergétique et au transport de l'oxygène vers les tissus à partir du sang, influençant ainsi l'activité d'endurance.

Nom Du Gène: ADRB2

Votre Génotype: AG

Le gène ADRB2 influence la sensibilité de notre corps aux effets de l'adrénaline. Les variations du gène ADRB2 peuvent affecter la fréquence cardiaque et entraîner une augmentation du pompage du sang dans le corps, qui transporte l'oxygène et les nutriments vers les muscles ; il peut augmenter la taille de la trachée, permettant ainsi à plus d'oxygène d'être absorbé. Le gène ADRB2 s'exprime dans tous les systèmes cardiovasculaire, respiratoire, métabolique et musculo-squelettique, tout en augmentant la dégradation des graisses (métabolisme lipidique), qui agit comme un carburant pendant l'exercice, influençant ainsi les performances d'endurance.

Nom Du Gène: PPARA

Votre Génotype: GG

Le gène PPARA est important pour la production d'une protéine qui à son tour active d'autres gènes et régule également l'oxydation des acides gras pendant l'exercice. Ce gène a un effet sur la réponse du corps à divers exercices ; lorsque les cellules sont privées d'énergie suffisante dans certaines conditions qui épuisent les réserves d'énergie du corps, par ex. pendant l'exercice, le gène PPARA est activé. Des variantes du gène PPARA peuvent influencer l'activité sportive d'endurance de l'athlète.

Nom Du Gène: PPARGC1A

Votre Génotype: GG

Le gène PPARGC1A joue un rôle dans la production d'une protéine qui a des effets bénéfiques sur l'organisme, suite à l'exercice. PPARGC1A affecte l'utilisation de l'oxygène et la fatigue musculaire et certaines variantes du gène PPARGC1A peuvent influencer les performances d'endurance ; il a également un effet direct sur la fonction des muscles squelettiques lors d'un marathon, affectant ainsi le seuil lactate.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Insistez sur tous les facteurs de performance d'endurance pouvant être entraînés, tels que la capacité aérobie, le seuil de lactate, l'endurance mentale, la résistance à la fatigue et l'économie d'exercice.
2. Augmentez progressivement le kilométrage et l'intensité pour éviter de vous blesser.
3. Envisagez l'utilisation de suppléments car ils peuvent améliorer les performances d'endurance, par ex. la caféine et la bêta-alanine.
4. Réduisez le poids car cela améliore également l'économie d'exercice.
5. Entreprenez une charge en glucides avant de courir sur de longues distances.
6. Reposez-vous suffisamment après des entraînements de haute intensité ou à volume élevé.

À ne pas faire

1. Évitez de vous entraîner uniquement avec des séances longue distance et de faible intensité.
2. Évitez les techniques d'exercice inappropriées.
3. Évitez une mauvaise alimentation car cela peut nuire aux niveaux d'énergie et à la récupération musculaire.



Résumé de la catégorie

LIÉ À LA PUISSANCE

3.9



Force de préhension

4.5



Pouvoir



Force De Préhension



Qu'est-ce que Force de préhension ?

La force de préhension est la force générée par la main pour saisir ou tirer quelque chose. La mesure de la force de préhension isométrique de la main est un indicateur largement utilisé de la forme musculaire, un marqueur de fragilité et un prédicteur d'une gamme de morbidités et de mortalité toutes causes confondues. Une force de préhension plus faible est associée à une qualité de vie altérée chez les personnes âgées et constitue un marqueur établi de fragilité, prédisant un déclin physique et une limitation fonctionnelle dans la vie quotidienne à mesure que l'on vieillit.

Interprétation

3.9



Force de préhension

Selon votre génotype, la force de préhension de votre main est bonne. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à présenter un faible risque de fragilité et de mortalité toutes causes confondues. Une meilleure prise en main est un indicateur positif de la forme musculaire. Cependant, des facteurs tels que l'âge, le sexe et la main dominante et non dominante peuvent différer dans la lecture de la force de préhension de la main.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: Near HLA-DRB5

Votre Génotype: TT

Ce gène code pour le complexe majeur d'histocompatibilité, classe II, DR Beta 5. Il appartient aux paralogues de la chaîne bêta HLA de classe II. Cette molécule de classe II est un hétérodimère constitué d'une chaîne alpha (DRA) et bêta (DRB), jouant un rôle central dans le système immunitaire en présentant des peptides dérivés de protéines extracellulaires.

Nom Du Gène: IGSF9B

Votre Génotype: AA

Ce gène code pour la protéine membre 9B de la superfamille des immunoglobulines. Cette protéine transmembranaire est abondamment exprimée dans les interneurons, où elle peut réguler le développement inhibiteur des synapses.

Nom Du Gène: DEC1

Votre Génotype: GG

Ce gène code pour la protéine supprimée dans le cancer de l'œsophage 1. La fonction de ce gène n'est pas connue. Ce gène est situé dans une région couramment délétée dans les carcinomes épidermoïdes de l'œsophage.

Nom Du Gène: POLD3

Votre Génotype: AA

Ce gène code pour la protéine ADN polymérase Delta 3, sous-unité accessoire. L'ADN polymérase delta possède à la fois une activité polymérase et une activité exonucléase 3' à 5' et joue un rôle essentiel dans la réplication et la réparation de l'ADN.

Nom Du Gène: TGFA

Votre Génotype: CA

Ce gène code pour le facteur de croissance transformant alpha, un facteur de croissance bien caractérisé qui joue un rôle neurotrophique clé dans les systèmes nerveux central et périphérique. Il est régulé positivement lors de la réponse à une blessure aiguë des motoneurones, favorisant ainsi la survie neuronale.

Nom Du Gène: SYT1

Votre Génotype: GA

Ce gène code pour la protéine Synaptotagmin 1. Les synaptotagmines sont des protéines membranaires intégrales des vésicules synaptiques censées servir de capteurs de Ca^{2+} dans le processus de trafic vésiculaire et d'exocytose. Il joue donc un rôle dans la régulation de la neurotransmission pour la contraction des muscles squelettiques.

Nom Du Gène: Near ERP27

Votre Génotype: TC

Ce gène code pour la protéine 27 du réticulum endoplasmique. Ce membre non catalytique de la famille des protéines disulfure isomérase (PDI) des protéines du réticulum endoplasmique (ER). La protéine canonique possède une séquence signal N-terminale, deux domaines de type thiorédoxine (TRX) et une séquence de rétention ER C-terminale.

Nom Du Gène: GBF1

Votre Génotype: GG

Le gène code pour Golgi Brefeldin A, facteur d'échange de nucléotides de guanine résistant 1. La protéine est un facteur d'échange de nucléotides de guanine qui régule le recrutement de protéines dans les membranes en assurant la médiation de l'échange de GDP vers GTP. Il est localisé dans l'appareil de Golgi et joue un rôle dans le trafic vésiculaire.

Nom Du Gène: GLIS1

Votre Génotype: TC

Ce gène code pour la protéine GLIS Family Zinc Finger 1. Il fonctionne comme un activateur et un répresseur de la transcription.

Nom Du Gène: SLC8A1

Votre Génotype: TC

Ce gène code pour le membre A1 de la famille 8 des porteurs de solutés, qui est l'échangeur sodium-calcium. L'échangeur Na^{+} - Ca^{2+} est le principal mécanisme par lequel le Ca^{2+} est extrudé de la cellule. Cette protéine joue donc un rôle très important dans le couplage excitation-contraction des muscles squelettiques.

Nom Du Gène: KANSL1

Votre Génotype: AA

Ce gène code pour la protéine KAT8 Regulatory NSL Complex Subunit 1. Cette protéine nucléaire est une sous-unité de deux complexes protéiques impliqués dans l'acétylation des histones, le complexe MLL1 et le complexe NSL1.

Nom Du Gène: Near MGMT

Votre Génotype: CC

Ce gène code pour la protéine O-6-méthylguanin-ADN méthyltransférase. Cette protéine est une protéine de réparation de l'ADN impliquée dans la défense cellulaire contre la mutagenèse et la toxicité des agents alkylants.

Nom Du Gène: HOXB3

Votre Génotype: GG

Ce gène est membre de la famille Antp homeobox et code pour une protéine nucléaire avec un domaine de liaison à l'ADN homéobox. Elle est incluse dans un groupe de gènes homéobox B situés sur le chromosome 17. La protéine codée fonctionne comme un facteur de transcription spécifique à la séquence.

Nom Du Gène: Near LRPPRC

Votre Génotype: AA

Ce gène code pour la protéine contenant une répétition de pentatricopeptide riche en leucine. C'est une protéine riche en leucine qui possède de multiples répétitions pentatricopeptides (PPR). Cette protéine peut jouer un rôle dans l'organisation du cytosquelette, le transport vésiculaire ou dans la régulation transcriptionnelle des gènes nucléaires et mitochondriaux.

Nom Du Gène: PEX14

Votre Génotype: AG

Ce gène code pour la protéine Peroxisomal Biogenesis Factor 14. La protéine est intégrée dans les membranes des peroxysomes avec son extrémité C-terminale exposée au cytosol et interagit avec le récepteur cytosolique des protéines contenant un signal de ciblage peroxysomal PTS1.

Nom Du Gène: Near ACTG1

Votre Génotype: TA

Ce gène code pour la protéine Actin Gamma 1. Les actines sont des protéines hautement conservées impliquées dans divers types de motilité cellulaire et dans le maintien du cytosquelette, constituant une partie importante des fibres musculaires. Compte tenu de son effet sur la structure et la fonction des muscles squelettiques, le gène joue un rôle important dans la force de préhension de la main.

Nom Du Gène: UCP3

Votre Génotype: AA

Ce gène code pour la protéine Protéine de découplage mitochondrial 3. UCP3 sépare la phosphorylation oxydative de la synthèse d'ATP avec de l'énergie dissipée sous forme de chaleur, également appelée fuite de protons mitochondriaux. Il facilite le transfert des anions de la membrane mitochondriale interne vers la membrane mitochondriale externe et le transfert des protons de la membrane mitochondriale externe vers la membrane mitochondriale interne. Il est exprimé sélectivement dans les muscles squelettiques.

À faire et à ne pas faire

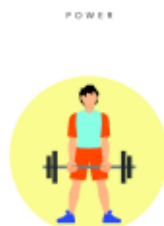
À faire

1. Suivez une formation appropriée pour améliorer la force de préhension de la main.
2. Utiliser des outils de préhension tels que des dragonnes et autres aides à la préhension de manière appropriée pour renforcer les muscles.

À ne pas faire

1. Évitez les exercices excessifs de renforcement de la préhension car ils peuvent entraîner des blessures/douleurs.
2. Si vous ressentez une douleur lors de l'exécution d'exercices de renforcement de la préhension, évitez toute forme d'exercice de préhension et rencontrez le médecin pour lui demander conseil.

Pouvoir



Qu'est-ce que Pouvoir ?

La puissance est la capacité des muscles à générer des forces importantes à un rythme rapide, comme observé lors d'activités de haute intensité et de courte durée. Des activités telles que le saut, la dynamophilie, le sprint, la musculation et la natation sur courte distance utilisent les capacités de génération d'énergie du muscle. Généralement, une puissance de sortie plus élevée se traduit directement par une amélioration des performances dans de telles activités. La génétique joue un rôle important dans les capacités de production d'énergie d'un individu et dicte donc si un individu est adapté ou non aux activités énergétiques.

Interprétation

Vous avez un profil génétique typique pour la production d'énergie. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir une capacité moyenne pour les activités de puissance/force. Les personnes possédant une telle génétique ont généralement du mal à atteindre des niveaux de performance très élevés dans les épreuves de force et de puissance. Cependant, suivre un programme d'entraînement strict peut éventuellement compenser le désavantage causé par la génétique.

4.5



Pouvoir

Tableau des gènes

Nom Du Gène: MSTN

Votre Génotype: AA

Le gène MSTN code pour une protéine (myostatine), qui aide à réguler la prolifération des cellules musculaires et influence à son tour la masse et la force musculaire. Il a été démontré qu'une variation du gène MSTN est associée à la capacité de générer une puissance « maximale » pendant les contractions musculaires.

Nom Du Gène: IGF1R

Votre Génotype: CC

L'IGF1R est un récepteur transmembranaire qui médie les effets de l'IGF1. L'IGF1 joue un rôle clé dans la croissance accrue des muscles squelettiques, ainsi que d'autres tissus spécifiques. Une variation de ce gène est associée à des niveaux plus élevés d'IGF1, ce qui peut entraîner une augmentation de la masse musculaire. Des études ont associé une variante du gène IGF1R aux athlètes de puissance d'élite.

Nom Du Gène: IGF1

Votre Génotype: CC

Le gène IGF1 joue un rôle clé dans la croissance et l'augmentation de la croissance des muscles squelettiques, ainsi que d'autres tissus spécifiques. On pense qu'une variation du gène IGF1 est associée à des niveaux plus élevés du facteur de croissance, ce qui peut à son tour influencer l'augmentation de la masse musculaire. Cette variante s'est avérée associée aux athlètes de puissance d'élite.

Nom Du Gène: CKM

Votre Génotype: AA

Le gène CKM code pour une protéine spécifique du muscle (créatine kinase) qui affecte les performances des muscles squelettiques et influence donc les performances physiques et les différences dans la réponse du corps à l'entraînement de puissance.

Nom Du Gène: AGTR2

Votre Génotype: CC

Une variation du gène AGTR2 est associée à une proportion accrue de fibres musculaires à contraction rapide qui sont principalement impliquées dans les mouvements rapides nécessitant de la puissance, comme le saut, le sprint ou l'haltérophilie. Par conséquent, ce gène est important pour déterminer la performance sportive et le statut d'athlète de puissance.

Nom Du Gène: HIF1A

Votre Génotype: CC

Le gène HIF1A peut influencer la réponse de l'organisme à l'hypoxie (privation d'un apport adéquat en oxygène) et à l'absorption d'oxygène par les cellules en activant des gènes qui affectent la formation de globules rouges et de vaisseaux sanguins. Une variation du gène HIF1A code pour une sous-unité d'une protéine (HIF-1), qui s'est avérée associée à une expression génique accrue et à la stabilité de la protéine HIF1A. Cela entraîne une résistance accrue des cellules à l'hypoxie et est associé à l'athlétisme lié à la puissance.

Nom Du Gène: AMPD1

Votre Génotype: CC

Le gène AMPD1 joue un rôle clé dans la production de molécules que les cellules musculaires peuvent utiliser pour générer de l'énergie lors d'activités physiques.

