

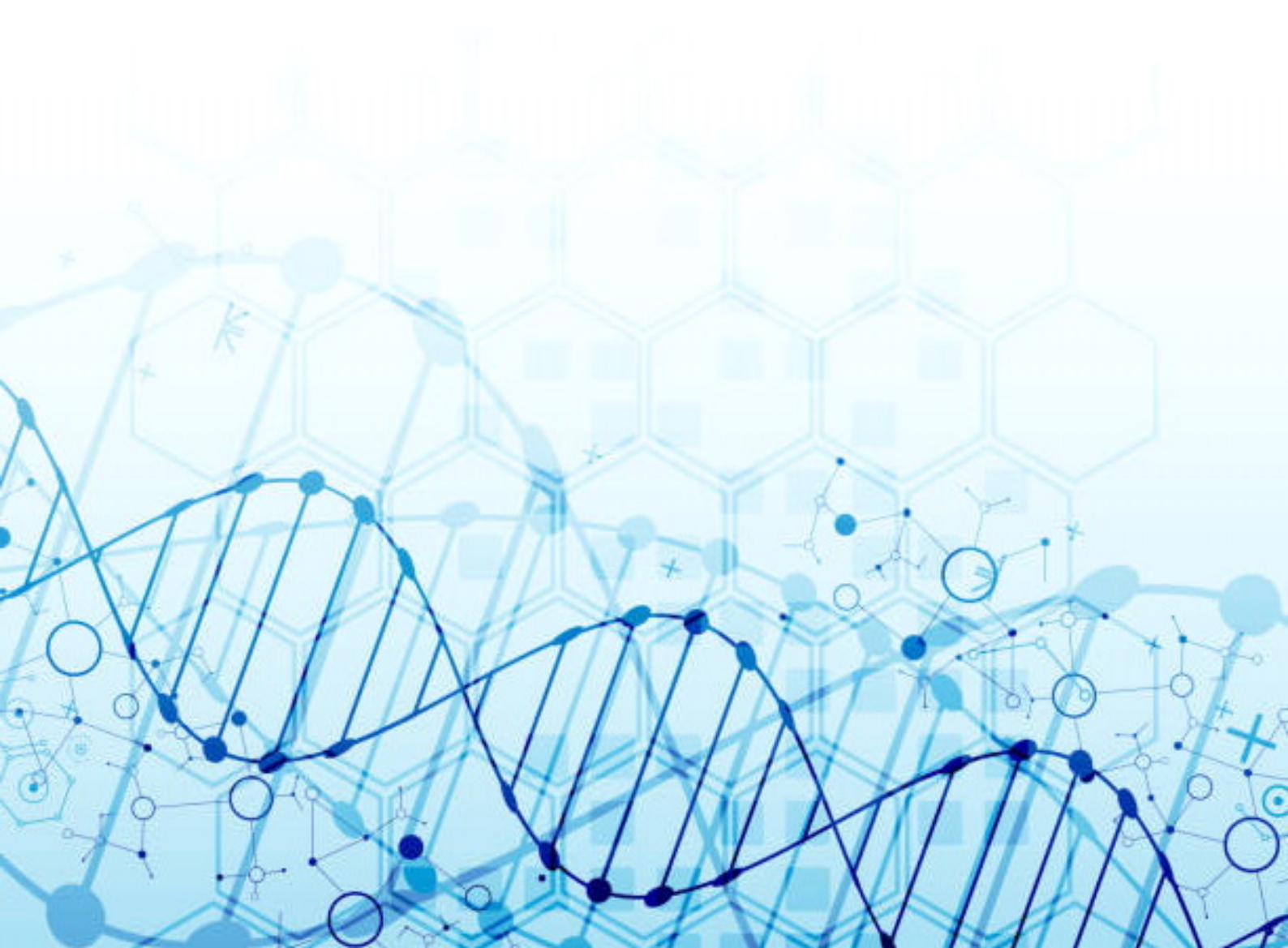


# **RAPPORT GÉNÉTIQUE PERSONNALISÉ**

## **SUR LA BASE DE L'ANALYSE DES DONNÉES ADN TÉLÉCHARGÉES**

---

05 décembre 2023



## Annotation

Les données du rapport sont contenues dans des tableaux. Chaque tableau correspond à des thèmes de recherche - vitamines, microéléments, maladies, susceptibilité aux addictions, efficacité des régimes.

Chaque tableau contient le SNP (polymorphisme mononucléotidique) de votre fichier de données brutes.

Les polymorphismes homozygotes sont marqués en rouge, les polymorphismes hétérozygotes en jaune et les allèles normaux en blanc. Les polymorphismes homozygotes affectent les deux copies du gène et augmentent le risque de survenue de la maladie ; les polymorphismes hétérozygotes n'affectent qu'une seule copie du gène et ont moins d'effet sur le risque d'apparition de la maladie.

Toutes les données du rapport sont basées sur les dernières recherches modernes. Plus il y a d'homozygotes et d'hétérozygotes (lignes rouges et jaunes), plus le risque d'apparition de la maladie et d'autres problèmes pris en compte dans les études est élevé. À la fin de chaque tableau, vous pouvez lire une brève explication du risque associé au polymorphisme. Il existe également des liens directs vers des études que vous pouvez lire plus en détail pour mieux étudier le sujet.

S'il existe un risque élevé pour une section, il est recommandé de vérifier avec des tests et examens supplémentaires. Vous pouvez également montrer le rapport à votre médecin ou nutritionniste pour des tests et un traitement plus approfondis si nécessaire.



# Table des matières

## Vitamines

Vitamine D

Vitamine C

Vitamine A

Vitamine B1 (thiamine)

Vitamine B2 (riboflavine)

Vitamine B4 (choline)

Vitamine B5 (acide pantothénique)

Vitamine B6 (pyridoxine)

Vitamine B7 (biotine)

Vitamine B9 (acide folique)

Vitamine B12

Vitamine K

Vitamine E (tocophérol)

## Micronutriments

Magnésium

Calcium

Zinc

Cuivre

Molybdène

Fer et ferritine

Manganèse

Potassium

Sélénium

Iode



**Méthylation et homocystéine**

**Gluten et maladie cœliaque**

**Lactose**

**Oméga-3, acides gras insaturés**

**Huile de CBD (cannabidiol)**

**Stress oxydatif**

**Carnitine**

**Neurotransmetteurs et hormones**

**Sérotonine**

**Dopamine**

**Oxytocine et empathie**

**Adrénaline**

**Cortisol**

**Fonction mitochondriale**

**Mémoire**

**Maladies**

**Tuberculose**

**Diabète**

**Diabète de type 1**

**Diabète de type 2**

**Insuline**

**Glaucome**

**Insuffisance rénale**

**Varices**

**Maladies des organes digestifs**

**Hépatite**



**Maladie de Crohn**

**Pancréatite**

**Thrombose**

**Troubles mentaux**

**Schizophrénie**

**Autisme**

**TDAH (trouble déficitaire de l'attention avec hyperactivité)**

**Démence**

**Troubles obsessionnels compulsifs (TOC)**

**Tendances suicidaires**

**Dépendance à l'alcool**

**Dépendance au tabac**

**Dépendance aux drogues**

**Dépression**

**Maladies du système nerveux**

**Sclérose en plaques**

**Maladie de Parkinson**

**La maladie d'Alzheimer**

**Migraine**

**Polyneuropathie**

**Myasthénie grave**

**Accident vasculaire cérébral**

**Epilepsie**

**Troubles de la coagulation sanguine**

**Maladies cardiaques et vasculaires**

**Infarctus du myocarde**



**Hypertension**

**Maladie cardiaque ischémique**

**Athérosclérose**

**Maladies rhumatismales**

**Lupus érythémateux disséminé**

**Polyarthrite rhumatoïde**

**Maladies féminines**

**Endométriose**

**Infertilité et fausse couche**

**Tumeurs malignes**

**Tumeurs malignes des organes respiratoires**

**Mélanome**

**Sarcome**

**Tumeurs malignes de la glande thyroïde**

**Tumeurs malignes du système hématopoïétique**

**Tumeurs malignes de la glande mammaire**

**Néoplasmes malins des organes digestifs**

**Cancer colorectal**

**Cancer de l'estomac**

**Autres cancers du système digestif**

**Asthme bronchique**

**VIH**

**Obésité**

**Psoriasis**

**Susceptibilité aux régimes amaigrissants**

**Régime céto et lchf**



**Régime hypocalorique**

**Régime méditerranéen**

**Régime pauvre en graisses**

**Régime végétarien**

**Régime hyperprotéiné**

**Régime sans gluten**



# Vitamines

## Vitamine D

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs1544410	CC	CC
rs731236	AA	AA
rs2282679	TT	TT
rs12785878	TT	GG
rs10741657	AA	GG
rs705117	TT	TT
rs1155563	TT	TT
rs222016	AA	AA
rs1491710	AA	AA
rs4588	GG	CC
rs7041	CC	AA
rs3829251	GG	GG
rs2060793	AA	GG
rs2280273	TA	TT
rs11572223	GG	GG
rs11572311	AG	AA
rs61495246	AA	AA
rs7129781	TT	TT
rs75774690	CG	CC



Niveau de risque: moyenne

**rs12785878:** Plusieurs études ont établi un lien avec les concentrations de vitamine D dans le sérum. L'allèle de risque T est associé à des réductions plus importantes des niveaux d'insuline et de HOMA-IR en réponse à un régime riche en protéines.

