



NUTRINEXT

NUTRIZIONE SU MISURA

Il benessere passa dalla tavola



Test Genetico per la sensibilità al nichel.

GENE	VARIANTI	RSnumber	Nucleotide	Variazione	Interpretazione
FLG	2282del4	rs558269137	No del	Del	Del4bp/ Del4bp = probabile intolleranza al nichel
TNFa	-308G/A	rs1800629	G	A	Presenza dell'allele A= probabile intolleranza al nichel

FLG codifica per la filaggrina, il principale componente dei granuli di cheratoialina dell'epidermide umana ed è essenziale per la formazione e l'idratazione dello strato corneo. La perdita parziale o totale dell'espressione genica della filaggrina causa grosse perturbazioni della barriera cutanea, tra cui un aumento della secchezza cutanea (xerosi cutanea) e una formazione ridotta dello strato corneo (ittiosi), oltre che un'importante suscettibilità all'entrata di allergeni nella cute. La delezione 2282del4 comporta un aumento della sensibilità della pelle agli allergeni e in particolare al nichel.

Delezione del gene= probabile intolleranza al nichel.

TNFa codifica per il fattore di necrosi tumorale α (solitamente abbreviato come $TNF\alpha$, dall'inglese Tumor necrosis factor), una citochina prodotta principalmente nei macrofagi, coinvolta nell'infiammazione sistemica e membro di un gruppo di citochine che stimolano la reazione della fase acuta. Tra le principali funzioni biologiche di $TNF\alpha$ c'è la stimolare della produzione di IL-1, di IL-6 e delle chemochine. Se è presente l'allele A su $TNF\alpha$ il fattore di necrosi tumorale α viene iperprodotto e i processi infiammatori sono favoriti a livellosistemico.

Presenza dell'allele A= probabile intolleranza al nichel.



DESCRIZIONE TECNICA DELL'ANALISI

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