Nom Du Gène: ACTN3

Votre Génotype: CT

Le gène ACTN3 influence la production d'une protéine présente dans les fibres musculaires à contraction rapide, qui sont le type de fibres musculaires importantes pour les mouvements nécessitant de la puissance, comme l'haltérophilie ou le sprint. Les variations du gène ACTN3 peuvent contrôler la production de la protéine, ce qui à son tour influence la quantité de fibres musculaires à contraction rapide produites.

Nom Du Gène: NOS3

Votre Génotype: TT, GG

Une variante du gène NOS3 est associée à la production d'une enzyme (eNOS) qui affecte la production d'oxyde nitrique, ce qui à son tour influence le processus qui peut aider à réguler la pression artérielle (vasodilatation dépendante de l'endothélium) en réponse à l'exercice. Une dépense énergétique plus élevée peut augmenter considérablement l'activité du gène NOS3 et la vasodilatation associée aux activités physiques.

Nom Du Gène: MCT1

Votre Génotype: AT

Le transport du lactate à travers les membranes cellulaires est d'une importance capitale dans les tissus squelettiques et le gène MCT1 code pour une protéine responsable de cette fonction. Des études ont associé une variante du MCT1 aux athlètes de puissance d'élite.

Nom Du Gène: IL6

Votre Génotype: GG

Le gène IL6 participe à la production d'interleukine-6 (IL-6), une molécule qui joue un rôle clé dans le système immunitaire, la performance sportive et la récupération musculaire. Pendant l'exercice, les muscles ont tendance à libérer de l'IL-6, ce qui peut entraîner une augmentation des taux d'IL-6 dans le sang. Les recherches suggèrent que l'IL-6 libérée par les muscles a de nombreux effets bénéfiques. Une variante du gène IL6 est associée aux athlètes de puissance, ce qui peut offrir un avantage en termes de performances dans certains sports liés à la puissance comme le sprint et le saut.

Nom Du Gène: ACE

Votre Génotype: AA

Le gène ACE joue un rôle dans la production d'une enzyme (angiotensine II) qui contrôle la tension artérielle. Certaines variantes de ce gène peuvent contribuer à de meilleures améliorations lors d'un entraînement de plus haute intensité. Certaines variantes peuvent également entraîner une proportion plus élevée de fibres musculaires à contraction rapide, ces fibres musculaires étant principalement impliquées dans des mouvements rapides nécessitant plus de puissance, comme le saut ou le sprint.

Nom Du Gène: SOD2

Votre Génotype: TT

Le gène SOD2 code pour une protéine qui aide à créer un antioxydant qui joue un rôle clé dans la production d'énergie au sein des cellules en empêchant les dommages excessifs causés aux cellules par les radicaux libres. Une variation du gène SOD2 peut augmenter ou diminuer l'efficacité du processus. Cependant, le processus de réduction des effets nocifs des radicaux libres entraîne la formation d'eau et de peroxyde d'hydrogène. Par conséquent, même si le fonctionnement efficace de ce gène peut aider à neutraliser les radicaux libres, il peut entraîner une augmentation des niveaux de peroxyde d'hydrogène, ce qui peut être nocif. Il est donc important de maintenir un apport adéquat en antioxydants pour réduire le risque d'accumulation de peroxyde d'hydrogène.

Nom Du Gène: MTHFR

Votre Génotype: AA

Lors d'exercices de haute intensité, les cellules musculaires ont tendance à subir un certain nombre de processus. L'une des principales réponses est l'augmentation de la masse musculaire facilitée par la prolifération des cellules musculaires, qui est en outre dictée par un processus chimique appelé processus de méthylation de l'ADN. Le gène MTHFR est crucial pour ce processus. Une variation de ce gène est associée à la capacité des muscles squelettiques à s'adapter et à répondre aux exercices.

Nom Du Gène: VDR

Votre Génotype: TT

Le gène VDR code pour la protéine réceptrice de la vitamine D, qui contribue à la réponse de l'organisme à la vitamine D. La vitamine D joue un rôle majeur dans de nombreux mécanismes cellulaires, notamment la fonction des muscles squelettiques, et on pense qu'elle a une influence sur les cellules musculaires, ce qui entraîne leur prolifération et croissance. On sait que les métabolites de la vitamine D ont un effet direct sur les cellules musculaires et des études ont établi un lien entre une carence en vitamine D et une faiblesse musculaire.

Nom Du Gène: PPARA

Votre Génotype: GG

Le gène PPARA est important pour la production d'une protéine qui à son tour active d'autres gènes et régule également l'oxydation des acides gras pendant l'exercice. Ce gène a un effet sur la réponse du corps à divers exercices ; lorsque les cellules sont privées d'énergie suffisante dans certaines conditions qui épuisent les réserves d'énergie du corps, par ex. pendant l'exercice, le gène PPARA est activé.

Nom Du Gène: PPARG

Votre Génotype: CG

Le gène PPARG joue un rôle dans la performance sportive car il est important pour la régulation de la masse osseuse, ce qui affecte à son tour la capacité de transfert de charge chez les athlètes. améliore le développement osseux. Une variation du gène PPARG peut entraîner une augmentation de la masse osseuse et, par conséquent, la présence de cette variation peut conduire à ce qu'un athlète ait des os plus solides et plus efficaces pour résister aux forces extrêmes et au transfert de charge. Cette capacité est particulièrement bénéfique pour les athlètes impliqués dans des sports liés à la puissance, par ex. l'haltérophilie.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Participez à un entraînement pliométrique pour améliorer la puissance musculaire.
2. Ajoutez des cycles de renforcement musculaire à votre programme d'entraînement, car le renforcement musculaire entraînera directement une plus grande puissance/force.
3. Entraînez-vous avec moins de volume d'exercice mais avec des poids et une intensité élevés, car une puissance de sortie élevée peut être obtenue grâce à une coordination et un rendement neuromusculaires améliorés.
4. Envisagez l'utilisation de suppléments tels que la créatine, car ils peuvent être bénéfiques.

À ne pas faire

1. Évitez les augmentations soudaines d'intensité car cela peut entraîner des blessures ; faire des sauts progressifs d'intensité.
2. Évitez les formes incorrectes lors des mouvements de puissance/force, car cela peut entraîner des blessures.
3. Évitez de suivre un régime déficitaire en calories.
4. Évitez de commencer les entraînements sans un échauffement et des étirements appropriés.



Résumé de la catégorie

RISQUE DE BLESSURE

7.6



Blessure à la coiffe des rotateurs

7.0



Coude de tennis

7.6



Commotion cérébrale

5.0



Blessure musculaire

4.9



Tendinopathie d'Achille

5.6



Lésion du ligament croisé
antérieur



Blessure À La Coiffe Des Rotateurs



Qu'est-ce que Blessure à la coiffe des rotateurs ?

La coiffe des rotateurs est un groupe de quatre tendons qui stabilisent l'articulation de l'épaule. Il a pour fonction de maintenir fermement la tête de l'os du haut du bras dans la cavité de l'articulation. Une blessure à la coiffe des rotateurs est une lésion de la coiffe des rotateurs résultant d'un événement traumatique ou de mouvements répétitifs de l'articulation de l'épaule, comme observé dans de nombreux sports/exercices. Cela peut entraîner une microtraumatisme mineure, une déchirure partielle des tendons ou une déchirure complète des tendons, avec perte de la fonction articulaire de l'épaule. Cela se manifeste par une douleur sourde à l'épaule et une douleur en essayant de déplacer l'articulation de l'épaule. Le profil génétique d'un individu peut dicter sa propension aux blessures de la coiffe des rotateurs.

7.6



Blessure à la coiffe des rotateurs

Interprétation

Votre profil génétique indique que vous présentez un risque élevé de blessure à la coiffe des rotateurs. Vos tendons de la coiffe des rotateurs ne sont pas génétiquement prédisposés à résister à de graves traumatismes physiques.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: DEFB1

Votre Génotype: CG

Le gène DEFB1 code pour une protéine (défensine ²¹), dont on pense qu'elle joue un rôle important dans la résistance des microbes à la liaison à certaines surfaces tissulaires (épithéliales). Une variation de ce gène avec la maladie de la coiffe des rotateurs.

Nom Du Gène: Near ESRRB

Votre Génotype: TC

Le gène ESRRB influence la production d'une protéine (récepteur β lié aux œstrogènes), censée induire l'expression d'autres protéines dans les muscles squelettiques. Ce gène présente des associations significatives avec la maladie de la coiffe des rotateurs et la déchirure de la coiffe des rotateurs.

Nom Du Gène: FGFR1**Votre Génotype: TC**

Le gène FGFR1 code pour une protéine (récepteur 1 du facteur de croissance des fibroblastes) qui joue un rôle dans des processus tels que la croissance cellulaire, la maturation et la cicatrisation des plaies. Cette protéine déclenche diverses réactions au sein des cellules, favorisant ainsi la croissance et le développement de nombreuses parties du corps, notamment les os longs des bras et des jambes. Le gène FGFR1 s'avère avoir une association significative avec la maladie de la coiffe des rotateurs.

Nom Du Gène: FGF3**Votre Génotype: GA**

Le gène FGF3 code pour des protéines qui jouent un rôle dans des processus essentiels tels que la croissance cellulaire et la réparation des tissus, notamment des tendons. Par conséquent, la variation de ce gène peut être associée au risque de maladies affectant la coiffe des rotateurs.

Nom Du Gène: BMP4**Votre Génotype: GT**

Le gène BMP4 code pour une protéine (protéine morphogénétique osseuse 4), qui joue un rôle crucial dans la formation et la réparation des os et du cartilage. Une variation de ce gène s'avère fortement associée à la tendinopathie.

À faire et à ne pas faire

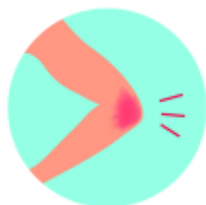
À faire

1. Optimiser la technique/forme impliquée dans les mouvements aériens, par ex. servir une balle de tennis, exercice de presse militaire lors des entraînements des épaules, etc.
2. Échauffez-vous et étirez doucement vos bras et vos épaules avant d'effectuer une activité qui peut être éprouvante pour vos épaules.
3. Renforcez les muscles de vos épaules grâce à un entraînement en résistance.
4. Renforcer les petits muscles de la coiffe des rotateurs, souvent négligés ; des exercices tels que la rotation externe d'haltères travaillent sur les muscles de la coiffe des rotateurs.
5. Prenez un repos adéquat entre les séances d'activité.

À ne pas faire

1. Évitez de faire des exercices très intenses qui exercent une pression excessive sur vos coiffes des rotateurs, par ex. derrière la presse du cou, derrière le cou, tirage latéral.
2. Évitez de terminer l'entraînement/le jeu sans faire d'exercices de récupération.

Coude De Tennis



Qu'est-ce que Coude de tennis ?

Le Tennis Elbow, également connu sous le nom de tendinopathie latérale du coude, est une affection dans laquelle la partie externe du coude devient douloureuse et sensible. Cela se produit lorsque les tendons du coude sont surchargés, généralement par des mouvements répétitifs du poignet et des bras. On l'observe couramment chez les personnes pratiquant des sports de raquette. Cependant, d'autres activités provoquant de tels mouvements répétitifs peuvent également provoquer le tennis elbow. Un mouvement répétitif comme saisir une raquette pendant un swing peut fatiguer les muscles et exercer trop de pression sur les tendons. Cette traction constante peut éventuellement provoquer de petites déchirures dans les tissus, entraînant des blessures.

7.0



Coude de tennis

Interprétation

Selon votre génotype, vous présentez un risque élevé de Tennis Elbow. Les personnes ayant une telle génétique ont tendance à avoir des tendons dans la partie externe de leurs coudes qui ne sont pas prédisposés à résister à des traumatismes physiques importants.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: COL5A1

Votre Génotype: TC, TC

Bien que le collagène de type V ne soit pas trouvé en plus grande quantité, sa distribution dans les tissus est assez étendue. Il joue un rôle important dans la régulation du diamètre des fibres et dans l'assemblage des fibres de collagène. Le gène COL5A1 influence la production de la chaîne $\alpha 1$ qui est un composant de plusieurs formes de collagène de type V. Il a été suggéré que des variations de ce gène influencent le risque de tennis elbow.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Optimisez la technique impliquée dans le mouvement du coude souhaité, par ex. perfectionnez votre forme tout en balançant une raquette.
2. Échauffez-vous et étirez doucement les muscles de vos bras avant d'entreprendre une activité qui peut être éprouvante pour vos coudes.
3. Renforcez les muscles de votre avant-bras grâce à un entraînement en résistance.
4. Prenez un repos suffisant entre les séances d'entraînement.
5. Effectuez des exercices de récupération appropriés après l'entraînement/le match.

À ne pas faire

1. Évitez de commencer et de terminer les séances d'entraînement sans des exercices d'étirement et de récupération.
2. Évitez d'utiliser une raquette/un équipement lourd.
3. Évitez de trop solliciter les tendons du coude, surtout lorsque vous ressentez une douleur ou un inconfort.

Commotion Cérébrale



Qu'est-ce que Commotion cérébrale ?

Une commotion cérébrale est une perte de conscience ou une confusion temporaire causée par un coup porté à la tête ou par de violents tremblements de la tête et du corps. Cela affecte temporairement le fonctionnement du cerveau et peut entraîner des problèmes cognitifs temporaires. Certains symptômes peuvent apparaître immédiatement, tandis que d'autres peuvent apparaître quelques jours après la blessure. Après une commotion cérébrale, même après l'inversion des symptômes, les neurones du cerveau restent dans un état vulnérable pendant un certain temps, et une autre commotion cérébrale au cours de cette période de vulnérabilité peut entraîner des dommages permanents à ces neurones. Par conséquent, il est conseillé de prendre une période de repos prolongée même après la disparition des symptômes. La génétique joue un rôle dans le risque de commotion cérébrale et la période de vulnérabilité après une commotion cérébrale.

7.6



Commotion cérébrale

Interprétation

Votre profil génétique indique que vous présentez un risque élevé de commotion cérébrale. Les personnes ayant une telle génétique ont tendance à avoir une grande propension aux commotions cérébrales et à un taux de récupération plus lent après une commotion cérébrale.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: SLC17A7

Votre Génotype: GG

Le gène SLC17A7 influence la production d'une protéine exprimée dans les régions du cerveau riches en neurones. Une association a été observée entre la présence d'une variation du gène SLC17A7 et une récupération prolongée après une commotion cérébrale.

Nom Du Gène: APOE

Votre Génotype: TT

Le gène APOE code pour une protéine qui joue un rôle dans la réparation et la croissance cellulaire et est produite en réponse à une blessure. Le gène régule les régions importantes pour la consolidation de la mémoire et sujettes aux dommages résultant d'un traumatisme crânien contondant.