[ [PMID 23924835](#) ] [ [PMID 22801813](#) ]

**rs10741657:** Associé à une augmentation des niveaux de 25(OH)D dans une étude sur les niveaux de vitamine D et le risque de sclérose en plaques, ainsi qu'à une prédisposition au diabète de type 1 et aux niveaux de vitamine D. Augmente le risque de diabète sucré gestationnel.



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>



[ PMID 20541252 ] [ PMID 17607662 ] [ PMID 22801813 ]

**rs4588:** Associé à des taux de vitamine D plus faibles et donc à un risque de carence en vitamine D. Augmente la carence en vitamine D chez les femmes enceintes et la probabilité de diabète gestationnel.  
[ PMID 23505139 ] [ PMID 32537819 ] [ PMID 23191998 ]

**rs7041:** Génotype de la protéine de liaison de la vitamine D et ostéoporose. Associé à une diminution des concentrations de 25-hydroxyvitamine D. Une étude portant sur des fumeurs a montré que les taux de vitamine D étaient réduits de 25 % avec cette dégradation et que le risque de bronchopneumopathie chronique obstructive était deux fois plus élevé. Également associée au syndrome métabolique et à des taux plus faibles de 25-hydroxyvitamine D dans le syndrome des ovaires polykystiques.  
[ PMID 19488670 ] [ PMID 20363324 ] [ PMID 21228423 ] [ PMID 28278285 ]

**rs2060793:** Ce SNP fait partie du CYP2R1, qui code pour une hydroxylase C-25 essentielle qui convertit la vitamine D3 en ligand actif du récepteur de la vitamine D.  
[ PMID 20418485 ] [ PMID 21972121 ]



# Vitamine C

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs2681116	AA	TT
rs6596473	CG	CC
rs4257763	CG	GG
rs33972313	CG	CC
rs11950646	AG	GG
rs6053005	AC	CC
rs6133175	AG	GG
rs1279683	AG	AA
rs6139591	CG	GG
rs10063949	CG	CC



Niveau de risque: élevé

**rs2681116:** Polymorphisme d'un gène de transporteur de vitamine C provenant de l'alimentation et diminution des niveaux d'acide ascorbique dans le sang.

[ [PMID 20588054](#) ] [ [PMID 19243932](#) ]

**rs6596473:** L'un des deux transporteurs sodium-dépendants nécessaires à la réabsorption hépatique et rénale de la vitamine C (acide ascorbique) et donc essentiels au maintien de l'homéostasie de la vitamine C dans le sang.

[ [PMID 6448982](#) ] [ [PMID 24708273](#) ] [ [PMID 20592130](#) ]

**rs4257763:** La rupture entraîne un problème au niveau du transporteur de la vitamine C, de l'absorption de la vitamine C provenant des aliments et une réduction des niveaux d'acide ascorbique dans le sang.

[ [PMID 20588054](#) ]

**rs33972313:** Entraîne une diminution de l'activité de transport de la vitamine C. Entraîne une diminution des taux de vitamine C, indépendamment du régime alimentaire.

[ [PMID 20519558](#) ]

**rs1279683:** Associé à une diminution des taux sanguins de vitamine C et à un risque de glaucome.

[ [PMID 22171153](#) ]



## Vitamine A

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs12934922	AA	AA
rs7501331	CC	CC
rs6564851	TT	TT



Niveau de risque: faible



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

## Vitamine B1 (thiamine)

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs4973216	CC	CC
rs11682956	TG	GG
rs7585481	TT	CC
rs10933203	CG	CC
rs12493802	TC	CC
rs4687718	GG	GG
rs11717712	CG	CC
rs4687717	CC	CC
rs17336718	CC	CC
rs10126322	CC	CC
rs2239466	AA	AA
rs766420	CC	CC
rs10274162	TA	TT
rs7804157	GG	TT
rs2057868	GG	GG
rs4726711	AG	GG
rs371271054	TT	TT
rs13245975	TT	TT
rs4725658	TA	TT
rs228587	TC	CC



Niveau de risque: moyenne

**rs7585481:** La rupture entraîne une altération de la capacité de la protéine à transporter la thiamine dans les cellules, ce qui se traduit par une diminution de l'absorption de la vitamine B1 à partir des aliments. Une encéphalopathie réactive à la thiamine, caractérisée par des crises répondant à des doses élevées de thiamine, peut se développer.

[ [PMID 28696212](#) ] [ [PMID 28402605](#) ] [ [PMID 26863430](#) ]

**rs7804157:** Associée à l'apparition d'une encéphalopathie infantile due à un déficit en thiaminepyrophosphokinase. Il s'agit d'une maladie neurologique rare et traitable, causée par des mutations du gène TPK1.



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

[ PMID 22152682 ]

**rs11682956:** La rupture entraîne une altération de la capacité de la protéine à transporter le folate et la thiamine dans les cellules, ce qui se traduit par une réduction de l'absorption de la vitamine B1 à partir des aliments. Une encéphalopathie réactive à la thiamine, caractérisée par des crises répondant à des doses élevées de thiamine, peut se développer.

[ PMID 28696212 ] [ PMID 28402605 ] [ PMID 26863430 ]

**rs12493802:** Une dégradation responsable de la production de l'enzyme transkétolase, qui est impliquée dans la régulation de multiples événements liés au cancer, tels que la prolifération des cellules cancéreuses, les métastases, l'invasion et la résistance à la chimioradiothérapie. Les indications sont des doses élevées de thiamine (vitamine B1), qui peuvent normaliser l'enzyme.

[ PMID 30646877 ]



## Vitamine B2 (riboflavine)

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs346822	CG	CC
rs2929859	TT	TT
rs16852179	TA	TT
rs4494951	GG	GG
rs6054605	CG	GG
rs910857	GG	GG
rs3746807	GG	GG
rs3746802	TT	TT
rs3746804	GG	GG
rs34499319	CG	GG



Niveau de risque: faible



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

## Vitamine B4 (choline)

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs4244593	TT	GG
rs174548	GC	CC
rs11578532	TC	TT
rs671919	TT	GG
rs4949874	TT	TT
rs6658825	AC	CC
rs10874305	CC	CC
rs1036950	TA	TT
rs12738260	TT	TT
rs649352	TC	TT
rs211699	GG	GG
rs10493565	AA	AA
rs7946	TT	CC
rs4646409	AA	AA
rs750546	CC	CC
rs3760188	CG	CC
rs4646404	GG	GG
rs1051266	CC	TT
rs2236225	AG	GG
rs1880676	AG	GG
rs7520974	AA	GG
rs2289205	TC	CC
rs12325817	CG	CC
rs4646343	CG	GG





Niveau de risque: moyenne

**rs7946:** Polymorphismes génétiques dans le métabolisme du groupe méthyle méthylation de l'ADN dans le sang périphérique. Affectent les besoins humains en choline (vitamine B4).

[ [PMID 18789905](#) ] [ [PMID 22371529](#) ] [ [PMID 16816108](#) ]

**rs1051266:** La protéine codée par ce gène transporte l'acide folique dans la cellule et joue donc un rôle dans la régulation intracellulaire de la concentration de folate. Dans ce génotype, l'absorption du folate est moins bonne. Le besoin en acide folique est plus élevé. La consommation d'alcool est plus critique pour le risque de carence en vitamine B9.

[ [PMID 19172696](#) ] [ [PMID 19650776](#) ]

**rs174548:** Les polymorphismes de ce gène sont associés à une diminution des niveaux d'acides gras oméga-3, à une augmentation des niveaux relatifs d'acides gras oméga-6 et à une augmentation des concentrations d'acides gras trans-insaturés. Chez les végétariens, certains polymorphismes de ce gène peuvent entraîner une situation indésirable associée à une augmentation de l'inflammation.

**rs2236225:** Augmentation possible du risque de malformations congénitales chez le fœtus. Un risque 1,5 fois plus élevé pour les mères caucasiennes de donner naissance à des enfants atteints de DNT (anomalie du tube neural). L'association entre les enfants porteurs de cette mutation et un risque accru de malformations cardiaques est plus importante si leur mère n'a pas reçu suffisamment d'acide folique pendant la grossesse. Le risque est réduit avec des niveaux adéquats d'acide folique et de vitamine B6.

[ [PMID 18767138](#) ] [ [PMID 20544798](#) ] [ [PMID 20890936](#) ]

**rs1880676:** La variabilité génétique du gène de la choline-O-acétyltransférase influence le risque accru de dépression et de maladie d'Alzheimer.