Nom Du Gène: COMT

Votre Génotype: GG

Le gène COMT code pour une enzyme (catéchol-O-méthyltransférase) qui joue un rôle dans la dégradation de divers neurotransmetteurs. L'enzyme joue également un rôle crucial dans la régulation de la dopamine, impliquée dans le mouvement, la cognition, la personnalité et le comportement.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Portez toujours un casque de sécurité, le cas échéant.
2. Soyez conscient des commotions cérébrales et de leurs symptômes, car des commotions cérébrales non signalées peuvent entraîner des dommages neuronaux permanents lors d'un autre impact.
3. Effectuez des exercices qui renforcent les muscles du cou et des épaules.

À ne pas faire

1. Évitez de reprendre l'activité physique immédiatement après la disparition des symptômes d'une commotion cérébrale ; obtenir un avis médical avant de reprendre une activité.
2. Évitez de pratiquer des sports à fort impact comme le rugby, le football, etc. sans prendre les précautions nécessaires contre les commotions cérébrales.

Blessure Musculaire



Qu'est-ce que Blessure musculaire ?

L'exercice exerce une pression sur les muscles, ce qui entraîne des dommages. Des dommages de faible intensité sont essentiels pour que les muscles se développent et s'adaptent aux stimuli de l'exercice. Cependant, si un muscle est excessivement endommagé, cela peut entraîner des tensions musculaires. Une foulure est une blessure induite par une contraction dans laquelle les fibres musculaires se déchirent en raison d'un stress mécanique important. D'autres blessures musculaires comprennent des ecchymoses, des troubles neuromusculaires et des crampes. Les blessures musculaires entraînent des douleurs, une perte fonctionnelle du muscle impliqué et donc une incapacité à pratiquer l'exercice/le sport en question. Le profil génétique d'un individu peut dicter sa propension aux blessures musculaires.

5.0



Blessure musculaire

Interprétation

Vous avez une propension génétique typique aux blessures musculaires. Votre génétique est telle qu'elle n'augmente pas le risque de blessure musculaire ni n'apporte d'effet protecteur.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: ESR1

Votre Génotype: TT

Des études ont indiqué que les œstrogènes peuvent avoir des effets protecteurs sur les muscles, avec une réduction des dommages musculaires et une régénération musculaire accrue après une blessure musculaire. Une variation du gène ESR1 peut être associée à des lésions musculaires.

Nom Du Gène: CCL2

Votre Génotype: GC

Le gène CCL2 code pour une protéine [ligand 2 de chimiokine (motif C-C) - CCL2]. Cette protéine joue un rôle dans la signalisation cellulaire dans les muscles lors d'une inflammation et une carence en cette protéine est associée à une réponse réduite aux lésions musculaires squelettiques aiguës. En raison de l'influence de ce gène sur la production de protéine CCL2, il a été associé à un risque de lésion musculaire.

Nom Du Gène: ACTN3

Votre Génotype: CT

Le gène ACTN3 influence la production d'une protéine (α -actinine-3) présente dans les fibres musculaires à contraction rapide, qui sont le type de fibres musculaires importantes pour les mouvements nécessitant de la puissance, comme l'haltérophilie ou le sprint. Cette protéine joue, entre autres fonctions, un rôle dans la régulation du métabolisme musculaire. Des études ont associé des variations du gène ACTN3 au risque de lésion musculaire.

Nom Du Gène: COL5A1

Votre Génotype: TC

Bien que le collagène de type V ne soit pas trouvé en plus grande quantité, sa distribution dans les tissus est assez étendue. Il joue un rôle important dans la régulation du diamètre des fibres et dans l'assemblage des fibres de collagène. Le gène COL5A1 influence la production de chaîne $\alpha 1$ qui est un composant de plusieurs formes de collagène de type V ; Le collagène de type V est observé dans les tissus contenant du collagène de type I, par ex. tendons, ligaments.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Suivez Repos, Glace, Compression, Élévation (RICE), car c'est le traitement post-blessure le plus efficace.
2. Assurer des mouvements sans douleur tout au long de l'activité physique.
3. Entreprenez un entraînement en résistance pour renforcer les muscles.
4. Échauffez-vous correctement avant une activité physique.
5. Travaillez à améliorer votre flexibilité.

À ne pas faire

1. Évitez de trop solliciter les muscles.
2. Évitez de soulever des poids très lourds que vous n'avez pas l'habitude de soulever.
3. Évitez de faire de très grands sauts de poids pendant les entraînements ; augmenter le poids progressivement.

Tendinopathie D'Achille



Qu'est-ce que Tendinopathie d'Achille ?

Le tendon d'Achille attache les muscles de l'arrière de la jambe à l'os du talon. C'est le tendon le plus épais du corps humain. La tendinopathie d'Achille est une blessure de surmenage courante, en particulier chez les personnes pratiquant des activités de course et de saut, en raison de l'action répétitive du tendon d'Achille. Elle peut également être causée par d'autres facteurs tels qu'un traumatisme, la polyarthrite rhumatoïde, le port de chaussures à talons hauts et certains médicaments. Les symptômes peuvent varier d'une douleur ou d'un gonflement dans la zone locale des chevilles à une sensation de brûlure qui entoure toute l'articulation. La douleur associée à cette affection est généralement pire pendant et après l'activité et le tendon et la zone articulaire peuvent devenir plus raides le lendemain, car le gonflement entrave le mouvement du tendon.

4.9



Tendinopathie d'Achille

Interprétation

Selon votre génotype, vous présentez un risque typique de tendinopathie d'Achille. Votre génétique est telle qu'elle n'augmente pas le risque de tendinopathie d'Achille et n'apporte pas non plus d'effet protecteur.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: MIR608

Votre Génotype: CC

Ce gène code pour le microARN 608. Il semble réguler l'expression du sonic hedgehog des chondrocytes dans le cartilage.

Nom Du Gène: Near TIMP2

Votre Génotype: CT

Cette variante est située à proximité du gène TIMP2. Ce gène code pour une protéine (inhibiteur de la métallopeptidase 2), censée inhiber les activités des MMP qui jouent un rôle dans la dégradation de parties spécifiques des cellules. Une variante de TIMP2 s'est avérée fortement associée au risque de développer une tendinopathie d'Achille.

Nom Du Gène: CASP8

Votre Génotype: GG

Le gène CASP8 code pour une proenzyme qui joue un rôle important dans le processus d'apoptose cellulaire, qui est le processus de mort cellulaire programmée se produisant une fois que les cellules ne sont plus nécessaires. Certaines variations de ce gène se sont avérées fortement associées à la tendinopathie d'Achille.

Nom Du Gène: GDF5

Votre Génotype: CC

Les personnes porteuses d'une variante de ce gène peuvent avoir un risque accru de développer une tendinopathie d'Achille par rapport aux personnes qui ne sont pas porteuses de cette variante. Le gène GDF5 est important pour de nombreux processus, notamment la maintenance des tendons.

Nom Du Gène: TNC

Votre Génotype: AG

Le gène TNC code pour une protéine (ténascine...C) qui joue un rôle clé dans la régulation de certaines interactions cellulaires. Dans les tendons, cette protéine se trouve principalement dans les régions essentielles à la transmission d'une force mécanique intense ; on le retrouve également autour des fibres de collagène. Ce gène est régulé par la charge mécanique dans les tendons et une variation du gène TNC est associée à la tendinopathie d'Achille.

Nom Du Gène: MMP3

Votre Génotype: AG, GG, TC

Le gène MMP3 joue un rôle dans la production d'une enzyme impliquée dans la dégradation de plusieurs protéines cellulaires, notamment les collagènes III, IV, IX et X. Par conséquent, il influence le processus de remodelage tissulaire, qui est le processus de réorganisation/rénovation des tissus existants. Une variation de ce gène s'avère fortement associée aux lésions du tendon d'Achille.

Nom Du Gène: COL5A1

Votre Génotype: TC, CC, TT

Le gène COL5A1 code pour une protéine présente dans le collagène de type V, qui est exprimée dans les tendons ainsi que dans les ligaments. Bien que le collagène de type V ait une composition plus petite dans la structure du collagène, il remplit des fonctions cruciales telles que la régulation du diamètre des fibres et l'assemblage des fibres. Ce gène est considéré comme un marqueur de la tendinopathie d'Achille et une variation de ce gène s'avère associée à un risque plus faible de tendinopathie d'Achille.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Utilisez des chaussures de course offrant un amorti adéquat pour votre talon et un soutien ferme de la voûte plantaire pour aider à réduire la tension dans les tendons d'Achille.
2. Étirez doucement les muscles de vos mollets et vos tendons d'Achille avant de commencer une course.
3. Renforcez les muscles de vos mollets grâce à un entraînement en résistance.
4. Prenez un repos suffisant entre les séances d'entraînement.
5. Augmentez progressivement le niveau d'activité tout en démarrant un nouveau programme d'entraînement.

À ne pas faire

1. Évitez d'utiliser des chaussures usées.
2. Évitez de commencer les séances d'entraînement sans faire d'échauffements.
3. Évitez de faire de l'exercice avec un tendon d'Achille douloureux.
4. Évitez de terminer les séances d'entraînement sans faire d'étirements de récupération.

Lésion Du Ligament Croisé Antérieur



Qu'est-ce que Lésion du ligament croisé antérieur ?

Quatre ligaments principaux relient le fémur au tibia au niveau de l'articulation du genou, le ligament croisé antérieur (LCA) en fait partie. L'ACL remplit plusieurs fonctions, ce qui le rend extrêmement essentiel pour assurer la stabilité de l'articulation du genou et faciliter son fonctionnement. Il empêche le tibia d'avancer trop loin par rapport au fémur. Il empêche la rotation interne excessive du tibia et l'hyperextension du genou au-delà du point d'extension maximale du genou. Enfin, il permet également de protéger le genou des forces latérales excessives, comme lorsqu'un joueur de rugby est plaqué sur le côté. Les blessures du LCA surviennent le plus souvent lors d'activités impliquant des arrêts brusques, des sauts ou des changements de direction, effectués avec une technique inappropriée. Une déchirure du LCA est l'une des blessures au genou les plus courantes, nécessitant une intervention chirurgicale complexe avec un temps de récupération prolongé allant généralement de 6 à 9 mois. Par conséquent, il est essentiel d'évaluer le risque de blessure du LCA avant d'entreprendre de telles activités susceptibles d'endommager le LCA.

5.6



Lésion du ligament croisé antérieur

Interprétation

Selon votre génotype, vous présentez un risque typique de lésion du ligament croisé antérieur (LCA). Votre génétique est telle qu'elle n'augmente pas le risque de blessure du LCA et n'apporte pas non plus d'effet protecteur.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: ACAN

Votre Génotype: GT

Le gène ACAN code pour une protéine (aggrécane), qui est un composant essentiel des tissus cartilagineux, car cette protéine aide les tissus à résister à la compression. Des études indiquent que la variation de ce gène peut être associée au risque de rupture du ligament croisé antérieur chez un individu.

Nom Du Gène: MMP12

Votre Génotype: AG

Le gène MMP12 influence la production d'une protéine impliquée dans la dégradation de la matrice extracellulaire (fournit un soutien de signalisation structurel, adhésif et biochimique aux cellules) dans les processus physiologiques et pathologiques normaux ; il influence également le processus de dégradation de l'élastine (protéine présente dans les tissus qui nécessitent de l'élasticité). Une variante du gène MMP12 est associée à un risque réduit de ruptures du LCA sans contact.

Nom Du Gène: COL3A1

Votre Génotype: GA

Le gène COL3A1 influence la production de collagène de type III, en particulier les chaînes pro- α 1 du collagène de type III. En combinaison avec le collagène de type I, le collagène de type III forme des fibrilles mixtes présentes dans les tissus élastiques, notamment les ligaments et les tendons. Des études ont observé de fortes associations entre une variante du gène COL3A1 et le risque de rupture du ligament croisé antérieur.

Nom Du Gène: COL12A1

Votre Génotype: AG

Le gène COL12A1 code pour des chaînes spécifiques (chaînes α 1 de XIIA et XIIB) de certaines formes de collagène de type XII. Le collagène de type XII est l'un des principaux composants du collagène du ligament croisé antérieur (LCA), avec d'autres types de collagène et de protéines. Des variantes de ce gène ont été étudiées et se sont révélées associées aux déchirures du LCA dans diverses populations.

Nom Du Gène: COL1A1

Votre Génotype: GG

Le gène COL1A1 code et influence la production de collagène de type I ; Le collagène de type I est un composant clé qui renforce de nombreux tissus du corps, y compris les ligaments. Une variation de ce gène s'est avérée fortement associée à la rupture du ligament croisé antérieur.

Nom Du Gène: VEGFA

Votre Génotype: CC

Le gène VEGFA joue un rôle dans la production d'une protéine très puissante dans le processus d'angiogenèse, c'est-à-dire la formation de nouveaux vaisseaux sanguins. Une variation de ce gène a été associée au risque de rupture du ligament croisé antérieur.

Nom Du Gène: COL5A1

Votre Génotype: TC

Bien que le collagène de type V ne soit pas trouvé en plus grande quantité, sa distribution dans les tissus est assez étendue. Le gène COL5A1 influence la production de la chaîne α 1 qui est un composant de plusieurs formes de collagène de type V. Ce gène s'est avéré positivement associé aux lésions ligamentaires et l'une de ses variantes augmente la prédisposition aux lésions du ligament croisé antérieur.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Effectuez un échauffement suffisant avant de commencer à jouer.
2. Suivez l'échauffement avec des étirements pour vos cuisses, vos mollets et vos hanches ; portez une attention particulière aux zones particulièrement étroites.
3. Effectuez des exercices de force tels que des squats et des fentes pour le bas du corps afin de soutenir vos genoux pendant l'impact.

À ne pas faire

1. Empêchez vos genoux de s'effondrer vers l'intérieur lors de l'atterrissage après un saut.
2. Évitez de vous arrêter brusquement lors de l'atterrissage après un saut. Réduisez plutôt votre élan progressivement au fur et à mesure que vous atterrissez, car cela entraînera un moindre impact sur vos genoux. Ceci peut être réalisé en laissant vos genoux se plier doucement à chaque fois que vous atterrissez.



Résumé de la catégorie

RÉPONSE À L'EXERCICE

6.0



Réponse à la perte de graisse à l'exercice

6.0



Dommages musculaires et récupération

4.1



Motivation à l'exercice

3.9



Entraînement en résistance et renforcement musculaire



Réponse À La Perte De Graisse À L'exercice

EXERCISE AND FAT LOSS



Qu'est-ce que Réponse à la perte de graisse à l'exercice ?

Les graisses sont stockées dans notre organisme sous forme de triglycérides dans les tissus adipeux. Pendant l'exercice, les triglycérides sont décomposés en acides gras libres et transportés vers les muscles où ils sont oxydés pour générer de l'énergie. Ce processus conduit à une perte de graisse. L'exercice régulier permet de contrôler le poids grâce à l'oxydation des graisses et à l'amélioration du métabolisme. La perte de graisse aide à cultiver une image corporelle positive et entraîne également une diminution du risque de problèmes de santé tels que le diabète, les maladies cardiaques, l'arthrite, l'hypertension artérielle et le cancer. L'efficacité avec laquelle les gens réagissent à l'exercice en termes de dégradation des triglycérides, de transport des acides gras libres et, par conséquent, d'oxydation de ces acides gras dépend de leur génétique. .

6.0



Réponse à la perte de graisse à l'exercice

Interprétation

Selon votre génotype, votre réponse à la perte de graisse à l'exercice est typique. Les personnes possédant un tel génotype montrent généralement une réponse moyenne à l'utilisation des graisses comme source d'énergie pendant les entraînements. Leur métabolisme a tendance à ne pas s'appuyer préférentiellement sur leurs réserves de graisse pour la production d'énergie.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: UCP3

Votre Génotype: CC

Les protéines de découplage (UCP) jouent un rôle dans la dépense énergétique, la thermogenèse (production de chaleur corporelle), la régulation des acides gras libres et la réduction des espèces réactives de l'oxygène (l'accumulation de telles molécules peut être nocive). Le gène UCP3 code pour une protéine (protéine de découplage mitochondrial 3 - UCP3), qui est exprimée sélectivement dans les muscles squelettiques. UCP3 est impliqué dans la régulation du métabolisme énergétique, le contrôle du poids et dans la modulation de l'utilisation des graisses et du glucose pour la production d'énergie.

Nom Du Gène: ADRB3

Votre Génotype: AG

Le gène ADRB3 code pour une protéine (récepteur β 3-adrénérgique - β 3-ADR), qui se trouve principalement dans le tissu adipeux et, dans une certaine mesure, dans le tissu musculaire. Cette protéine joue un rôle dans la régulation de la dégradation des graisses et de la production de chaleur corporelle. Les variations du gène peuvent affecter la fonction du β 3-ADR ; une fonction réduite peut ralentir la mobilisation des graisses et entraîner leur rétention dans les cellules. De plus, la production de chaleur corporelle peut avoir une influence sur le poids corporel.

Nom Du Gène: CPT1B

Votre Génotype: AG

Le gène CPT1B code pour une protéine (carnitine palmitoyltransférase IB - CPT1B), qui joue un rôle important dans le métabolisme des graisses. Les variations du gène peuvent affecter la protéine CPT1B, ce qui peut influencer la récupération après l'exercice, la prise de poids et la perte de poids après l'exercice.

Nom Du Gène: Near LEP

Votre Génotype: GG

Cette variante est située à proximité du gène LEP. Le gène LEP code pour une hormone, la leptine, qui est principalement exprimée dans les tissus adipeux. La leptine joue un rôle clé dans la régulation de la dépense énergétique et la suppression de l'appétit.

Nom Du Gène: LPL

Votre Génotype: GG

Le gène LPL code pour une protéine (lipoprotéine lipase) qui joue un rôle important dans la direction des acides gras vers les tissus adipeux (graisse) et musculaires. Il a été découvert qu'une variante du gène LPL influence les modifications de la graisse corporelle induites par l'entraînement physique.

Nom Du Gène: CD36

Votre Génotype: AA, CC

Le gène CD36 code pour une protéine (translocase d'acide gras - CD36). Pendant l'exercice, il y a une augmentation de la mobilisation des acides gras du sang vers les tissus, en particulier vers les muscles squelettiques, pour leur absorption et leur oxydation ultérieure. Le CD36 joue un rôle clé en facilitant l'absorption et l'utilisation cellulaire des acides gras, en particulier dans les cellules adipeuses, ce qui influence finalement le stockage et la mobilisation de l'énergie.

Nom Du Gène: PPARD

Votre Génotype: AG

Le gène PPARD code pour une protéine qui peut affecter la production d'énergie. Dans les tissus musculaires, l'expression de ce gène est augmentée en raison de l'exercice, ce qui peut entraîner une augmentation de la capacité à brûler les graisses. Les variations du gène PPARD peuvent réguler les changements de masse corporelle induits par l'entraînement, ainsi que les niveaux de glucose et le profil de graisse. Des études montrent qu'une variante de ce gène peut entraîner une moindre diminution de la masse corporelle après l'entraînement, ce qui peut s'avérer défavorable pour obtenir les changements de masse corporelle souhaités induits par l'entraînement.

Nom Du Gène: ADRB2

Votre Génotype: AG

Il a été démontré qu'une variation du gène ADRB2 modifie les propriétés structurales d'une protéine, ce qui pourrait éventuellement affecter la lipolyse (la dégradation des graisses pour libérer des acides gras).

Nom Du Gène: PPARGC1A

Votre Génotype: GG

Le gène PPARGC1A joue un rôle dans la production d'une protéine qui a des effets bénéfiques sur l'organisme, suite à l'exercice. L'exercice intense active cette protéine, qui à son tour régule l'expression des gènes impliqués dans le métabolisme des graisses et des glucides, entre autres fonctions. Des variations du gène PPARGC1A ont été associées à diverses affections telles que le diabète de type 2, la résistance à l'insuline, les concentrations de glucose, l'obésité, la capacité aérobie et l'activité physique régulière. Un génotype spécifique s'est avéré associé à une augmentation du seuil anaérobie, à un ralentissement des fibres musculaires et à une réduction du cholestérol total et des lipoprotéines de basse densité (LDL) suite à des interventions liées au mode de vie, notamment un entraînement aérobie régulier. On pense donc que cette variante du gène influence l'efficacité du métabolisme aérobie.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Concentrez-vous également sur l'exercice et le régime alimentaire.
2. Mangez des aliments riches en protéines et en fibres, qui vous rassasient et évitent la faim.
3. Incluez des exercices cardio au moins 3 fois par semaine.
4. Faites de la musculation au moins 3 fois par semaine pour améliorer le métabolisme.
5. Maintenez un régime déficitaire en calories.

À ne pas faire

1. Évitez de consommer des repas riches en calories comme les aliments frits.
2. Évitez de consommer des calories vides comme des boissons gazeuses sucrées.
3. Évitez de privilégier le cardio de faible intensité plutôt que le cardio de haute intensité.

Dommages Musculaires Et Récupération

INJURY REPAIR AND RECOVERY



Qu'est-ce que Dommages musculaires et récupération ?

L'exercice entraîne des lésions musculaires. Bien que des lésions musculaires excessives soient préjudiciables, des lésions musculaires, dans une moindre mesure, sont essentielles à leur croissance et à leur adaptation aux stimuli de l'exercice. Les lésions musculaires entraînent une réponse inflammatoire qui répare le muscle et favorise sa croissance et son adaptation. Cette inflammation se manifeste par des douleurs musculaires. La douleur est la sensation de douleur et de raideur lors de l'utilisation du muscle, rendant ainsi les mouvements quotidiens inconfortables. Exercer une pression excessive sur un muscle douloureux peut entraîner une blessure. Par conséquent, il est impératif de comprendre la propension d'un individu à subir des lésions musculaires après un entraînement et le taux de récupération de ces dommages, ce qui dicterait l'intensité des entraînements et la quantité idéale de repos à prendre entre deux entraînements. L'interaction de nombreux gènes et leurs variations dictent les dommages musculaires et la réponse à la récupération.

Interprétation

Selon votre génotype, votre profil de dommages musculaires et de récupération est typique. Les personnes possédant un tel génotype présentent généralement une étendue typique de lésions musculaires lors de l'exercice et un taux de récupération moyen après l'entraînement. Cela ne pourrait permettre qu'un volume moyen d'entraînements et des périodes de repos accrues entre les entraînements.

6.0



Dommages musculaires
et récupération

Tableau des gènes

Nom Du Gène: IL6R

Votre Génotype: AC

Ce gène code pour une sous-unité du complexe récepteur de l'interleukine 6 (IL6). L'interleukine 6 est un marqueur inflammatoire, une puissante cytokine pléiotrope qui régule la croissance et la différenciation cellulaire et joue un rôle important dans la réponse immunitaire. L'IL6 est libérée après une séance d'exercice et joue un rôle important dans la récupération musculaire suite à des dommages induits par l'exercice. IL6R intervient dans la fonction de l'IL6.

Nom Du Gène: COL1A1

Votre Génotype: GG, CT

Ce gène code pour la protéine Collagène, type I, alpha 1. Cette protéine est le composant majeur du collagène de type I, qui est le collagène structurel le plus abondant dans le corps. Il renforce et soutient de nombreux tissus du corps, notamment le cartilage, les os, les tendons et la peau.

Nom Du Gène: GDF5

Votre Génotype: CC

Le gène joue un rôle important dans le développement du squelette, des articulations, de la chondrogénèse, de la réparation des os et du cartilage. GDF5 est impliqué dans le développement, la régénération et l'entretien du cartilage articulaire et est un marqueur spécifique des articulations synoviales des squelettes appendiculaires. Dans les tissus embryonnaires et adultes, GDF5 régule la croissance et la différenciation des cellules chondrogéniques.

Nom Du Gène: Near IGF2AS

Votre Génotype: TT

Ce variant est situé à proximité du gène IGF2AS. Le gène IGF2AS est exprimé en antisens contre le facteur de croissance analogue à l'insuline 2 (IGF2). On sait qu'il a des activités de régulation de la croissance et de type insuline. Il a été démontré que l'IGF2 est régulé positivement en réponse aux dommages induits par la contraction musculaire et joue donc un rôle clé dans la récupération après une lésion musculaire. IGF2AS est antisens du gène IGF2 et jouerait donc un rôle dans la régulation de l'IGF2.

Nom Du Gène: IGF2

Votre Génotype: GG, GC

Le gène IGF2 code pour une protéine (insulin-like growth factor 2 - IGF2) qui a une structure similaire à celle de l'insuline structurellement similaire à l'insuline ; il joue un rôle dans la croissance et le développement du fœtus et est crucial pour la croissance et la différenciation des muscles squelettiques. Les variations du gène IGF2 ont été associées à une réduction de la force musculaire suite à des lésions musculaires.

Nom Du Gène: SLC30A8

Votre Génotype: CC

Le gène SLC30A8 code pour une protéine (protéine du transporteur d'efflux de zinc 8), qui est un transporteur de zinc principalement exprimé dans le pancréas (cellules α et cellules β). Les interactions entre les muscles squelettiques et les cellules β jouent un rôle dans la fonction et la masse saines des muscles squelettiques. Le gène SLC30A8 peut jouer un rôle dans la communication entre les myokines (molécules sécrétrices du muscle squelettique) et la fonction des cellules β et, par conséquent, une variante de ce gène pourrait avoir une influence sur la taille et la force du muscle squelettique.

Nom Du Gène: TRIM63

Votre Génotype: AA

Le gène TRIM63 code pour une protéine (muscle RING finger 1 - MuRF-1), qui joue un rôle dans le maintien de l'homéostasie des protéines musculaires. La variation du gène peut modifier la structure de MuRF-1, ce qui peut diminuer la rigidité des fibres musculaires, ce qui peut conduire à une susceptibilité accrue aux lésions musculaires induites par l'exercice.

Nom Du Gène: COL2A1

Votre Génotype: AA

Le gène COL2A1 code pour une protéine (collagène de type II, alpha 1), qui fournit structure et force aux tissus conjonctifs qui soutiennent les muscles, les articulations, les organes et la peau. La variation du gène COL2A1 a été associée à la force musculaire et à la récupération après des lésions musculaires induites par l'exercice en raison de son effet sur la dérégulation du réseau de collagène, ce qui peut avoir un effet négatif sur les propriétés mécaniques de l'unité muscle-tendon.

Nom Du Gène: MLCK

Votre Génotype: CC

Le gène MLCK code pour une protéine (myosine chaîne légère kinase), qui affecte la myosine (une protéine motrice qui joue un rôle clé dans la contraction musculaire) et influence la force produite lors de la contraction musculaire. La variation du gène MLCK peut affecter la force produite dans les muscles ; une diminution de la capacité à résister à la tension lors des contractions musculaires volontaires peut entraîner des lésions musculaires.

Nom Du Gène: CCR2

Votre Génotype: AC, TC

Le gène CCR2 code pour une protéine (récepteur de chimiokine C-C de type 2), qui joue un rôle clé dans la signalisation des macrophages et des cellules satellites dans les tissus musculaires lors de l'inflammation. CCR2 agit comme un récepteur pour certaines protéines, dont la protéine CCL2. Les variantes du gène CCR2 étaient associées à des douleurs, à l'écoulement de la créatinine kinase après l'exercice et à la récupération de la force. Cette influence du gène s'est avérée être liée à une période particulière (4 à 10 jours après l'exercice) pendant laquelle le processus de réparation musculaire atteint son apogée.

Nom Du Gène: Near CCL2

Votre Génotype: CC

Cette variante est située à proximité du gène CCL2. Dans les jours qui suivent des exercices/activités intenses, des macrophages s'infiltrent dans les tissus endommagés. Le gène CCL2 code pour une protéine [ligand 2 de la chimiokine (motif C-C)], qui joue un rôle clé dans la signalisation des cellules satellites et des macrophages dans le tissu musculaire pendant l'inflammation. Le processus d'infiltration des cellules satellites et des macrophages est crucial pour la réparation musculaire. Les variantes du gène CCL2 étaient associées à des douleurs, à l'écoulement de la créatine kinase après l'exercice et à la récupération de la force. Cette influence du gène s'est avérée être liée à une période particulière (4 à 10 jours après l'exercice) pendant laquelle le processus de réparation musculaire atteint son apogée.

Nom Du Gène: ACTN3

Votre Génotype: CT

Le gène ACTN3 influence la production d'une protéine (α -actinine-3) présente dans les fibres musculaires à contraction rapide, qui sont le type de fibres musculaires importantes pour les mouvements nécessitant de la puissance, comme l'haltérophilie ou le sprint. Cette protéine joue, entre autres fonctions, un rôle dans la régulation du métabolisme musculaire.