[ [PMID 16223550](#) ] [ [PMID 20147892](#) ] [ [PMID 21507424](#) ]

**rs2289205:** Le polymorphisme du gène de la voie de la choline augmente le risque de mort fœtale intra-utérine.

[ [PMID 28509322](#) ]





## Vitamine B5 (acide pantothénique)

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs4815628	TC	CC
rs41279408	CG	CC
rs12480318	CC	CC
rs71647828	TA	TT
rs11906612	CG	CC
rs4815621	CA	AA
rs6084513	AC	CC
rs6084506	CC	CC
rs6107373	CG	GG
rs6116087	TA	AA



Niveau de risque: moyenne



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

## Vitamine B6 (pyridoxine)

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs17679445	GG	GG
rs11079804	CC	CC
rs2276528	GG	GG
rs8128639	AC	CC
rs1106797	GG	AA
rs13050307	TA	AA
rs4654748	CC	CC
rs1256335	AG	AA
rs2275370	AA	AA
rs3767150	GG	GG
rs3767155	AC	CC
rs1256348	CG	CC
rs2242420	CC	CC
rs885813	TC	CC
rs1772719	AC	AA
rs121964972	CG	GG
rs5742905	AT	TT
rs2236225	AG	GG



Niveau de risque: moyenne

**rs1106797:** Le gène code pour la pyridoxal kinase, qui convertit la vitamine B6 inactive en cofacteur actif p-5-p. La rupture peut provoquer une polyneuropathie, et des doses élevées de p-5-p sont recommandées.

[ [PMID 33912895](#) ] [ [PMID 31187503](#) ] [ [PMID 32522499](#) ]

**rs1256335:** La rupture entraîne une carence de la forme active de la vitamine B6, le pyridoxal-5'-phosphate (p-5-p). Un apport complémentaire en p-5-p est recommandé.

[ [PMID 25972531](#) ]

**rs3767155:** Risque de diminution d'un facteur 1,4 de la forme active de la vitamine B6 dans le sang et le liquide céphalo-rachidien.

[ [PMID 30583557](#) ]



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

**rs121964972:** La rupture augmente la probabilité d'homocystinurie, une insensibilité à la vitamine B6.  
[ PMID 9156316 ] [ PMID 12686134 ]

**rs5742905:** Responsable de la susceptibilité à la vitamine B6 dans l'homocystinurie.

**rs2236225:** Augmentation possible du risque de malformations congénitales chez le fœtus. Un risque 1,5 fois plus élevé pour les mères caucasiennes de donner naissance à des enfants atteints de DNT (anomalie du tube neural). L'association entre les enfants porteurs de cette mutation et un risque accru de malformations cardiaques est plus importante si leur mère n'a pas reçu suffisamment d'acide folique pendant la grossesse. Le risque est réduit avec des niveaux adéquats d'acide folique et de vitamine B6.  
[ PMID 18767138 ] [ PMID 20544798 ] [ PMID 20890936 ]



## Vitamine B7 (biotine)

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs13073139	GG	GG
rs34885143	GG	GG
rs13078881	GG	GG
rs7640807	TC	TT
rs35034250	CG	CC
rs28934601	AA	AA
rs104893688	CC	CC



Niveau de risque: faible



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

## Vitamine B9 (acide folique)

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs1801133	AG	GG
rs1801131	TG	TT
rs2236225	AG	GG
rs1805087	AA	AA
rs1801394	GG	AA
rs1051266	CC	TT
rs7925545	AA	AA
rs144637717	TT	TT
rs4973216	CC	CC
rs17349743	TT	TT
rs2295639	TT	TT
rs11754661	GG	GG
rs326124	GG	GG
rs744731	TT	TT
rs10923895	AT	TT
rs6495446	CC	CC
rs942835	TT	TT
rs1076991	CG	CC
rs1031326	TC	CC
rs1532268	TT	CC
rs10064631	CG	CC
rs2287780	CC	CC
rs8011839	CC	CC
rs2281617	CC	CC
rs1979277	CG	GG
rs3828090	GG	GG
rs8004018	AG	AA
rs543703	AA	AA
rs651933	AG	GG



rs6495449	GG	GG
rs10604	AG	AA
rs162036	AA	AA
rs10498514	AA	AA
rs12512471	TT	TT



Niveau de risque: moyenne

**rs1801394:** Le polymorphisme peut conduire à des niveaux élevés d'homocystéine indépendamment des niveaux d'acide folique, de vitamine B12 ou B6. Il s'agit d'un facteur de risque d'anomalies du tube neural et de syndrome de Down lorsque les taux d'homocystéine sont élevés.

[ [PMID 10444342](#) ] [ [PMID 10930360](#) ]

**rs1051266:** La protéine codée par ce gène transporte l'acide folique dans la cellule et joue donc un rôle dans la régulation intracellulaire de la concentration de folate. Dans ce génotype, l'absorption du folate est moins bonne. Le besoin en acide folique est plus élevé. La consommation d'alcool est plus critique pour le risque de carence en vitamine B9.

[ [PMID 19172696](#) ] [ [PMID 19650776](#) ]

**rs1801133:** Un fragment de gène connu sous le nom de MTHFR C677T, qui code pour une enzyme impliquée dans le métabolisme de l'acide folique. Une rupture de ce fragment de gène entraîne des taux élevés d'homocystéine et des taux faibles de B12 et d'acide folique. Si vos tests révèlent des taux élevés d'homocystéine, votre médecin vous conseillera probablement un régime alimentaire et une supplémentation appropriés. Il est recommandé de prendre des variétés de la forme active du méthylfolate B9 (5-MTHF ou L-méthyltétrahydrofolate) et de la forme active de la vitamine B12, la méthylcobalamine, afin de réduire les risques.

[ [PMID 8616944](#) ] [ [PMID 1522835](#) ] [ [PMID 7647779](#) ] [ [PMID 8554053](#) ] [ [PMID 8554066](#) ]

**rs1801131:** Réduit la formation de la forme active de l'acide folique, qui est nécessaire à la reméthylation de l'homocystéine et d'autres molécules de l'ADN. L'administration de la forme active de l'acide folique (5-MTHF ou L-méthyltétrahydrofolate) peut améliorer de manière significative les scores de risque pour les effets des mutations. C'est aussi un facteur qui augmente modérément les besoins en vitamine B2.

[ [PMID 11742092](#) ] [ [PMID 11752418](#) ] [ [PMID 11590551](#) ] [ [PMID 15951337](#) ] [ [PMID 16244782](#) ]

**rs2236225:** Augmentation possible du risque de malformations congénitales chez le fœtus. Un risque 1,5 fois plus élevé pour les mères caucasiennes de donner naissance à des enfants atteints de DNT (anomalie du tube neural). L'association entre les enfants porteurs de cette mutation et un risque accru de malformations cardiaques est plus importante si leur mère n'a pas reçu suffisamment d'acide folique pendant la grossesse. Le risque est réduit avec des niveaux adéquats d'acide folique et de vitamine B6.

[ [PMID 18767138](#) ] [ [PMID 20544798](#) ] [ [PMID 20890936](#) ]

**rs10064631:** Déficience en méthionine synthase, altérant le métabolisme de l'acide folique B9 et de la cobalamine B12.

[ [PMID 10484769](#) ]

**rs1979277:** Polymorphisme des enzymes qui métabolisent l'acide folique. Il est nécessaire d'obtenir suffisamment de vitamine B6 pour une activité génétique optimale.

[ [PMID 22103680](#) ]

**rs651933:** Peut signifier que l'acide folique ne peut pas être transporté dans les cellules et peut indiquer un besoin de plus d'acide folique.

[ [PMID 20683905](#) ]



## Vitamine B12

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs602662	AG	AA
rs1805087	AA	AA
rs1801133	AG	GG
rs601338	AG	GG
rs16982241	GG	GG
rs10925263	TA	TT
rs2283873	GG	GG
rs1801394	GG	AA
rs326124	GG	GG
rs1801239	TT	TT
rs703062	TT	CC
rs5749135	TT	CC
rs557564	CC	CC
rs117699377	CG	CC
rs1532268	TT	CC
rs2287780	CC	CC
rs10064631	CG	CC
rs526934	AA	AA
rs10925257	AA	AA
rs34324219	CC	CC
rs492602	AG	AA
rs9606756	AA	AA
rs7703033	GG	GG
rs162036	AA	AA
rs11254363	AA	AA
rs3760776	GG	GG
rs708686	CC	CC





Niveau de risque: moyenne

**rs1801394:** Le polymorphisme peut conduire à des niveaux élevés d'homocystéine indépendamment des niveaux d'acide folique, de vitamine B12 ou B6. Il s'agit d'un facteur de risque d'anomalies du tube neural et de syndrome de Down lorsque les taux d'homocystéine sont élevés.

[ [PMID 10444342](#) ] [ [PMID 10930360](#) ]

**rs602662:** Le polymorphisme est associé à des taux sanguins réduits de vitamine B12, cet effet peut être dû à une absorption réduite de la vitamine B12, ces personnes ont besoin d'une supplémentation en vitamine B12 sous forme d'injections.

[ [PMID 18776911](#) ]

**rs1801133:** Un fragment de gène connu sous le nom de MTHFR C677T, qui code pour une enzyme impliquée dans le métabolisme de l'acide folique. Une rupture de ce fragment de gène entraîne des taux élevés d'homocystéine et des taux faibles de B12 et d'acide folique. Si vos tests révèlent des taux élevés d'homocystéine, votre médecin vous conseillera probablement un régime alimentaire et une supplémentation appropriés. Il est recommandé de prendre des variétés de la forme active du méthylfolate B9 (5-MTHF ou L-méthyltétrahydrofolate) et de la forme active de la vitamine B12, la méthylcobalamine, afin de réduire les risques.

[ [PMID 8616944](#) ] [ [PMID 1522835](#) ] [ [PMID 7647779](#) ] [ [PMID 8554053](#) ] [ [PMID 8554066](#) ]

**rs601338:** Le fragment du gène FUT2 affecte la concentration sérique de vitamine B12 par l'intermédiaire de l'hologaptocorrine. Il réduit probablement l'absorption de la vitamine B12 à partir des aliments et des comprimés. L'administration de B12 sous forme d'injections est recommandée.

[ [PMID 29040465](#) ] [ [PMID 18776911](#) ]

**rs10925263:** Troubles du métabolisme intracellulaire de la cobalamine.

[ [PMID 34099811](#) ]

**rs10064631:** Déficience en méthionine synthase, altérant le métabolisme de l'acide folique B9 et de la cobalamine B12.

[ [PMID 10484769](#) ]

**rs492602:** Les taux de B12 sont 1,5 fois plus élevés chez les femmes.

[ [PMID 18776911](#) ]





# Vitamine K

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs17708472	GG	GG
rs9923231	CC	CC
rs7294	TT	CC
rs2359612	GG	GG
rs9934438	GG	GG
rs2884737	AA	AA



Niveau de risque: faible

**rs7294:** Polymorphisme responsable du niveau de sensibilité à la warfarine (antagoniste de la vitamine K).  
[ [PMID 15883587](#) ] [ [PMID 16611750](#) ] [ [PMID 17048007](#) ] [ [PMID 20128861](#) ]



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

## Vitamine E (tocophérol)

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs12272004	CC	CC
rs11057830	CG	GG
rs6564851	TT	TT
rs1695	AG	AA
rs964184	CC	CC



Niveau de risque: faible

**rs11057830:** Intervient dans le métabolisme des lipides et de la vitamine E. Le génotype est un facteur de risque modéré de réduction des niveaux de vitamine E.

[ [PMID 21729881](#) ] [ [PMID 24623848](#) ] [ [PMID 26981194](#) ] [ [PMID 31505768](#) ]

**rs1695:** En cas de consommation de vitamine E, les porteurs de ce génotype présentent une augmentation de la production d'IL6, c'est-à-dire qu'un effet pro-inflammatoire est observé.

[ [PMID 22572643](#) ]



# Micronutriments

## Magnésium

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs4561213	TT	TT
rs7045949	TC	TT
rs3750425	CC	CC
rs6560408	N/A	CC
rs7859201	AC	AA
rs4072037	TA	TT
rs2592394	AA	GG
rs13146355	GG	GG
rs448378	GG	AA
rs7965584	AA	AA
rs11144134	CG	CC
rs6584273	CG	CC
rs752010	CG	CC
rs7174119	AG	AA
rs35804026	AA	TT
rs1333343	TT	TT
rs2254229	TT	TT
rs11144085	GG	GG
rs2274925	AA	AA
rs3925584	CC	TT



Niveau de risque: moyenne

**rs2592394:** Polymorphisme affectant les taux sériques de magnésium, de potassium et de sodium.  
[ [PMID 20700443](#) ]

**rs448378:** Polymorphisme affectant les taux sériques de magnésium, de potassium et de sodium. Il augmente également le risque d'hypertension.  
[ [PMID 19430479](#) ] [ [PMID 20700443](#) ] [ [PMID 21129164](#) ]



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

**rs7045949:** Une variante génétique de la mélastatine joue un rôle central dans l'homéostasie du magnésium, qui est essentielle au maintien du métabolisme du glucose et de l'insuline.  
[ [PMID 19149903](#) ]

**rs4072037:** Polymorphisme affectant les taux sériques de magnésium, de potassium et de sodium. Également associé au risque de cancer gastrique.  
[ [PMID 20700443](#) ] [ [PMID 21427165](#) ] [ [PMID 24782603](#) ] [ [PMID 24810688](#) ] [ [PMID 32269683](#) ] [ [PMID 32595997](#) ]

**rs752010:** Contribue à la diminution du taux de magnésium sérique et à l'augmentation du risque de diabète de type 2.  
[ [PMID 23300827](#) ] [ [PMID 31361318](#) ]



# Calcium

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs1801725	GG	GG
rs17251221	AA	AA
rs7647446	CG	GG
rs3804592	GG	GG
rs6438715	CC	CC
rs1802757	CG	CC
rs9869969	AA	AA
rs6438707	TA	AA
rs2202127	AA	AA
rs1042636	AA	AA
rs4765913	TA	TT
rs7295250	TT	TT
rs2239101	TT	TT
rs758231	CG	GG
rs1006737	AA	GG
rs17223925	CG	GG
rs16929471	GG	GG
rs4765905	CC	GG
rs111915616	CG	GG
rs2239097	TT	CC
rs2887780	TC	TT
rs116992907	CG	CC
rs2159100	TT	CC
rs2302729	CC	CC
rs16929470	CC	CC
rs2239089	AG	GG
rs16929486	AA	AA
rs1009281	GG	AA
rs4394887	GG	GG



rs1006564	GG	GG
rs1108385	AC	CC
rs11831085	AA	AA
rs3794288	AA	AA
rs216013	AA	AA
rs2370251	TT	CC
rs886898	CC	CC
rs7972947	CC	CC
rs142704083	GG	GG
rs58173258	GG	GG
rs60734921	CC	CC
rs10848683	TT	TT
rs2238095	GG	GG
rs12298278	TT	TT
rs4765687	AA	GG
rs7312105	AA	AA
rs4926244	TT	TT
rs16019	TA	TT
rs8109003	TG	GG
rs2304094	CG	GG
rs7250783	AG	GG
rs16016	CC	CC
rs11879128	CC	TT
rs10403191	TC	CC
rs2419549	AG	GG
rs1345649	AG	AA
rs17846914	AA	AA
rs35380374	TA	TT
rs10407144	TT	TT
rs75148188	TA	TT
rs4340440	CG	GG
rs12985786	CG	GG



rs7250857	TC	TT
rs4926293	TC	CC
rs2900964	AA	AA
rs1422257	TA	TT
rs2292035	TT	TT
rs4632265	TG	TT
rs16027	CC	CC
rs4926152	CG	CC
rs10925298	TT	TT
rs2485570	TG	TT
rs722582	AG	GG
rs6683225	AC	CC
rs10925399	TC	CC
rs6683160	AC	AA
rs918241	CC	CC
rs16834780	AA	AA



Niveau de risque: moyenne

**rs1006737:** Un polymorphisme du gène du canal calcique dépendant du potentiel CACNA1C est associé au risque de trouble bipolaire, de schizophrénie et d'autres troubles psychiatriques.

[ [PMID 18711365](#) ] [ [PMID 19358880](#) ] [ [PMID 20098439](#) ]

**rs4765913:** Le polymorphisme du gène CACNA1C est associé au risque de trouble bipolaire, de schizophrénie et d'autres troubles psychiatriques.

[ [PMID 23025490](#) ] [ [PMID 24339136](#) ] [ [PMID 27271857](#) ]



# Zinc

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs13266634	TC	CC
rs4908107	GG	GG
rs1505521	GG	GG
rs4646437	GG	GG
rs2072704	CG	GG
rs55901263	GG	GG
rs111811483	CG	CC
rs11558471	AG	AA
rs2466293	AA	AA
rs11781136	TA	AA
rs2047962	AG	GG
rs12522805	GG	GG
rs527392	TT	TT
rs1568569	GG	GG
rs595641	AG	GG
rs17366568	GG	GG
rs7113940	TT	TT
rs3821799	TT	TT
rs185949718	CG	CC
rs7678298	CC	CC
rs17060812	CG	CC
rs896378	CG	CC
rs10488695	CC	CC
rs13427170	AA	AA
rs7833266	AG	AA
rs182052	GG	GG
rs883396	AG	GG
rs10925257	AA	AA
rs1805087	AA	AA





rs2241767	TA	AA
rs1926740	TG	GG
rs11818989	TA	TT
rs692570	GG	GG
rs2497766	AG	GG
rs12358488	CG	GG
rs2497756	CG	GG
rs6482124	CC	CC
rs2497760	CG	CC
rs7893618	AG	AA
rs573264	AA	GG
rs402311	TT	TT
rs575707	CC	CC
rs848189	CC	CC
rs3781998	CC	CC
rs530532	GG	AA
rs1050631	AG	GG
rs2769264	TG	TT



Niveau de risque: moyenne

**rs13266634:** Le polymorphisme du gène SLC30A8 du transporteur de zinc est associé au diabète de type 2.

[ [PMID 18162509](#) ] [ [PMID 18210030](#) ] [ [PMID 18400535](#) ] [ [PMID 18628523](#) ] [ [PMID 19590848](#) ] [ [PMID 21810599](#) ] [ [PMID 24757200](#) ] [ [PMID 29093761](#) ]

**rs11558471:** Dans ce cas, la consommation de zinc peut entraîner une augmentation de la glycémie à jeun.

[ [PMID 21810599](#) ] [ [PMID 23304467](#) ]

**rs2769264:** Variantes génétiques affectant la teneur en cuivre, en sélénium et en zinc dans le sang.

[ [PMID 23720494](#) ]



# Cuivre

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs76151636	GG	GG
rs7334118	TT	TT
rs60986317	GG	GG
rs1801249	AG	GG
rs10817465	CC	CC
rs1801248	CC	CC
rs1061472	TC	CC
rs2830051	TT	TT
rs7283136	TT	TT
rs13098532	TA	TT
rs2830008	TC	TT
rs383700	GG	GG
rs7276036	AG	GG
rs2830076	TC	CC
rs3991	CG	CC
rs380417	CC	TT
rs128648	TC	CC
rs13095262	AA	AA
rs462281	AA	AA
rs6516727	AG	AA
rs3008821	CA	AA
rs9689513	GG	GG
rs12515434	CC	CC
rs2984659	CC	AA
rs34259545	AT	TT
rs10147954	TT	TT
rs1955611	CG	GG
rs11623598	CC	CC
rs8020095	GG	GG



rs3784077	AA	AA
rs10148212	AA	AA
rs11848862	CC	AA
rs7574498	AA	AA



Niveau de risque: moyenne

**rs1801249:** Polymorphismes associés à la maladie de Wilson. La maladie de Wilson est une maladie héréditaire dans laquelle un excès de cuivre est stocké dans l'organisme.