Nom Du Gène: MCT1

Votre Génotype: AT

Le gène MCT1 code pour une protéine (transporteur de monocarboxylate 1), qui influence le transport du lactate à travers les membranes, pour produire de l'ATP, la monnaie énergétique des cellules. Il s'agit d'un processus important pour le métabolisme cellulaire, notamment celui des muscles squelettiques. Des défauts du transporteur de lactate dans les muscles squelettiques peuvent provoquer de la fatigue et des crampes musculaires pendant l'exercice. Des variantes du gène MCT1 peuvent influencer l'apparition de la fatigue. L'expression de MCT1 dans les muscles peut aider à compenser la fatigue ; une expression accrue de MCT1 peut impliquer une probabilité réduite de ressentir facilement de la fatigue.

Nom Du Gène: IL6

Votre Génotype: GG

Le gène IL6 participe à la production d'interleukine-6 (IL-6), une molécule qui joue un rôle clé dans le système immunitaire, la performance sportive et la récupération musculaire. Pendant la récupération après l'exercice, les muscles ont tendance à libérer de l'IL-6 en raison de lésions musculaires squelettiques, ce qui peut entraîner une augmentation des taux d'IL-6 dans le sang, un processus similaire à une réponse inflammatoire lors d'une blessure ou d'une infection.

Nom Du Gène: CRP

Votre Génotype: CT, TT

Le gène CRP code pour une protéine (protéine C-réactive) qui est associée aux mécanismes de défense en raison de sa capacité à reconnaître les cellules hôtes endommagées et à initier leur élimination. Pendant la phase aiguë de réponse à une blessure, le niveau de cette protéine dans le sang est élevé ; la concentration de CRP est un marqueur courant de récupération à l'exercice.

Nom Du Gène: COL5A1

Votre Génotype: TC

Bien que le collagène de type V ne soit pas trouvé en plus grande quantité, sa distribution dans les tissus est assez étendue. Il joue un rôle important dans la régulation du diamètre des fibres et dans l'assemblage des fibres de collagène. Le gène COL5A1 influence la production de chaîne $\alpha 1$ qui est un composant de plusieurs formes de collagène de type V ; Le collagène de type V est observé dans les tissus contenant du collagène de type I, par ex. tendons, ligaments. Par conséquent, dans le tissu conjonctif non cartilagineux, les molécules COL5A1 ainsi que les fibres de collagène de type I régulent le développement des fibrilles dans les fibres de collagène. Puisque la gravité des blessures musculaires peut être influencée par la composition du collagène, la variation du gène COL5A1 peut être associée à la gravité des blessures musculaires.

Nom Du Gène: ACE

Votre Génotype: AA

Le gène ACE joue un rôle dans la production d'une enzyme (enzyme de conversion de l'angiotensine - ACE), qui est exprimée dans plusieurs tissus, dont les muscles squelettiques ; il peut jouer un rôle clé dans le métabolisme pendant l'exercice. L'ACE est important pour la production d'angiotensine II, un vasoconstricteur qui influence le métabolisme et l'hypertrophie des muscles squelettiques en réponse à l'exercice. Une variation du gène ACE peut également influencer l'activité et les niveaux de créatine kinase en réponse à des contractions excentriques (allongement musculaire), affectant ainsi les lésions musculaires induites par l'exercice.

Nom Du Gène: SOD2

Votre Génotype: TT

Le stress oxydatif produit lors d'un exercice intense est associé à des lésions musculaires et au métabolisme, ce qui peut entraîner une diminution des performances physiques et des lésions musculaires. Le gène SOD2 code pour une protéine (superoxyde dismutase) qui contribue à la création d'un antioxydant qui joue un rôle clé dans la production d'énergie au sein des cellules en empêchant les dommages excessifs causés aux cellules par les radicaux libres. Cela aide également à réduire le stress oxydatif. Une variation du gène SOD2 peut influencer l'efficacité de ce processus.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Maintenez une fréquence d'entraînement modérée jusqu'à 5 jours par semaine.
2. Concevez des entraînements avec un volume modéré à modérément élevé.

À ne pas faire

1. Évitez les entraînements fractionnés excessifs de haute intensité.
2. Évitez les formes d'exercice inappropriées.
3. Évitez une mauvaise alimentation car elle peut nuire à la récupération.

Motivation À L'exercice



Qu'est-ce que Motivation à l'exercice ?

Faire de l'exercice est une expérience subjective, comme beaucoup d'autres choses dans la vie. La façon dont nous percevons cette expérience détermine si nous serons motivés à la poursuivre davantage. Les individus intrinsèquement motivés par l'exercice sont plus susceptibles de suivre un programme d'exercice de manière cohérente. La génétique peut influencer la motivation intrinsèque d'un individu à faire de l'exercice. Une faible motivation intrinsèque doit être combattue avec des stratégies qui font de l'entraînement une expérience plus positive pour l'individu.

Interprétation

4.1



Motivation à l'exercice

Selon votre génotype, votre motivation pour l'exercice est typique. Les personnes possédant un tel génotype ont tendance à avoir une expérience subjective moyenne lorsqu'elles font de l'exercice. Cependant, les problèmes physiques, les engagements psychosociaux et les facteurs environnementaux peuvent influencer la motivation à faire de l'exercice.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: BDNF

Votre Génotype: GG

Le facteur neurotrophique dérivé du cerveau (BDNF) est l'une des neurotrophines les plus étudiées et caractérisées du système nerveux central et a fait l'objet d'une attention remarquable en raison de son importance dans le développement et le maintien d'une fonction cérébrale normale. La protéine BDNF est exprimée dans les régions du cerveau qui contrôlent l'alimentation, la boisson et le poids corporel ; la protéine contribue probablement à la gestion de ces fonctions. Il a été démontré que l'exercice augmente les niveaux d'expression du BDNF, et il a ensuite été démontré que le BDNF a un effet sur la motivation à faire de l'exercice.

Nom Du Gène: FTO

Votre Génotype: GT, CC

Ce gène code pour la protéine associée à la masse grasse et à l'obésité. Le gène FTO humain est un gène à 9 exons qui code pour une déméthylase d'acide nucléique dépendante du 2-oxoglutarate. Il a été largement démontré que le gène FTO pourrait jouer un rôle important dans l'homéostasie énergétique en régulant l'apport énergétique chez l'homme. Des preuves récentes soulignent également son rôle dans le degré de motivation à faire de l'exercice.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Assurer des mouvements sans douleur tout au long de l'activité physique.
2. Échauffez-vous correctement avant une activité physique.

À ne pas faire

1. Évitez de vous entraîner à une intensité ou à un volume excessif.
2. Évitez les formes d'exercice inappropriées.
3. Évitez de terminer l'entraînement/le jeu sans faire d'exercices de récupération.

Entraînement En Résistance Et Renforcement Musculaire



Qu'est-ce que Entraînement en résistance et renforcement musculaire ?

Les muscles squelettiques, capables de générer de la force, sont responsables du mouvement du corps. Les muscles sont la principale salle des machines pour la combustion des graisses et l'absorption du glucose. Des muscles plus gros nécessitent plus d'énergie et brûlent à leur tour plus de calories, ce qui entraîne une perte de graisse et facilite la gestion du poids. Les muscles aident également à prévenir le diabète car ils augmentent la sensibilité à l'insuline et protègent ainsi contre la résistance à l'insuline. L'augmentation de la masse musculaire conduit également à une apparence plus tonique, conduisant à une meilleure image corporelle et à une meilleure confiance en soi. Les autres avantages d'une augmentation de la masse musculaire comprennent une diminution du risque de blessure, une immunité accrue, une force et une énergie accrues, une diminution du risque d'arthrite et une efficacité métabolique accrue. La construction musculaire s'effectue en entreprenant un programme de musculation accompagné d'un régime alimentaire excédentaire calorique approprié, riche en protéines. Cependant, la construction de la masse musculaire est régie par certains gènes. Le profil génétique d'un individu peut indiquer avec quelle facilité et dans quelle mesure une personne peut augmenter sa masse musculaire avec l'entraînement.

Interprétation

Selon votre génotype, votre réponse à l'entraînement en résistance et au renforcement musculaire est bonne. Les personnes possédant un tel génotype trouvent généralement facile de développer leurs muscles avec un entraînement en résistance approprié, car leur corps favorise préférentiellement l'anabolisme musculaire. Avec un entraînement en résistance et un régime alimentaire appropriés, ces personnes peuvent éventuellement gagner facilement de la masse musculaire.

3.9



Entraînement en
résistance et
renforcement musculaire

Tableau des gènes

Nom Du Gène: IL15RA

Votre Génotype: AA, AA

Le gène IL15RA code pour une protéine (récepteur de l'interleukine 15, sous-unité alpha - IL-15R α). IL-15R α est produite par le muscle squelettique en réponse à différents exercices ; ils jouent un rôle important dans l'hypertrophie des muscles squelettiques (augmentation de la masse d'un tissu due à une augmentation de la taille des cellules).

Nom Du Gène: BMP2

Votre Génotype: AA

Le gène BMP2 code pour une protéine (protéine morphogénétique osseuse 2 - BMP2) qui, entre autres fonctions, influence le comportement des cellules mésenchymateuses (cellules capables de se différencier en différents types de cellules, notamment les cellules osseuses, les cellules musculaires, les cellules adipeuses et les cellules cartilagineuses). Puisque cette protéine influence la formation des cellules musculaires, sa quantité, son timing et son emplacement peuvent influencer la myogenèse (formation du tissu musculaire).

Nom Du Gène: IGFBP3

Votre Génotype: AA

Le gène IGFBP3 code pour une protéine (protéine 3 de liaison au facteur de croissance analogue à l'insuline), qui existe dans les muscles squelettiques, se lie à l'IGF1 ou à l'IGF2, permettant ainsi leur fonction de régulation de la croissance des muscles squelettiques. La majeure partie de l'IGF1 en circulation est liée à l'IGFBP-3, influençant ainsi les effets de l'IGF1 sur les muscles squelettiques. On sait que la variation du gène IGFBP3 influence les niveaux de protéine IGFBP3 qui, à leur tour, régulent l'activité de l'IGF1.

Nom Du Gène: MSTN

Votre Génotype: AA, GG

Le gène MSTN code pour une protéine (myostatine) présente dans les muscles utilisés pour le mouvement et joue un rôle important dans le contrôle de la croissance et du développement des tissus. Il régule la croissance des muscles.

Nom Du Gène: IGF1

Votre Génotype: CC

Le gène IGF1 code pour une protéine (insulin-like Growth Factor 1) qui joue un rôle clé dans la croissance et le développement des muscles squelettiques, et peut également induire une hypertrophie (augmentation de la masse d'un tissu due à une augmentation de la taille des cellules) des muscles squelettiques. muscles.

Nom Du Gène: LEPR

Votre Génotype: AG

Le gène LEPR code pour une protéine (récepteur de leptine) présente dans l'hypothalamus ainsi que dans d'autres tissus, notamment les muscles squelettiques. On pense que l'hormone leptine, qui se lie au récepteur, influence l'absorption du glucose et l'oxydation des acides gras dans les muscles squelettiques afin d'empêcher l'accumulation de lipides (graisses) dans les tissus non adipeux comme les muscles squelettiques.

Nom Du Gène: TRHR

Votre Génotype: CT, GG

Le gène TRHR code pour un récepteur hormonal, qui est le récepteur auquel se lie la thyroïdolibérine (TRH). La liaison de la TRH au récepteur entraîne divers signaux cellulaires qui stimulent la glande thyroïde à produire une hormone cruciale dans la régulation de la croissance et du développement des muscles squelettiques. La variation de ce gène peut interférer avec l'activité de liaison de la TRH, ce qui peut affecter davantage le développement musculaire après l'entraînement.

Nom Du Gène: ACTN3

Votre Génotype: CT

Le gène ACTN3 influence la production d'une protéine (α -actinine-3) présente dans les fibres musculaires à contraction rapide, qui sont le type de fibres musculaires importantes pour les mouvements nécessitant de la puissance, comme l'haltérophilie ou le sprint. Cette protéine joue, entre autres fonctions, un rôle dans la régulation du métabolisme musculaire.

Nom Du Gène: INSIG-2

Votre Génotype: GG

Ce gène code pour le gène 2 induit par l'insuline. Il s'agit d'une protéine du réticulum endoplasmique qui bloque le traitement des protéines de liaison aux éléments régulateurs des stérols (SREBP) en se liant à la protéine activant le clivage de la SREBP (SCAP). Il a été fonctionnellement lié au métabolisme des lipides, notamment en raison de son rôle dans la rétro-inhibition endogène de la synthèse du cholestérol et des acides gras.

Nom Du Gène: ACE

Votre Génotype: AA

Le gène ACE joue un rôle dans la production d'une enzyme (angiotensine II) qui contrôle la tension artérielle. Certaines variantes de ce gène peuvent contribuer à de meilleures améliorations lors d'un entraînement de plus haute intensité.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Faites de la musculation au moins 3 jours par semaine car cela est recommandé pour gagner de la masse musculaire. Frappez tous les groupes musculaires au moins une fois par semaine.
2. Faites des exercices cardio pour réduire la graisse pendant la perte de poids.
3. L'espacement des repas n'est pas si important tant que vous respectez votre apport quotidien en protéines.
4. Maintenir un régime alimentaire excédentaire en calories.

À ne pas faire

1. Évitez de diminuer votre apport en protéines les jours de repos.
2. Évitez de négliger les glucides complexes et les graisses saines.



Résumé de la catégorie

FLEXIBILITÉ

5.0



Flexibilité



Flexibilité



Qu'est-ce que Flexibilité ?

La flexibilité est la capacité de se déplacer efficacement sur une gamme complète de mouvements dans une articulation. La flexibilité est déterminée par le sexe, l'âge, les niveaux d'entraînement, la température et l'élasticité des tissus entourant une articulation, à savoir les ligaments, les tendons et les muscles. Une flexibilité améliorée permet de meilleures performances lors de la pratique d'un sport ou de l'exercice. Cela augmente également le niveau de confort dans les activités quotidiennes telles que se pencher, marcher et soulever des objets. L'élasticité des tissus impliqués est contrôlée par la protéine collagène, qui assure le lien génétique avec la flexibilité.

5.0



Flexibilité

Interprétation

Votre profil génétique indique que vous avez une flexibilité typique. Les personnes ayant une telle génétique ont généralement un système musculo-squelettique qui n'a aucune prédisposition à être plus ou moins flexible que la moyenne.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: ACTN3

Votre Géotype: CT

Le gène ACTN3 influence la production d'une protéine (α -actinine-3) présente dans les fibres musculaires à contraction rapide, qui jouent un rôle dans la production de contractions musculaires explosives. Outre la régulation de la force musculaire, le gène ACTN3 a également un effet sur la flexibilité et la raideur musculaire. Il a été démontré qu'une variation de ce gène entraîne une flexibilité réduite.

Nom Du Gène: COL5A1

Votre Génotype: TC

Le gène COL5A1 code pour la protéine (chaîne de collagène de type V $\alpha 1$), que l'on trouve dans les ligaments, les tendons et d'autres tissus contenant du collagène de type I. Ce gène est connu pour affecter le tissu musculaire squelettique et les variations de ce gène influencent la raideur musculaire et la flexibilité des articulations.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Effectuez des séances d'étirement pour améliorer la flexibilité.
2. Effectuez des exercices d'échauffement avant les séances d'étirement, comme un jogging léger de 10 à 15 minutes.
3. Effectuez des étirements dynamiques avant les étirements statiques.
4. Faites du yoga et/ou du Pilates.

À ne pas faire

1. Évitez les étirements excessifs car cela peut entraîner une luxation, des tractions musculaires, des blessures aux tendons/ligaments, etc.
2. Évitez les exercices inappropriés car cela peut entraîner des blessures.



Résumé de la catégorie

CARACTÉRISTIQUES PHYSIQUES

5.7



Tolérance à la douleur

6.4



Indice de masse corporelle

3.6



Masse corporelle maigre



Tolérance À La Douleur



Qu'est-ce que Tolérance à la douleur ?

La capacité physique à supporter la douleur est un aspect essentiel et une mesure du courage physique et de la bravoure. Un corps physiquement fort et doté d'une forte résilience au sein des forces armées est un aspect crucial pour relever les défis. La génétique joue un rôle important dans la variabilité interindividuelle de la sensibilité à la douleur, une mesure cruciale pour déterminer le courage physique.

5.7



Tolérance à la douleur

Interprétation

Selon votre génotype, vous avez une capacité typique à supporter la douleur. Les individus possédant un tel génotype ne sont pas capables de supporter la douleur provoquée par un stimulus externe plus élevé.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: SCN9A

Votre Génotype: GG

Le gène SCN9A fournit des instructions pour fabriquer une partie (la sous-unité alpha) d'un canal sodique appelé NaV1.7. Les canaux sodiques NaV1.7 se trouvent dans les cellules nerveuses appelées nocicepteurs qui transmettent les signaux de douleur. Les nocicepteurs font partie du système nerveux périphérique, qui relie le cerveau et la moelle épinière aux cellules qui détectent les sensations telles que le toucher, l'odorat et la douleur. Les nocicepteurs sont principalement impliqués dans la transmission des signaux de douleur.

Nom Du Gène: COMT

Votre Génotype: CG, GG

La catéchol-O-méthyltransférase (COMT) est une enzyme clé dans la voie catabolique des neurotransmetteurs liés à la douleur tels que la dopamine, l'épinéphrine et la noradrénaline et joue un rôle important dans la perception de la douleur. L'activité enzymatique du COMT est en partie déterminée par des facteurs génétiques. Les variantes fonctionnelles du COMT sont associées à des différences interindividuelles en termes d'expérience clinique de la douleur, de sensibilité à la douleur à la stimulation expérimentale et de réponse aux analgésiques.

À faire et à ne pas faire

À faire

.

À ne pas faire

.

Indice De Masse Corporelle



Qu'est-ce que Indice de masse corporelle ?

L'indice de masse corporelle (IMC) est une mesure de la graisse corporelle basée sur la taille et le poids d'une personne, calculée en divisant le poids (en kilogrammes) par le carré de la taille (en mètres). Il est couramment utilisé comme outil de dépistage pour identifier les personnes susceptibles de présenter un risque plus élevé de problèmes de santé liés à un excès de graisse corporelle, tels que le diabète, les maladies cardiovasculaires et certains cancers. Les études d'association pangénomique (GWAS) ont identifié plusieurs variantes génétiques associées à l'IMC, bon nombre de ces variantes étant impliquées dans la régulation de l'appétit, le métabolisme et la fonction du tissu adipeux. Bien que les informations génétiques puissent donner un aperçu de la susceptibilité d'un individu à un IMC plus élevé, il est important de se concentrer sur les facteurs liés au mode de vie et aux influences environnementales pour gérer efficacement l'IMC et promouvoir un poids santé.

6.4



Indice de masse corporelle

Interprétation

Selon votre génotype, vous avez une forte prédisposition à développer un IMC élevé. Des facteurs tels que le tabagisme, l'hypertension artérielle, l'obésité, le stress, les cardiopathies ischémiques, une mauvaise alimentation, la sédentarité et l'abus de drogues ou d'alcool peuvent augmenter votre risque de développer un IMC élevé.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: Near PAX3

Votre Génotype: AA

Le gène code pour un facteur de transcription qui aide à convertir les progéniteurs d'adipocytes blancs en progéniteurs d'adipocytes bruns. Une variation courante de PAX3 est impliquée dans les morphologies craniofaciales 1, et des mutations graves de ce gène provoquent des déformations, une surdité et des modifications de pigmentation impliquées dans le syndrome de Waardenburg de types 1 et 3. Des mutations somatiques de PAX3 ont été associées au rhabdomyosarcome. Chez l'adulte, PAX3 est principalement exprimé dans le tissu adipeux, les muscles squelettiques, la peau, les artères, le tissu mammaire, les testicules et certaines régions du cerveau.

Nom Du Gène: Near CCK

Votre Génotype: GG

Ce gène code pour un membre de la famille des protéines gastrine/cholécystokinine. La préproprotéine codée est traitée protéolytiquement pour générer plusieurs produits protéiques, notamment les hormones peptidiques cholécystokinine-8, -12, -33 et autres. Il a été démontré que les peptides codés régulent la sécrétion d'acide gastrique et la prise alimentaire. Une forme sulfatée de cholécystokinine-8 peut moduler l'activité neuronale du cerveau.

Nom Du Gène: Near GRP

Votre Génotype: TT

Ce gène code pour un membre de la famille des peptides libérant la gastrine, de type bombésine. La préproprotéine codée est traitée protéolytiquement pour générer deux peptides, le peptide libérant la gastrine et la neuromédine-C. Ces peptides régulent de nombreuses fonctions des systèmes gastro-intestinal et nerveux central, notamment la libération d'hormones gastro-intestinales, la contraction des cellules musculaires lisses et la prolifération des cellules épithéliales. Ces peptides sont également susceptibles de jouer un rôle dans les cancers humains du poumon, du côlon, de l'estomac, du pancréas, du sein et de la prostate.

Nom Du Gène: POC5

Votre Génotype: CC, CC

POC5 (POC5 Centriolar Protein) est un gène codant pour une protéine. Les maladies associées au POC5 comprennent la dystrophie syndromique des bâtonnets et des cônes et la scoliose idiopathique. Il permet une activité de liaison aux protéines identique et est essentiel pour l'assemblage de la moitié distale des centrioles, nécessaire à l'élongation des centrioles.

Nom Du Gène: SEC16B

Votre Génotype: GG

SEC16B est un homologue mammifère de *S. cerevisiae* Sec16 qui est nécessaire à l'organisation des sites transitionnels du réticulum endoplasmique (RE) et à l'exportation de protéines.

Nom Du Gène: STK33

Votre Génotype: CT

STK33 (Serine/Threonine Kinase 33) est un gène codant pour une protéine. Les maladies associées au STK33 comprennent le cancer du pancréas et la tyrosinémie de type Iii. Parmi ses voies associées figurent la signalisation Sweet Taste et la signalisation MAP Kinase. Il est également impliqué dans la signalisation des points de contrôle des dommages mitotiques à l'ADN et dans l'autophosphorylation des protéines.

Nom Du Gène: DCC

Votre Génotype: GG

Ce gène code pour un récepteur nétrine 1. La protéine transmembranaire est membre de la superfamille des immunoglobulines des molécules d'adhésion cellulaire et assure le guidage des axones des cônes de croissance neuronaux vers les sources de ligand nétrine 1. La queue cytoplasmique interagit avec les tyrosine kinases Src et la kinase d'adhésion focale (FAK, également connue sous le nom de PTK2) pour médier l'attraction des axones. La protéine se localise partiellement dans les radeaux lipidiques et induit l'apoptose en l'absence de ligand. La protéine fonctionne comme un suppresseur de tumeur et est fréquemment mutée ou régulée négativement dans le cancer colorectal et le carcinome de l'œsophage.

Nom Du Gène: Near TNN3IK

Votre Génotype: AT

Ce gène code pour une protéine qui appartient à la famille des protéines kinases MAP kinase kinase kinase (MAPKKK). La protéine contient des domaines riches en répétition d'ankyrine, en protéine kinase et en sérine et on pense qu'elle joue un rôle dans la physiologie cardiaque.

Nom Du Gène: PRMT7

Votre Génotype: GA

Ce gène code pour un récepteur couplé à la protéine G pour le polypeptide inhibiteur gastrique (GIP), qui a été initialement identifié comme une activité dans les extraits intestinaux qui inhibent la sécrétion d'acide gastrique et la libération de gastrine, mais il a ensuite été démontré qu'il stimulait la libération d'insuline en présence d'un taux de glucose élevé. . Les souris dépourvues de ce gène présentent des taux de glycémie plus élevés avec une réponse insulinique initiale altérée après une charge de glucose par voie orale. Un défaut de ce gène peut donc contribuer à la pathogenèse du diabète.

Nom Du Gène: Near TFAP2B

Votre Génotype: AA

Ce gène code pour un membre de la famille AP-2 de facteurs de transcription. Les protéines AP-2 forment des homo- ou hétéro-dimères avec d'autres membres de la famille AP-2 et se lient à des séquences d'ADN spécifiques. On pense qu'ils stimulent la prolifération cellulaire et suppriment la différenciation terminale de types de cellules spécifiques au cours du développement embryonnaire. Les membres spécifiques de la famille AP-2 diffèrent par leurs modèles d'expression et leur affinité de liaison pour différents promoteurs. Cette protéine fonctionne à la fois comme activateur et répresseur transcriptionnel. Les mutations de ce gène entraînent le syndrome de Char autosomique dominant, ce qui suggère que ce gène fonctionne dans la différenciation des dérivés des cellules de la crête neurale.

Nom Du Gène: Near LRP1B

Votre Génomotype: TT, CC

Ce gène code pour un membre de la famille des récepteurs des lipoprotéines de basse densité (LDL). Ces récepteurs jouent une grande variété de rôles dans le fonctionnement et le développement cellulaires normaux en raison de leurs interactions avec de multiples ligands. La perturbation de ce gène a été rapportée dans plusieurs types de cancer.

Nom Du Gène: Near POC5

Votre Génomotype: GG

POC5 (POC5 Centriolar Protein) est un gène codant pour une protéine. Les maladies associées au POC5 comprennent la dystrophie syndromique des bâtonnets et des cônes et la scoliose idiopathique. Il permet une activité de liaison aux protéines identique et est essentiel pour l'assemblage de la moitié distale des centrioles, nécessaire à l'élongation des centrioles.

Nom Du Gène: NUDT3

Votre Génomotype: AA

NUDT3 appartient à la famille des protéines MutT, ou Nudix. Les protéines Nudix agissent comme des points de contrôle homéostatiques à des étapes importantes des voies métaboliques des nucléosides phosphates, protégeant ainsi contre des niveaux élevés d'intermédiaires potentiellement dangereux, comme le 8-oxo-dGTP, qui favorise les transversions AT en CG.

Nom Du Gène: ADCY5

Votre Génomotype: TC

Les adénylyles cyclases assurent la médiation de la signalisation des récepteurs couplés aux protéines G via la synthèse du deuxième messenger AMPc. Les SNP de ce gène ont été associés au diabète de type 2 et à des issues défavorables à la naissance, tous deux liés à l'obésité. Ces SNP précédemment associés sont en corrélation avec notre SNP principal. Ce gène a également été associé à la dyskinésie liée à ADCY5, un trouble du mouvement pédiatrique impliquant les membres, le cou ou le visage. ADCY5 est surtout exprimé dans le tissu artériel, le cœur, le cerveau et l'œsophage, connus pour avoir diverses isoformes.

Nom Du Gène: Near CREB1

Votre Génomotype: AA

Ce gène code pour un facteur de transcription qui fait partie de la famille des protéines de liaison à l'ADN de la leucine zipper. Cette protéine se lie comme un homodimère à l'élément sensible à l'AMPc, un palindrome octamérique. La protéine est phosphorylée par plusieurs protéines kinases et induit la transcription de gènes en réponse à une stimulation hormonale de la voie de l'AMPc.

Nom Du Gène: ETV5

Votre Génotype: CC, GG

ETV5 (ETS Variant Transcription Factor 5) est un gène codant pour une protéine. Les maladies associées à l'ETV5 comprennent le névrome acoustique et la maladie de Charcot-Marie-Tooth, axonale, type 2Dd. Parmi ses voies associées figurent les événements de signalisation médiés par l'IL12 et la signalisation IL12 médiée par STAT4. Il permet une activité d'activateur de transcription de liaison à l'ADN, une activité de liaison à l'ADN spécifique à la séquence de la région régulatrice de transcription de l'ARN polymérase II et de l'ARN polymérase II. Il est également impliqué dans la réponse cellulaire au stress oxydatif, dans la régulation négative de la transcription par l'ARN polymérase II et dans la régulation positive de la transcription par l'ARN polymérase II.

Nom Du Gène: Near HNF4G

Votre Génotype: TT, AA, CT

HNF4G permet une activité d'activateur de transcription de liaison à l'ADN, une activité de liaison à l'ADN spécifique à la séquence de la région cis-régulatrice de l'ARN polymérase II et de l'ARN polymérase II. Le gène est impliqué dans la régulation positive de la transcription par l'ARN polymérase II. Il est localisé dans plusieurs composants cellulaires, dont le pont intercellulaire ; fuseau mitotique; et le nucléoplasme.

Nom Du Gène: LRP1B

Votre Génotype: CG

Ce gène code pour un membre de la famille des récepteurs des lipoprotéines de basse densité (LDL). Ces récepteurs jouent une grande variété de rôles dans le fonctionnement et le développement cellulaires normaux en raison de leurs interactions avec de multiples ligands. La perturbation de ce gène a été rapportée dans plusieurs types de cancer.

Nom Du Gène: BCL2

Votre Génotype: CT

Ce gène code pour une protéine intégrale de la membrane mitochondriale externe qui bloque la mort apoptotique de certaines cellules telles que les lymphocytes. On pense que l'expression constitutive de BCL2, comme dans le cas de la translocation de BCL2 vers le locus de la chaîne lourde de l'Ig, est à l'origine du lymphome folliculaire.