[ [PMID 7626145](#) ] [ [PMID 9887381](#) ] [ [PMID 27398169](#) ]



# Molybdène

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs9689513	GG	GG
rs3008821	CA	AA
rs2984659	CC	AA
rs12515434	CC	CC
rs72549324	TA	TT
rs28363581	TA	TT
rs1736557	GG	GG
rs61753344	GG	GG
rs2066532	CG	GG
rs1800822	CG	CC
rs2075992	TC	CC
rs909529	TC	CC
rs10797894	AA	AA
rs2266780	AA	AA
rs1057251	TT	TT
rs491339	CC	TT
rs3744900	GG	GG
rs12454634	CC	CC
rs2848584	AA	CC



Niveau de risque: moyenne

**rs72549324:** Mutation du gène de la monooxygénase contenant de la flavine causant le syndrome de l'odeur de poisson.

[ [PMID 10898113](#) ]



## Fer et ferritine

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs1800562	GG	GG
rs9366637	CC	CC
rs855791	AG	GG
rs1799945	CC	CC
rs4880	AG	AA
rs9859260	TT	TT
rs11915082	AA	GG
rs11717368	CC	CC
rs5756506	GG	GG
rs2235321	GG	GG
rs9619658	CC	CC
rs2413450	TC	CC
rs228916	TT	TT
rs2111833	CC	CC
rs5756504	CC	CC
rs2246092	AA	AA
rs4820268	AG	AA
rs4140589	GG	GG
rs62625346	CG	GG
rs7596205	GG	GG
rs1123110	AG	AA
rs1801274	GG	AA
rs1880669	TC	CC
rs8177271	CG	GG
rs3811647	AG	GG
rs2075672	GG	GG
rs1049296	CC	CC
rs1799852	CC	CC
rs17342717	CC	CC



rs1165196	GG	AA
rs1185567	AA	GG
rs2762353	AA	GG
rs8177191	GG	GG
rs7385804	AA	AA
rs10047462	TT	TT
rs1408272	TT	TT
rs4516970	GG	GG
rs1457451	GG	GG
rs236918	GG	GG
rs2052550	TA	TT
rs13194491	CC	CC
rs973968	AA	AA
rs29880	AA	AA
rs2698530	AA	AA
rs2231164	TC	CC
rs13120400	TT	TT
rs1481012	AG	GG
rs4148155	AG	AA
rs4148152	TT	TT
rs3114018	CC	AA
rs2622604	CC	TT
rs72552713	GG	GG
rs2231142	TG	GG
rs3116448	TA	AA
rs2239484	AA	AA
rs2071594	GG	GG
rs13072552	TG	GG
rs772908	AG	GG
rs960748	AA	GG
rs10455	AA	GG
rs149411	AA	AA



rs12711924	AA	GG
rs2071302	TA	TT



Niveau de risque: moyenne

**rs12711924:** Régule l'interaction entre l'apport alimentaire en fer héminique et le risque de développer un diabète de type 2.

[ [PMID 23386860](#) ]

**rs855791:** Variants dans les gènes de la transferrine comme marqueurs de risque potentiels pour l'anémie ferriprive. Affecte les niveaux d'hémoglobine A1(C) par des voies glycémiques et non glycémiques.

[ [PMID 19820698](#) ] [ [PMID 19880490](#) ] [ [PMID 20858683](#) ] [ [PMID 21208937](#) ] [ [PMID 21978626](#) ] [ [PMID 22323359](#) ]

**rs4880:** Le polymorphisme des enzymes antioxydantes, en tant que facteurs de risque de complications, entraîne une augmentation du stress oxydatif. Affecte le niveau de sélénium dans le sérum.

[ [PMID 19074884](#) ] [ [PMID 21052528](#) ]

**rs2413450:** La variante génétique modifie l'hepcidine mais pas le fer plasmatique en réponse à l'administration orale de fer chez des adultes en bonne santé. L'hepcidine est une hormone peptidique, régulateur humoral universel de la concentration en fer plasmatique et de sa distribution dans les tissus.

[ [PMID 27332551](#) ] [ [PMID 33850216](#) ] [ [PMID 34790739](#) ]

**rs4820268:** Une variante commune du gène TFR2 impliquée dans la régulation physiologique des niveaux de fer sérique et associée à un risque accru d'anémie ferriprive.

[ [PMID 19880490](#) ] [ [PMID 21208937](#) ] [ [PMID 21978626](#) ] [ [PMID 22323359](#) ] [ [PMID 24966834](#) ]

**rs1123110:** La rupture affecte l'association entre l'apport alimentaire en fer héminique et le risque de développer un diabète de type 2.

[ [PMID 23386860](#) ]

**rs1880669:** Polymorphismes de nucléotides simples dans les gènes associés aux niveaux de fer sérique et de ferritine.

[ [PMID 19673882](#) ] [ [PMID 22761678](#) ] [ [PMID 24121126](#) ]

**rs3811647:** Déterminants génétiques des réserves corporelles de fer et du risque de diabète de type 2.

[ [PMID 19820699](#) ] [ [PMID 20095037](#) ] [ [PMID 22815867](#) ] [ [PMID 24391736](#) ] [ [PMID 27255824](#) ]



# Manganèse

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs1568569	GG	GG
rs4872479	CG	GG
rs17060812	CG	CC
rs896378	CG	CC
rs7833266	AG	AA
rs13103835	AT	TT
rs2165265	AT	TT
rs151402	CG	GG
rs4588460	TA	TT
rs13126885	TC	CC
rs151392	CG	CC
rs7664683	CC	CC
rs4699012	AA	AA
rs2298752	CG	GG
rs151401	AG	AA
rs7699390	AA	AA
rs6700061	TC	CC
rs4846607	AG	GG



Niveau de risque: moyenne



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>



# Potassium

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs2234916	TA	AA
rs12079419	CG	CC
rs10854373	TC	CC
rs16890334	TT	TT
rs2030114	AG	GG
rs10930597	CC	CC
rs11887188	TC	CC
rs9282564	TT	TT
rs55852620	TA	TT
rs2032588	CG	GG
rs3789243	AA	GG
rs10276036	TT	TT
rs4148737	TT	TT
rs1922240	TT	TT
rs12720067	CG	CC
rs3842	TT	TT
rs7787082	CG	GG
rs1128503	GG	GG
rs2235033	GG	AA
rs4148740	AA	AA
rs2032583	AA	AA
rs3213619	AA	AA
rs3747802	AA	AA
rs10808071	CA	AA
rs7218917	GG	GG
rs9894841	TC	TT
rs62070884	CC	CC
rs2247810	TC	TT
rs13050198	TA	TT



rs2211698	GG	GG
rs727957	GG	GG
rs3453	CC	TT
rs1805127	CC	CC
rs2834485	AA	AA
rs11088283	AG	AA
rs1892593	GG	GG



Niveau de risque: moyenne

**rs3453:** Gène de la sous-unité régulatrice du canal potassique associé au risque de perte auditive.  
[ [PMID 32207011](#) ]

**rs2234916:** Polymorphismes des gènes des canaux potassiques et risque accru de maladie cardiaque.  
[ [PMID 12402336](#) ] [ [PMID 14661677](#) ]



# Sélénium

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs12151188	CC	CC
rs2769264	TG	TT
rs4325816	TT	TT
rs11548	CC	CC
rs9637365	CC	TT
rs10412049	TC	CC
rs2769265	AC	CC
rs2264132	CC	CC
rs3733548	TA	AA
rs9420	CG	GG
rs11718498	AA	GG
rs10173522	AC	CC
rs6539137	TA	TT
rs3788317	GG	GG
rs9606186	CG	GG
rs11541479	GG	GG
rs10861192	CG	CC
rs13306278	CC	CC
rs4630362	CG	CC
rs147285094	CC	CC
rs9332314	CG	CC
rs3788314	AG	AA
rs756661	AG	AA
rs4880	AG	AA





Niveau de risque: moyenne

**rs9637365:** Polymorphisme du gène de la sélénoprotéine affectant le risque de carence en sélénium.  
[ [PMID 22615972](#) ]

**rs2769264:** Variantes génétiques affectant la teneur en cuivre, en sélénium et en zinc dans le sang.  
[ [PMID 23720494](#) ]

**rs4880:** Le polymorphisme des enzymes antioxydantes, en tant que facteurs de risque de complications, entraîne une augmentation du stress oxydatif. Affecte le niveau de sélénium dans le sérum.  
[ [PMID 19074884](#) ] [ [PMID 21052528](#) ]



# Iode

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs2048722	CG	GG
rs1126799	TC	CC
rs13398180	TC	CC
rs45602038	CG	CC
rs6588678	GG	GG
rs4927608	TA	AA
rs13431646	CC	CC
rs6732480	CG	CC
rs4927606	CC	CC
rs10519477	CC	CC
rs11694726	CC	CC
rs7602332	CC	CC
rs2071403	AG	GG
rs13424221	CG	GG
rs1567919	CC	CC



Niveau de risque: moyenne

**rs2048722:** Le polymorphisme du gène de la thyroïde peroxydase est associé au développement d'une maladie thyroïdienne auto-immune et aux niveaux sériques des anticorps de la thyroïde peroxydase.