Nom Du Gène: Near GPRC5B

Votre Génotype: GG

Ce gène code pour un membre de la famille des récepteurs couplés aux protéines G de type 3. Les membres de cette superfamille sont caractérisés par un motif signature à 7 domaines transmembranaires. La protéine codée peut moduler la sécrétion d'insuline et une expression accrue de la protéine est associée au diabète de type 2.

Nom Du Gène: Near FAIM2

Votre Génotype: CC

FAIM2 (Fas Apoptotic Inhibitory Molecule 2) est un gène codant pour une protéine. Le gène est impliqué dans la régulation du processus apoptotique des neurones. Agit en amont ou dans la régulation négative de la voie de signalisation apoptotique extrinsèque via les récepteurs du domaine de la mort. Situé dans un radeau à membrane.

Nom Du Gène: FAIM2

Votre Génotype: TC, CG

FAIM2 (Fas Apoptotic Inhibitory Molecule 2) est un gène codant pour une protéine. Le gène est impliqué dans la régulation du processus apoptotique des neurones. Il agit en amont ou dans la régulation négative de la voie de signalisation apoptotique extrinsèque via les récepteurs du domaine de la mort et est situé dans le radeau membranaire.

Nom Du Gène: TNKI3K

Votre Génotype: GA, AA, AA

Ce gène code pour une protéine qui appartient à la famille des protéines kinases MAP kinase kinase kinase (MAPKKK). La protéine contient des domaines riches en répétition d'ankyrine, en protéine kinase et en sérine et on pense qu'elle joue un rôle dans la physiologie cardiaque.

Nom Du Gène: ADCY3

Votre Génotype: GG, GG, TC, CG

Ce gène code pour l'adénylyl cyclase 3 qui est une enzyme associée à la membrane et catalyse la formation de l'adénosine monophosphate cyclique messenger secondaire (AMPC). Cette protéine semble être largement exprimée dans divers tissus humains et pourrait être impliquée dans un certain nombre de processus métaboliques physiologiques et physiopathologiques. Deux variantes de transcription codant pour différentes isoformes ont été trouvées pour ce gène.

Nom Du Gène: GIPR

Votre Génotype: GG, AA, CC

Ce gène code pour un récepteur couplé à la protéine G pour le polypeptide inhibiteur gastrique (GIP), qui a été initialement identifié comme une activité dans les extraits intestinaux qui inhibent la sécrétion d'acide gastrique et la libération de gastrine, mais il a ensuite été démontré qu'il stimulait la libération d'insuline en présence d'un taux de glucose élevé. . Les souris dépourvues de ce gène présentent des taux de glycémie plus élevés avec une réponse insulinaire initiale altérée après une charge de glucose par voie orale. Un défaut de ce gène peut donc contribuer à la pathogenèse du diabète.

Nom Du Gène: CCK

Votre Génotype: CC, GG, AA

Ce gène code pour un membre de la famille des protéines gastrine/cholécystokinine. La préproprotéine codée est traitée protéolytiquement pour générer plusieurs produits protéiques, notamment les hormones peptidiques cholécystokinine-8, -12, -33 et autres. Il a été démontré que les peptides codés régulent la sécrétion d'acide gastrique et la prise alimentaire. Une forme sulfatée de cholécystokinine-8 peut moduler l'activité neuronale du cerveau.

Nom Du Gène: ZC3H4

Votre Génotype: AG, CT

Ce gène code pour un membre d'une famille de protéines contenant un domaine à doigt de zinc CCCH. Ces domaines à doigts de zinc, qui coordonnent la liaison des doigts de zinc et sont caractérisés par trois résidus cystéine et un résidu histidine, se lient aux acides nucléiques. D'autres membres de la famille sont connus pour fonctionner dans la régulation post-transcriptionnelle.

Nom Du Gène: Near MIR148A

Votre Génotype: CC

MIR148A (microARN 148a) est un gène d'ARN et est affilié à la classe des miARN. Les maladies associées au MIR148A comprennent le cancer de l'œsophage et le cholangiocarcinome. Les microARN (miARN) sont des ARN non codants courts (20-24 nt) impliqués dans la régulation post-transcriptionnelle de l'expression des gènes dans les organismes multicellulaires en affectant à la fois la stabilité et la traduction des ARNm. Les miARN sont transcrits par l'ARN polymérase II dans le cadre de transcrits primaires coiffés et polyadénylés (pri-miARN) qui peuvent être soit codants pour des protéines, soit non codants. Le transcrit primaire est clivé par l'enzyme ribonucléase III Drosha pour produire un miARN précurseur tige-boucle d'environ 70 nt (pré-miARN), qui est ensuite clivé par la ribonucléase cytoplasmique Dicer pour générer le miARN mature et l'étoile de miARN antisens (miARN*).) produits. Le miARN mature est incorporé dans un complexe de silençage induit par l'ARN (RISC), qui reconnaît les ARNm cibles grâce à un appariement imparfait de bases avec le miARN et entraîne le plus souvent une inhibition traductionnelle ou une déstabilisation de l'ARNm cible. Le RefSeq représente la boucle de tige de microARN prévue.

Nom Du Gène: Near PCSK1

Votre Génotype: CA, AA

Ce gène code pour un membre de la famille des proprotéines convertases de type subtilisine, qui comprend des protéases qui traitent le trafic des précurseurs protéiques et peptidiques à travers les branches régulées ou constitutives de la voie de sécrétion. La protéine codée subit un premier événement de traitement autocatalytique dans le RE pour générer un hétérodimère qui quitte le RE et est trié vers des compartiments subcellulaires où un deuxième autocatalytique a même lieu et l'activité catalytique est acquise. La protéase est conditionnée et activée dans des granules sécrétoires denses et exprimée dans le système neuroendocrinien et le cerveau. Ce gène code pour l'un des sept membres spécifiques d'acides aminés basiques qui clivent leurs substrats en résidus basiques simples ou appariés. Il fonctionne dans l'activation protéolytique des hormones polypeptidiques et des précurseurs des neuropeptides. Des mutations de ce gène ont été associées à une susceptibilité à l'obésité et à un déficit en proprotéine convertase 1/3.

Nom Du Gène: ADCY9

Votre Génotype: TT, TT, CC

ADCY9 (Adenylate Cyclase 9) est un gène codant pour une protéine. Les maladies associées à ADCY9 comprennent le syndrome de duplication du chromosome 16P13.3 et l'asthme. Parmi ses voies associées figurent la production de cytokines anti-inflammatoires médiée par ADORA2B et l'expression de CFTR bêta-2 adrénergique-dépendante. L'adénylate cyclase est une enzyme liée à la membrane qui catalyse la formation d'AMP cyclique à partir de l'ATP. Il est régulé par une famille de récepteurs couplés aux protéines G, aux protéines kinases et au calcium. L'adényl cyclase de type 9 est une adényl cyclase largement distribuée et elle est stimulée par l'activation des récepteurs bêta-adrénergiques mais est insensible à la forskoline, au calcium et à la somatostatine.

Nom Du Gène: SCARB2

Votre Génotype: CC

La protéine codée par ce gène est une glycoprotéine de type III située principalement dans les membranes limitantes des lysosomes et des endosomes. Des études antérieures chez la souris et le rat suggéraient que cette protéine pourrait participer au transport membranaire et à la réorganisation du compartiment endosomal/lysosomal. Il a été rapporté que la carence en protéines chez la souris altère les processus de transport membranaire cellulaire et provoque une obstruction de la jonction pelvienne, une surdité et une neuropathie périphérique. D'autres études chez l'homme ont montré que cette protéine est exprimée de manière ubiquitaire et qu'elle est impliquée dans la pathogenèse de la maladie main-pied-bouche) causée par l'entérovirus-71 et éventuellement par le virus coxsackie A16. Les mutations de ce gène ont provoqué une épilepsie myoclonique progressive autosomique récessive-4 (EPM4), également connue sous le nom de syndrome d'action myoclonie-insuffisance rénale (AMRF).

Nom Du Gène: Near ETV5

Votre Génotype: TT

ETV5 (ETS Variant Transcription Factor 5) est un gène codant pour une protéine. Les maladies associées à l'ETV5 comprennent le névrome acoustique et la maladie de Charcot-Marie-Tooth, axonale, type 2Dd. Parmi ses voies associées figurent les événements de signalisation médiés par l'IL12 et la signalisation IL12 médiée par STAT4. Il permet une activité d'activateur de transcription de liaison à l'ADN, une activité de liaison à l'ADN spécifique à la séquence de la région régulatrice de transcription de l'ARN polymérase II et de l'ARN polymérase II. Il est également impliqué dans la réponse cellulaire au stress oxydatif, dans la régulation négative de la transcription par l'ARN polymérase II et dans la régulation positive de la transcription par l'ARN polymérase II.

Nom Du Gène: Near ALDH2

Votre Génotype: TT

Cette protéine appartient à la famille des protéines aldéhyde déshydrogénase. L'aldéhyde déshydrogénase est la deuxième enzyme de la principale voie oxydative du métabolisme de l'alcool. Deux isoformes hépatiques majeures de l'aldéhyde déshydrogénase, cytosolique et mitochondriale, peuvent être distinguées par leurs mobilités électrophorétiques, leurs propriétés cinétiques et leurs localisations subcellulaires. La plupart des Caucasiens ont deux isozymes principales, tandis qu'environ 50 % des Asiatiques de l'Est possèdent l'isozyme cytosolique mais pas l'isozyme mitochondriale. Une fréquence remarquablement plus élevée d'intoxication alcoolique aiguë chez les Asiatiques de l'Est que chez les Caucasiens pourrait être liée à l'absence d'une forme catalytiquement active de l'isozyme mitochondrial. L'exposition accrue à l'acétaldéhyde chez les individus présentant la forme catalytiquement inactive peut également conférer une plus grande susceptibilité à de nombreux types de cancer. Ce gène code pour une isoforme mitochondriale, qui a un faible Km pour les acétaldéhydes et est localisée dans la matrice mitochondriale.

Nom Du Gène: Near SEC16B

Votre Génotype: TT, GG, AA

SEC16B est un homologue mammifère de *S. cerevisiae* Sec16 qui est nécessaire à l'organisation des sites transitionnels du réticulum endoplasmique (RE) et à l'exportation de protéines.

Nom Du Gène: MTCH2

Votre Génotype: AA

Ce gène code pour un membre de la famille SLC25 de transporteurs nucléaires localisés dans la membrane mitochondriale interne. Les membres de cette superfamille sont impliqués dans de nombreuses voies métaboliques et fonctions cellulaires. Des études d'association à l'échelle du génome humain ont identifié des polymorphismes mononucléotidiques dans plusieurs locus associés à l'obésité. Ce gène est l'un de ces locus, fortement exprimé dans le tissu adipeux blanc et les adipocytes, et considéré comme jouant un rôle régulateur dans la différenciation et la biologie des adipocytes.

Nom Du Gène: Near KCTD15

Votre Génotype: GG, CC, CA, AG

KCTD15 (Potassium Channel Tetramerization Domain Containing 15) est un gène codant pour une protéine. Il permet une activité de liaison aux protéines identique et est également impliqué dans l'homoligomérisation des protéines.

Nom Du Gène: SH2B1

Votre Génotype: AA, CC, GG

Ce gène code pour un membre de la famille des médiateurs contenant le domaine SH2. La protéine codée intervient dans l'activation de diverses kinases et peut fonctionner dans la signalisation des récepteurs des cytokines et des facteurs de croissance et dans la transformation cellulaire.

Nom Du Gène: Near ADCY3

Votre Génotype: GG, CC, AA

Ce gène code pour l'adénylyl cyclase 3 qui est une enzyme associée à la membrane et catalyse la formation de l'adénosine monophosphate cyclique messenger secondaire (AMPC). Cette protéine semble être largement exprimée dans divers tissus humains et pourrait être impliquée dans un certain nombre de processus métaboliques physiologiques et physiopathologiques. Deux variantes de transcription codant pour différentes isoformes ont été trouvées pour ce gène.

Nom Du Gène: Near HHEX

Votre Génotype: AG, AG

Ce gène code pour un membre de la famille des facteurs de transcription homéobox, dont beaucoup sont impliqués dans les processus de développement. L'expression dans des lignées hématopoïétiques spécifiques suggère que cette protéine pourrait jouer un rôle dans la différenciation hématopoïétique.

Nom Du Gène: MAP2K5

Votre Génotype: TT, AA, GG, GG, AA, TT

La protéine codée par ce gène est une protéine kinase à double spécificité qui appartient à la famille des MAP kinases kinases. Cette kinase interagit spécifiquement avec et active MAPK7/ERK5. Cette kinase elle-même peut être phosphorylée et activée par MAP3K3/MEKK3, ainsi que par les isoformes atypiques de la protéine kinase C (aPKC). La cascade de signaux médiée par cette kinase est impliquée dans la prolifération cellulaire stimulée par le facteur de croissance et la différenciation des cellules musculaires.

Nom Du Gène: LINGO2

Votre Génotype: GA, TC, TC

LINGO2 (Leucine Rich Repeat And Ig Domain Containing 2) est un gène codant pour une protéine. Il agit en amont ou dans le cadre de la régulation positive de l'assemblage des synapses. C'est un composant intégral de la membrane, qui est active dans la matrice extracellulaire et l'espace extracellulaire.

Nom Du Gène: NRXN1

Votre Génotype: TT

Ce gène code pour une protéine membranaire de type I à passage unique qui appartient à la famille des neurexines. Les neurexines sont des récepteurs de surface cellulaire qui se lient aux neuroligines pour former des complexes neurexine/neuroligine dépendants du Ca^{2+} au niveau des synapses du système nerveux central. Ce complexe est nécessaire à une neurotransmission efficace et participe à la formation des contacts synaptiques. Trois membres de cette famille de gènes ont été étudiés en détail et on estime qu'ils génèrent plus de 3 000 variantes grâce à l'utilisation de deux promoteurs alternatifs (alpha et bêta) et à un épissage alternatif étendu dans chaque membre de la famille. Récemment, un troisième promoteur (gamma) a été identifié pour ce gène dans la région 3'. Les mutations de ce gène sont associées au syndrome de type Pitt-Hopkins-2 et peuvent contribuer à la susceptibilité à la schizophrénie.

Nom Du Gène: Near TLR4

Votre Génotype: TT

La protéine codée par ce gène fait partie de la famille des récepteurs Toll-like (TLR) qui joue un rôle fondamental dans la reconnaissance des agents pathogènes et l'activation de l'immunité innée. Les TLR sont hautement conservés de la drosophile à l'homme et partagent des similitudes structurelles et fonctionnelles. Ils reconnaissent les modèles moléculaires associés aux agents pathogènes qui sont exprimés sur les agents infectieux et interviennent dans la production de cytokines nécessaires au développement d'une immunité efficace. Les différents TLR présentent différents modèles d'expression. Des études in silico ont révélé une liaison particulièrement forte du TLR4 de surface avec la protéine de pointe du coronavirus 2 du syndrome respiratoire aigu sévère (SRAS-CoV-2), l'agent causal de la maladie à coronavirus 2019 (COVID-19). Ce récepteur a également été impliqué dans les événements de transduction de signal induits par le lipopolysaccharide (LPS) présent dans la plupart des bactéries Gram-négatives. Les mutations de ce gène ont été associées à des différences de réactivité au LPS et à une susceptibilité à la dégénérescence maculaire liée à l'âge. Plusieurs variantes de transcription codant pour différentes isoformes ont été trouvées pour ce gène.

Nom Du Gène: ALDH2

Votre Génotype: GG

Cette protéine appartient à la famille des protéines aldéhyde déshydrogénase. L'aldéhyde déshydrogénase est la deuxième enzyme de la principale voie oxydative du métabolisme de l'alcool. Deux isoformes hépatiques majeures de l'aldéhyde déshydrogénase, cytosolique et mitochondriale, peuvent être distinguées par leurs mobilités électrophorétiques, leurs propriétés cinétiques et leurs localisations subcellulaires. La plupart des Caucasiens ont deux isozymes principales, tandis qu'environ 50 % des Asiatiques de l'Est possèdent l'isozyme cytosolique mais pas l'isozyme mitochondriale. Une fréquence remarquablement plus élevée d'intoxication alcoolique aiguë chez les Asiatiques de l'Est que chez les Caucasiens pourrait être liée à l'absence d'une forme catalytiquement active de l'isozyme mitochondrial. L'exposition accrue à l'acétaldéhyde chez les individus présentant la forme catalytiquement inactive peut également conférer une plus grande susceptibilité à de nombreux types de cancer. Ce gène code pour une isoforme mitochondriale, qui a un faible K_m pour les acétaldéhydes et est localisée dans la matrice mitochondriale.

Nom Du Gène: Near TMEM18

Votre Génotype: CT, AG, CA, GA, TC, AG, TG, TG

TMEM18 (Transmembrane Protein 18) est un gène codant pour une protéine. Les maladies associées au TMEM18 comprennent le syndrome de Meier-Gorlin 4 et un déficit ou un dysfonctionnement en leptine. Le produit génique permet l'activité de liaison à l'ADN et est également impliqué dans la migration cellulaire.

Nom Du Gène: Near MC4R

Votre Génotype: CC, TT, CC, AT, TT, GG, CC, TT

La protéine codée par ce gène est un récepteur lié à la membrane et membre de la famille des récepteurs de la mélanocortine. La protéine codée interagit avec les hormones adrénocorticotropes et MSH et est médiée par les protéines G. Il s'agit d'un gène sans intron. Les défauts de ce gène sont à l'origine de l'obésité autosomique dominante.

Nom Du Gène: KCNJ11

Votre Génotype: TC

Les canaux potassiques sont présents dans la plupart des cellules de mammifères, où ils participent à un large éventail de réponses physiologiques. La protéine codée par ce gène est une protéine membranaire intégrale et un canal potassique de type redresseur vers l'intérieur. La protéine codée, qui a une plus grande tendance à permettre au potassium de circuler dans une cellule plutôt que d'en sortir, est contrôlée par les protéines G et est associée au récepteur de sulfonilurée SUR. Les mutations de ce gène sont à l'origine de l'hypoglycémie hyperinsulinémique persistante familiale de la petite enfance (PHHI), un trouble autosomique récessif caractérisé par une sécrétion d'insuline non régulée. Des défauts de ce gène peuvent également contribuer au diabète sucré autosomique dominant non insulino-dépendant de type II (NIDDM), au diabète sucré néonatal transitoire de type 3 (TNDM3) et au diabète sucré néonatal permanent (PNDM).

Nom Du Gène: KCNQ1

Votre Génotype: CC, GG

Ce gène code pour un canal potassique voltage-dépendant nécessaire à la phase de repolarisation du potentiel d'action cardiaque. Cette protéine peut former des hétéro-multimères avec deux autres protéines des canaux potassiques, KCNE1 et KCNE3. Les mutations de ce gène sont associées au syndrome héréditaire du QT long 1 (également connu sous le nom de syndrome de Romano-Ward), au syndrome de Jervell et Lange-Nielsen et à la fibrillation auriculaire familiale. Ce gène présente une empreinte tissulaire spécifique, une expression préférentielle de l'allèle maternel dans certains tissus et une expression biallélique dans d'autres. Ce gène est situé dans une région du chromosome 11 parmi d'autres gènes imprimés associés au syndrome de Beckwith-Wiedemann (BWS), et il a été démontré qu'il était lui-même perturbé par des réarrangements chromosomiques chez les patients atteints de BWS.

Nom Du Gène: TFAP2B

Votre Génotype: CC, AA, AT

Ce gène code pour un membre de la famille AP-2 de facteurs de transcription. Les protéines AP-2 forment des homo- ou hétéro-dimères avec d'autres membres de la famille AP-2 et se lient à des séquences d'ADN spécifiques. On pense qu'ils stimulent la prolifération cellulaire et suppriment la différenciation terminale de types de cellules spécifiques au cours du développement embryonnaire. Les membres spécifiques de la famille AP-2 diffèrent par leurs modèles d'expression et leur affinité de liaison pour différents promoteurs. Cette protéine fonctionne à la fois comme activateur et répresseur transcriptionnel. Les mutations de ce gène entraînent le syndrome de Char autosomique dominant, ce qui suggère que ce gène fonctionne dans la différenciation des dérivés des cellules de la crête neurale.

Nom Du Gène: BDNF

Votre Génotype: GG, TT, GG, AA, TT, CC, GG, AA

Ce gène code pour un membre de la famille des protéines des facteurs de croissance nerveuse. L'épissage alternatif donne lieu à plusieurs variantes de transcription, dont au moins une code pour une préprotéine qui est traitée protéolytiquement pour générer la protéine mature. La liaison de cette protéine à son récepteur apparenté favorise la survie neuronale dans le cerveau adulte. L'expression de ce gène est réduite chez les patients atteints de la maladie d'Alzheimer, de Parkinson et de Huntington. Ce gène pourrait jouer un rôle dans la régulation de la réponse au stress et dans la biologie des troubles de l'humeur. La polyvalence du BDNF est soulignée par sa contribution à une gamme de réponses neuronales adaptatives, notamment la potentialisation à long terme (LTP), la dépression à long terme (LTD), certaines formes de plasticité synaptique à court terme, ainsi que la régulation homéostatique des neurones intrinsèques. excitabilité.

Nom Du Gène: NRXN3

Votre Génotype: TC, CT, TG

Ce gène code pour un membre d'une famille de protéines qui fonctionnent dans le système nerveux en tant que récepteurs et molécules d'adhésion cellulaire. Un épissage alternatif étendu et l'utilisation de promoteurs alternatifs aboutissent à de multiples variantes de transcription et isoformes protéiques pour ce gène, mais la nature complète de bon nombre de ces variantes n'a pas été déterminée. Les transcrits qui démarrent à partir d'un promoteur en amont codent pour des isoformes alpha, qui contiennent des séquences de type facteur de croissance épidermique (de type EGF) et des domaines de laminine G. Les transcrits initiés à partir du promoteur en aval codent pour les isoformes bêta, qui manquent de séquences de type EGF. La variation génétique à ce locus a été associée à une gamme de phénotypes comportementaux, notamment la dépendance à l'alcool et les troubles du spectre autistique.

Nom Du Gène: CDKAL1

Votre Génotype: AC, TC, AC

La protéine codée par ce gène fait partie de la famille des méthylthiotransférases. La fonction de ce gène n'est pas connue. Des études d'association à l'échelle du génome ont établi un lien entre les polymorphismes d'un seul nucléotide dans un intron de ce gène et la susceptibilité au diabète de type 2.

Nom Du Gène: PPARG

Votre Génotype: CG, TC

Ce gène code pour un membre de la sous-famille des récepteurs nucléaires activés par les proliférateurs de peroxysomes (PPAR). Les PPAR forment des hétérodimères avec les récepteurs rétinoïdes X (RXR) et ces hétérodimères régulent la transcription de divers gènes. Trois sous-types de PPAR sont connus : PPAR-alpha, PPAR-delta et PPAR-gamma. La protéine codée par ce gène est PPAR-gamma et est un régulateur de la différenciation des adipocytes. De plus, PPAR-gamma a été impliqué dans la pathologie de nombreuses maladies, notamment l'obésité, le diabète, l'athérosclérose et le cancer.

Nom Du Gène: TCF7L2

Votre Génotype: CT

Ce gène code pour un facteur de transcription contenant une boîte de groupe à haute mobilité (HMG) qui joue un rôle clé dans la voie de signalisation Wnt. La protéine a été impliquée dans l'homéostasie de la glycémie. Les variantes génétiques de ce gène sont associées à un risque accru de diabète de type 2. Plusieurs variantes de transcription codant pour plusieurs isoformes différentes ont été trouvées pour ce gène.

Nom Du Gène: FTO

Votre Génotype: AG, AG, AT, CT, CA, GT, GA, AT, GA, TC, TT, TC, GG, CC

Ce gène est une protéine nucléaire de la superfamille des oxygénases non hémiques liées à AlkB et dépendante du 2-oxoglutarate, mais la fonction physiologique exacte de ce gène n'est pas connue. D'autres enzymes de fer non hémiques fonctionnent pour inverser les dommages à l'ADN et à l'ARN alkylés par déméthylation oxydative. Des études chez la souris et chez l'homme indiquent un rôle dans les systèmes nerveux et cardiovasculaire et une forte association avec l'indice de masse corporelle, le risque d'obésité et le diabète de type 2.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Adoptez une alimentation saine et équilibrée ; consommez beaucoup de fruits, de légumes, de grains entiers, de protéines maigres et de graisses saines.
2. Dormez suffisamment.
3. Suivez la perte de poids et l'amélioration de la santé pour rester motivé.
4. Augmenter l'activité physique

À ne pas faire

1. Ne comptez pas sur des régimes intensifs ou des programmes d'exercices extrêmes
2. Ne consommez pas d'aliments riches en calories et pauvres en nutriments. Évitez les aliments transformés et fast-foods riches en calories, en graisses malsaines et en sucres ajoutés.
3. Ne négligez pas la santé mentale. Abordez le stress, l'anxiété et d'autres problèmes de santé mentale qui peuvent contribuer à une suralimentation ou à des habitudes malsaines.
4. Évitez de fumer et limitez votre consommation d'alcool.

Masse Corporelle Maigre



Lean body mass

Qu'est-ce que Masse corporelle maigre ?

La masse maigre est la différence entre le poids corporel total d'un individu et le poids total de graisse. C'est le poids de tout ce qui se trouve dans le corps autre que la graisse. Cela inclut les organes, les os, les muscles, le sang, la peau, etc. Parmi ceux-ci, la masse musculaire est le paramètre qui peut varier considérablement au fil du temps. Par conséquent, la masse corporelle maigre est également souvent utilisée comme indicateur pour déterminer les changements dans la masse musculaire. En général, les hommes ont une proportion plus élevée de LBM que les femmes. L'alimentation d'un individu joue un rôle important dans le maintien d'une masse corporelle maigre et saine. L'exercice ou l'activité physique joue également un rôle important dans le maintien d'une masse corporelle maigre et saine. Cependant, la tendance inhérente des individus à développer une masse corporelle maigre dépend de leur génétique.

3.6



Masse corporelle maigre

Interprétation

Votre génétique indique que vous pourriez avoir une masse corporelle maigre plus élevée que la population moyenne.

Tableau des gènes

Nom Du Gène: Near PRDM16

Votre Génotype: CT

La protéine codée par ce gène est un facteur de transcription à doigt de zinc et contient un domaine PR N-terminal. La translocation entraîne la surexpression d'une version tronquée de cette protéine dépourvue du domaine PR, ce qui pourrait jouer un rôle important dans la pathogenèse du syndrome myélodysplasique (SMD) et de la leucémie myéloïde aiguë (LMA). La protéine codée se lie à l'ADN et fonctionne comme un régulateur transcriptionnel. La protéine fonctionne également dans la différenciation du tissu adipeux brun (TAB) qui est spécialisé dans la dissipation de l'énergie chimique sous forme de chaleur en réponse au froid ou à une alimentation excessive, tandis que le tissu adipeux blanc (TAB) est spécialisé dans le stockage de l'énergie excédentaire et dans le contrôle du métabolisme systémique.

Nom Du Gène: TRHR

Votre Génotype: CT, GG

Ce gène code pour un récepteur couplé à la protéine G pour la thyrolibérine (TRH). Lors de sa liaison au TRH, ce récepteur active la voie de transduction de l'inositol phospholipide-calcium-protéine kinase C. Des mutations de ce gène ont été associées à une résistance généralisée à la thyrolibérine.

Nom Du Gène: MTHFR

Votre Génotype: AG, CC, AG

Le gène MTHFR fournit des instructions pour fabriquer une enzyme appelée méthylènetétrahydrofolate réductase. Cette enzyme joue un rôle dans le traitement des acides aminés, les éléments constitutifs des protéines. La méthylènetétrahydrofolate réductase est importante pour une réaction chimique impliquant la vitamine folate (également appelée vitamine B9). Plus précisément, cette enzyme convertit une forme de folate appelée 5,10-méthylènetétrahydrofolate en une forme différente de folate appelée 5-méthyltétrahydrofolate. Il s'agit de la principale forme de folate présente dans le sang et elle est nécessaire au processus en plusieurs étapes qui convertit l'acide aminé homocystéine en un autre acide aminé, la méthionine. Une conséquence directe du déficit en MTHFR est l'hyperhomocystéinémie due au manque de 5-méthyltétrahydrofolate, le donneur de méthyle nécessaire à la transformation de l'homocystéine en méthionine. Des études épidémiologiques ont montré que l'homocystéine plasmatique était corrélée au LBM.

À faire et à ne pas faire

À faire

1. Consommez suffisamment de protéines à chaque repas.
2. Mangez des aliments entiers plutôt que des aliments transformés.
3. Suivez une routine de musculation conçue par un professionnel qualifié.

À ne pas faire

1. Évitez la consommation excessive de calories.
2. Évitez les aliments frits.
3. Évitez les glucides raffinés dans votre alimentation.