[ [PMID 28845025](#) ]

**rs45602038:** Le polymorphisme du gène du symporteur de l'iodure de sodium augmente la probabilité de développer un cancer de la thyroïde.

[ [PMID 26160439](#) ]

**rs2071403:** Le gène de la phosphodiesterase est associé aux taux sériques de TTG et à la fonction thyroïdienne.

[ [PMID 18514160](#) ] [ [PMID 24722205](#) ] [ [PMID 28845025](#) ]



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

## Méthylation et homocystéine

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs1801131	TG	TT
rs2236225	AG	GG
rs1805087	AA	AA
rs1801394	GG	AA
rs1801133	AG	GG
rs567754	CC	CC
rs162036	AA	AA
rs1800779	AG	AA
rs1799983	CG	GG
rs3741049	AA	GG
rs819171	TA	TT
rs651852	CG	CC
rs3733890	AG	GG
rs1051266	CC	TT
rs10380	CC	CC
rs1979277	CG	GG
rs17367504	AA	AA
rs4680	AG	GG
rs4633	TC	CC
rs17349743	TT	TT
rs11754661	GG	GG
rs2287780	CC	CC
rs651933	AG	GG
rs526934	AA	AA
rs6495446	CC	CC
rs9606756	AA	AA
rs234706	AG	GG
rs4244593	TT	GG
rs1476413	TC	CC



rs1076991	CG	CC
rs2274976	CC	CC
rs502396	TT	CC
rs1131603	TT	TT
rs7946	TT	CC
rs4820889	GG	GG
rs2283873	GG	GG
rs4654748	CC	CC
rs1999594	AA	AA
rs1802059	AA	GG



Niveau de risque: moyenne

**rs1801394:** Le polymorphisme peut conduire à des niveaux élevés d'homocystéine indépendamment des niveaux d'acide folique, de vitamine B12 ou B6. Il s'agit d'un facteur de risque d'anomalies du tube neural et de syndrome de Down lorsque les taux d'homocystéine sont élevés.

[ [PMID 10444342](#) ] [ [PMID 10930360](#) ]

**rs3741049:** Le défaut du gène entraîne une déficience en 3-cétothiolase, ce qui provoque la croissance des microbes intestinaux (en particulier les clostridies) et affecte négativement la méthylation.

**rs1051266:** La protéine codée par ce gène transporte l'acide folique dans la cellule et joue donc un rôle dans la régulation intracellulaire de la concentration de folate. Dans ce génotype, l'absorption du folate est moins bonne. Le besoin en acide folique est plus élevé. La consommation d'alcool est plus critique pour le risque de carence en vitamine B9.

[ [PMID 19172696](#) ] [ [PMID 19650776](#) ]

**rs7946:** Polymorphismes génétiques dans le métabolisme du groupe méthyle méthylation de l'ADN dans le sang périphérique. Affectent les besoins humains en choline (vitamine B4).

[ [PMID 18789905](#) ] [ [PMID 22371529](#) ] [ [PMID 16816108](#) ]

**rs1801131:** Réduit la formation de la forme active de l'acide folique, qui est nécessaire à la reméthylation de l'homocystéine et d'autres molécules de l'ADN. L'administration de la forme active de l'acide folique (5-MTHF ou L-méthyltétrahydrofolate) peut améliorer de manière significative les scores de risque pour les effets des mutations. C'est aussi un facteur qui augmente modérément les besoins en vitamine B2.

[ [PMID 11742092](#) ] [ [PMID 11752418](#) ] [ [PMID 11590551](#) ] [ [PMID 15951337](#) ] [ [PMID 16244782](#) ]

**rs2236225:** Augmentation possible du risque de malformations congénitales chez le fœtus. Un risque 1,5 fois plus élevé pour les mères caucasiennes de donner naissance à des enfants atteints de DNT (anomalie du tube neural). L'association entre les enfants porteurs de cette mutation et un risque accru de malformations cardiaques est plus importante si leur mère n'a pas reçu suffisamment d'acide folique pendant la grossesse. Le risque est réduit avec des niveaux adéquats d'acide folique et de vitamine B6.

[ [PMID 18767138](#) ] [ [PMID 20544798](#) ] [ [PMID 20890936](#) ]

**rs1801133:** Un fragment de gène connu sous le nom de MTHFR C677T, qui code pour une enzyme impliquée dans le métabolisme de l'acide folique. Une rupture de ce fragment de gène entraîne des taux



Ceci est un exemple de rapport.

Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:

<https://tendna.com/pm0>

élevés d'homocystéine et des taux faibles de B12 et d'acide folique. Si vos tests révèlent des taux élevés d'homocystéine, votre médecin vous conseillera probablement un régime alimentaire et une supplémentation appropriés. Il est recommandé de prendre des variétés de la forme active du méthylfolate B9 (5-MTHF ou L-méthyltétrahydrofolate) et de la forme active de la vitamine B12, la méthylcobalamine, afin de réduire les risques.

[ [PMID 8616944](#) ] [ [PMID 1522835](#) ] [ [PMID 7647779](#) ] [ [PMID 8554053](#) ] [ [PMID 8554066](#) ]

**rs1800779:** Les polymorphismes génétiques sont associés à des marqueurs de risque de maladies cardiovasculaires et à une altération de la méthylation.





## Gluten et maladie cœliaque

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs2187668	CC	CC
rs2858331	GG	AA
rs4988889	CG	GG
rs6441961	CC	TT
rs6822844	TG	GG
rs13119723	AA	AA
rs2395182	TT	TT
rs9851967	TT	CC
rs7775228	TT	TT
rs4713586	AA	AA
rs3184504	TC	CC
rs231775	AA	AA
rs1464510	CG	CC
rs1738074	TC	TT
rs2816316	TA	AA
rs45450798	CG	CC



Niveau de risque: moyenne

**rs2858331:** Avec la cassure du gène rs4988889, il s'agit d'un critère de diagnostic de la maladie cœliaque.

**rs6441961:** Risque accru de maladie du gluten.  
[ [PMID 19693089](#) ] [ [PMID 19542083](#) ] [ [PMID 22087237](#) ]

**rs9851967:** Risque génétique de maladie cœliaque associé à la réponse immunitaire.  
[ [PMID 18311140](#) ]

**rs4988889:** Avec la rupture du gène rs2858331, il s'agit d'un critère de diagnostic de la maladie cœliaque.

**rs6822844:** Combinée à la cassure rs13119723, l'étude a montré l'association la plus forte avec la maladie cœliaque chez les patients caucasiens.  
[ [PMID 17558408](#) ]



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

**rs3184504:** Variante du risque génétique de la maladie cœliaque associée à la réponse immunitaire. Le diabète de type 1 est également associé à un porteur.

[ PMID 18311140 ] [ PMID 18978792 ] [ PMID 19073967 ] [ PMID 20546165 ] [ PMID 20854658 ] [ PMID 21873553 ] [ PMID 24936253 ]

**rs1464510:** Variante génétique commune au diabète de type 1 et à la maladie cœliaque.

[ PMID 18311140 ] [ PMID 19073967 ] [ PMID 20854658 ] [ PMID 22087237 ]

**rs2816316:** Risque de variante génétique pour le diabète de type 1 et la maladie du gluten.

[ PMID 18311140 ] [ PMID 19073967 ] [ PMID 19622889 ] [ PMID 20854658 ] [ PMID 21980299 ] [ PMID 27015091 ]



# Lactose

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs4988235	AG	AA
rs182549	TC	TT
rs2278544	AA	AA
rs2322659	TC	TT
rs2304371	AG	AA
rs145946881	CC	CC



Niveau de risque: moyenne

**rs4988235:** Est l'un des deux SNP liés à l'haplotype primaire associé à l'hypolactasie, plus connue sous le nom d'intolérance au lactose dans les populations européennes.

[ [PMID 1178828](#) ] [ [PMID 15114531](#) ] [ [PMID 25625576](#) ]



## Oméga-3, acides gras insaturés

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs1535	AG	AA
rs174556	TC	CC
rs174561	TA	TT
rs174575	GC	CC
rs3834458	TA	TT
rs174553	AA	AA
rs99780	CG	CC
rs174583	TC	CC
rs174448	AG	GG
rs174547	TC	TT
rs174546	TC	CC
rs174550	TC	TT
rs174548	GC	CC
rs174602	TC	TT
rs174593	TC	TT
rs174579	CG	CC
rs174570	CC	CC
rs174618	TC	TT
rs2727270	TC	CC
rs498793	CC	CC
rs174577	AC	CC
rs174576	AC	CC
rs2072114	AG	AA
rs2277324	GG	GG
rs16940765	TT	TT
rs17718324	CG	GG
rs953413	CG	GG
rs174537	TG	GG
rs1570069	AA	AA



rs3798719	CG	CC
rs7744440	TA	TT



Niveau de risque: moyenne

**rs1535:** Les polymorphismes de FADS2 affectent les niveaux sanguins d'acides gras polyinsaturés oméga-3 et oméga-6 pendant la grossesse, à la naissance et à l'âge de 7 ans.

[ [PMID 22194195](#) ] [ [PMID 24643342](#) ] [ [PMID 26950146](#) ] [ [PMID 31991592](#) ] [ [PMID 33509958](#) ]

**rs174556:** Les polymorphismes du gène FADS augmentent les niveaux d'acide arachidonique et le risque de maladie d'Alzheimer.

[ [PMID 21599946](#) ] [ [PMID 21818279](#) ] [ [PMID 28929400](#) ]

**rs174561:** Le polymorphisme du gène FADS modifie les concentrations en acides gras des glycérophospholipides sériques et leur composition en pourcentage chez les enfants.

[ [PMID 21818279](#) ]

**rs174575:** Des variantes du gène FADS modifient la relation entre la consommation de poisson et la teneur en acide docosahexaénoïque du lait maternel. Cela affecte la fonction cognitive de l'enfant et les problèmes d'hyperactivité et d'attention.

[ [PMID 18936223](#) ] [ [PMID 20335541](#) ] [ [PMID 23737301](#) ] [ [PMID 30541029](#) ]

**rs3834458:** Le polymorphisme nucléotidique simple rs3834458 affecte les niveaux d'acides gras polyinsaturés à longue chaîne n-3.

[ [PMID 31487670](#) ]

**rs174583:** Le polymorphisme du gène de la désaturase des acides gras augmente la résistance à l'insuline en relation avec la composition des acides gras polyinsaturés des phospholipides sériques.

[ [PMID 21513558](#) ]

**rs174448:** Le polymorphisme du gène modifie les niveaux d'EPA et de DHA et leurs effets sur le développement et le fonctionnement du cerveau.

[ [PMID 26742060](#) ] [ [PMID 26950146](#) ]

**rs174547:** Variantes génétiques qui affectent les taux de lipides circulants et le risque de maladie cardiovasculaire. Les personnes présentant la variante du gène C ont des niveaux plus faibles de formes longues d'acides gras tels que l'AA. Les végétariens et les végétaliens présentant la variante du gène C ont des concentrations plasmatiques d'EPA, de DHA et d'AA inférieures à celles des omnivores. Il a été démontré que les végétariens présentant la variante du gène C ont intérêt à prendre des suppléments d'oméga-3 ou à consommer des aliments riches en oméga-3 tels que les graines de chia, les graines de lin et l'huile de canola.

[ [PMID 19750004](#) ] [ [PMID 20864672](#) ] [ [PMID 20972250](#) ] [ [PMID 29858861](#) ]



## Huile de CBD (cannabidiol)

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs806368	CC	TT
rs2494732	CG	CC
rs6454674	TT	TT
rs9900808	GG	GG
rs4680	AG	GG
rs1049353	CC	CC
rs806377	TT	TT
rs324420	CC	CC
rs1057910	AC	AA
rs1417205	AA	AA



Niveau de risque: moyenne

**rs806368:** Une rupture dans le gène du récepteur cannabinoïde CNR1 module le risque de dépendance. L'ingestion d'huile de CBD peut entraîner une dépendance au cannabis.

[ [PMID 17509535](#) ] [ [PMID 19016476](#) ]

**rs2494732:** Le génotype AKT1 affecte le risque de développer une psychose chez les consommateurs de cannabis. Il augmente également le risque de schizophrénie chez les personnes présentant une cassure de ce gène.

[ [PMID 21041608](#) ] [ [PMID 22831980](#) ] [ [PMID 24904437](#) ] [ [PMID 32536252](#) ]

**rs4680:** L'étude a montré une augmentation de 10 % de l'homocystéine plasmatique totale (tHcy).

[ [PMID 18064318](#) ]



## Stress oxydatif

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs662	CC	CC
rs1800566	GG	GG
rs4880	AG	AA
rs10517	GG	GG
rs6539137	TA	TT
rs4135168	TC	TT
rs2551715	CC	CC
rs2978663	TT	TT
rs3730192	TA	TT
rs17881586	CG	GG
rs17881734	CG	GG
rs10861192	CG	CC
rs1138272	CC	CC
rs4630362	CG	CC
rs769217	TT	CC
rs147285094	CC	CC
rs1041740	TT	CC
rs4135183	TC	CC
rs17881288	TA	AA
rs2551698	AA	AA
rs2978662	AA	AA
rs8190996	AG	GG
rs2001350	TT	TT
rs2297518	GG	GG





Niveau de risque: moyenne

**rs1041740:** Une rupture du gène responsable des effets du stress oxydatif chez la femme enceinte sur le développement du fœtus.

[ [PMID 25463281](#) ]

**rs4880:** Le polymorphisme des enzymes antioxydantes, en tant que facteurs de risque de complications, entraîne une augmentation du stress oxydatif. Affecte le niveau de sélénium dans le sérum.

[ [PMID 19074884](#) ] [ [PMID 21052528](#) ]





# Carnitine

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs2229738	CC	CC
rs2229291	TT	TT
rs1871748	CG	CC
rs151003641	CC	CC
rs74315298	CC	CC
rs1799821	AG	GG
rs370493	AG	AA
rs1799822	AA	AA
rs2278907	AA	AA
rs28383481	GG	GG
rs72552726	GG	GG
rs274567	TT	CC
rs2631367	CG	GG
rs274551	CG	CC
rs189174414	TT	TT
rs3019593	TA	TT
rs2924689	TA	TT
rs2924685	AT	TT
rs3019578	CC	CC
rs191107774	CC	CC
rs1017640	CG	CC
rs7938117	AG	GG
rs7112615	AA	AA
rs897047	TA	AA
rs11568520	CC	CC





Niveau de risque: moyenne

**rs1799821:** Le polymorphisme de la carnitine palmitoyltransférase est associé à de multiples syndromes d'encéphalopathie aiguë dans diverses maladies infectieuses. Facteur de risque génétique pour l'encéphalopathie aiguë commune.

[ [PMID 20934285](#) ]

**rs2631367:** Le polymorphisme du transporteur de carnitine OCTN est associé à la maladie inflammatoire de l'intestin, la maladie de Crohn.

[ [PMID 23300620](#) ] [ [PMID 15107849](#) ] [ [PMID 18756601](#) ]



# Neurotransmetteurs et hormones

## Sérotonine

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs7224199	TA	TT
rs28914829	CG	GG
rs11657536	GG	GG
rs140700	CC	CC
rs2066713	GG	GG
rs1042173	CC	AA
rs6314	GG	GG
rs9316232	GG	GG
rs2224721	GG	GG
rs6313	AA	GG
rs1928040	CG	GG
rs7984966	CC	CC
rs9567737	TT	CC
rs9316233	CG	CC
rs7997012	GG	AA
rs9567746	AA	AA
rs6312	TT	TT
rs1805055	CG	GG
rs6305	CG	GG
rs7330636	TT	CC
rs1328674	CC	CC
rs6311	TT	CC
rs12583882	AA	AA
rs3742278	AA	AA
rs2020933	AA	AA
rs11077820	TC	TT
rs56232120	CG	GG
rs35815285	CG	GG



rs11604247	CG	CC
rs1062613	TT	CC
rs1176713	AA	AA
rs2276302	GG	AA
rs17288723	TT	TT
rs1487278	TA	TT
rs10879346	CC	CC
rs1843809	TT	TT
rs1799913	TT	GG
rs4570625	GG	GG
rs9325202	GG	GG
rs2129785	TT	TT
rs4565946	TT	CC
rs6295	GG	GG
rs1386494	CG	CC
rs11179003	CC	CC
rs11568817	TA	AA
rs10748189	CG	CC
rs17110563	CC	CC
rs6296	CC	CC
rs11867581	AA	GG
rs878567	CG	GG
rs211107	AA	CC
rs1386488	AA	AA
rs17722134	AA	AA
rs201779669	TA	TT
rs147198243	TT	TT
rs145278314	TA	TT
rs34550504	TA	TT
rs200889198	GG	GG
rs61907889	GG	GG
rs79874540	CG	GG



rs12805047	GG	GG
rs118187155	AC	CC
rs114014601	CG	CC
rs35201864	CG	CC
rs79779791	CG	CC
rs146411553	CG	CC
rs1549339	AG	AA
rs2276307	AA	AA
rs146375175	AA	AA
rs76303657	TA	AA
rs45570136	AA	AA
rs676643	CG	GG
rs130060	AA	AA
rs17706602	CG	CC
rs7725785	CC	CC
rs78932366	TA	AA



Niveau de risque: moyenne

**rs1042173:** Le gène SLC6A4 du transporteur de la sérotonine est associé aux bouffées de chaleur et aux céphalées de la préménopause et de la péri-ménopause.  
[\[ PMID 21585624 \]](#) [\[ PMID 25026114 \]](#)

**rs6313:** Les polymorphismes du TPH-2 affectent la réponse au traitement par les antidépresseurs et les ISRS.  
[\[ PMID 19184136 \]](#) [\[ PMID 19197363 \]](#) [\[ PMID 21172166 \]](#) [\[ PMID 25108775 \]](#) [\[ PMID 27091189 \]](#) [\[ PMID 27445478 \]](#) [\[ PMID 27521242 \]](#) [\[ PMID 32819202 \]](#)

**rs7997012:** Associations du gène HTR2A du récepteur de la sérotonine avec le trouble bipolaire et le trouble dépressif majeur.  
[\[ PMID 19428704 \]](#) [\[ PMID 24885933 \]](#) [\[ PMID 30178121 \]](#)

**rs6311:** Facteurs génétiques spécifiques aux troubles obsessionnels compulsifs.  
[\[ PMID 25017045 \]](#) [\[ PMID 26616111 \]](#) [\[ PMID 28576508 \]](#) [\[ PMID 29331882 \]](#) [\[ PMID 29785111 \]](#)

**rs1062613:** Réactivation de la peur et symptômes de l'état de stress post-traumatique lié au combat : spécificité et étude préliminaire de l'effet du gène du récepteur 5-HT3A.  
[\[ PMID 35413654 \]](#)

**rs2276302:** Le gène HTR3B est associé à l'alcoolisme avec comportement antisocial.  
[\[ PMID 19185213 \]](#)



Ceci est un exemple de rapport.  
 Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

**rs1799913:** Variantes du gène de la tryptophane hydroxylase impliquées dans le développement et le traitement de la dépendance aux opiacés, à l'héroïne et à la cocaïne.

[ [PMID 18181017](#) ] [ [PMID 20201854](#) ] [ [PMID 26227246](#) ] [ [PMID 28590957](#) ]

**rs7224199:** Relation avec la dépression majeure et la réponse aux antidépresseurs. Le polymorphisme est associé à la réponse aux inhibiteurs sélectifs de la recapture de la sérotonine et de la sérotonine-norépinéphrine dans les troubles dépressifs.

[ [PMID 19844206](#) ] [ [PMID 26674707](#) ]



# Dopamine

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs1611115	CC	CC
rs5320	GG	GG
rs2519154	TC	CC
rs2007153	CC	CC
rs1611123	TC	CC
rs5322	CG	CC
rs1108580	AG	AA
rs1541332	AG	AA
rs3025382	GG	GG
rs1108581	AA	AA
rs77905	AG	GG
rs3025399	AA	AA
rs10993949	AA	AA
rs4703822	GG	GG
rs26907	GG	GG
rs17410422	CG	CC
rs1800497	AG	GG
rs1049353	CC	CC
rs6265	CC	CC
rs2295193	AA	AA
rs324420	CC	CC
rs17030795	AG	AA
rs8044769	TC	CC
rs6280	TT	TT
rs4867798	TA	TT
rs1125394	TA	TT
rs4436578	TA	TT
rs1799978	TT	TT
rs4648317	GG	GG



rs6277	CG	GG
rs3773678	AG	GG
rs4532	CC	TT
rs2440390	CG	CC
rs1079597	CC	CC
rs2283265	AC	CC
rs5326	CC	CC
rs1076560	CC	CC
rs752306	CC	CC
rs265981	AA	GG
rs686	GG	AA
rs1076563	AA	AA
rs1486009	AA	AA
rs9824856	TA	AA
rs167771	AG	AA
rs12364283	AA	AA
rs9288993	AA	AA
rs4460839	TA	TT
rs12363125	TC	CC
rs1800499	CG	CC
rs11214606	CC	CC
rs2734838	AG	AA
rs2734833	AG	GG
rs1079598	TA	AA
rs3776512	GG	GG
rs460000	GG	GG
rs27072	CC	CC
rs6347	TT	TT
rs2617605	CC	TT
rs28363168	CG	CC
rs921451	TA	TT
rs2242446	TC	TT





rs1006737	AA	GG
rs968529	CC	CC
rs4633	TC	CC
rs10761482	CC	CC
rs2159100	TT	CC
rs3735273	CG	CC
rs10994336	CC	CC
rs3785143	CG	CC
rs2302729	CC	CC
rs165599	AA	AA
rs6269	AG	AA
rs216013	AA	AA
rs7633291	TA	TT
rs324026	AA	TT
rs167770	AA	AA
rs7876027	TT	TT
rs3025422	TA	TT



Niveau de risque: moyenne

**rs4532:** Affecte les récepteurs D1 de la dopamine associés aux troubles du spectre autistique.  
[ [PMID 18205172](#) ]

**rs1006737:** Un polymorphisme du gène du canal calcique dépendant du potentiel CACNA1C est associé au risque de trouble bipolaire, de schizophrénie et d'autres troubles psychiatriques.  
[ [PMID 18711365](#) ] [ [PMID 19358880](#) ] [ [PMID 20098439](#) ]

**rs1611123:** Variante génétique qui accroît la dépendance à la nicotine et la difficulté à arrêter de fumer.  
[ [PMID 24667010](#) ]

**rs1108580:** Polymorphisme du gène de la voie dopaminergique et prédisposition génétique à la maladie de Parkinson et à la schizophrénie.  
[ [PMID 20016224](#) ] [ [PMID 20498626](#) ] [ [PMID 28647493](#) ] [ [PMID 31082450](#) ]

**rs1800497:** Les polymorphismes TaqIA du gène du récepteur de la dopamine D2 DRD2 sont associés à la consommation concomitante d'alcool et aux troubles dépressifs.  
[ [PMID 1969501](#) ] [ [PMID 9650634](#) ] [ [PMID 17989061](#) ] [ [PMID 20146828](#) ] [ [PMID 20180986](#) ] [ [PMID 20482509](#) ] [ [PMID 21083670](#) ] [ [PMID 22698582](#) ] [ [PMID 22728571](#) ] [ [PMID 22978509](#) ]

**rs4867798:** La rupture du gène du récepteur D1 de la dopamine augmente le risque de schizophrénie



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

paranoïde.

[ [PMID 21955727](#) ] [ [PMID 24790447](#) ]

**rs1125394:** Le polymorphisme DRD2 module le traitement de la récompense et des émotions, la neurotransmission de la dopamine et l'ouverture à l'expérience.

[ [PMID 22424959](#) ]

**rs4436578:** Le gène du récepteur D2 de la dopamine est associé à la prise de poids chez les patients schizophrènes traités à long terme par des neuroleptiques.

[ [PMID 20375926](#) ] [ [PMID 21185230](#) ] [ [PMID 27853387](#) ]



## Oxytocine et empathie

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs53576	GG	GG
rs2254298	CG	GG
rs918316	TT	TT
rs2268492	CG	CC
rs2268491	CC	CC
rs8043440	TA	TT
rs981347	TC	TT
rs4906679	TT	TT
rs6265	CC	CC
rs237899	AG	GG
rs8192466	GG	GG
rs3751582	TC	TT
rs925946	GG	TT
rs3212335	CC	CC



Niveau de risque: moyenne

**rs2254298:** Le polymorphisme du gène du récepteur de l'ocytocine interagit avec le risque familial de psychopathologie pour prédire les symptômes de dépression et d'anxiété.

[ [PMID 17383819](#) ] [ [PMID 18207134](#) ] [ [PMID 19515497](#) ] [ [PMID 20585395](#) ] [ [PMID 20708845](#) ] [ [PMID 22336563](#) ] [ [PMID 22357335](#) ]

**rs3751582:** GABRB3, un gène candidat pour les troubles du spectre autistique.

[ [PMID 24999380](#) ]



# Adrénaline

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs1801253	GC	CC
rs1042714	GG	CC
rs1800888	CC	CC
rs1042711	TA	TT
rs1042713	GG	GG
rs1801704	TA	TT



Niveau de risque: moyenne

**rs1042714:** Des études ont montré un risque accru de polymorphisme avec l'autisme. Le rapport de cotes était de 1,33 à 1,60. Le risque était environ deux fois plus élevé chez les mères qui présentaient des marqueurs cliniques de stress lié à la grossesse. La répartition a également indiqué une prédisposition au syndrome métabolique, à l'obésité et un risque accru d'asthme bronchique.

[ [PMID 9275150](#) ] [ [PMID 14557466](#) ] [ [PMID 15867853](#) ] [ [PMID 16935688](#) ] [ [PMID 17199132](#) ] [ [PMID 17512307](#) ]

**rs1801253:** Le polymorphisme d'un motif conservé du récepteur bêta(1)-adrénergique modifie la fonction cardiaque et est associé au syndrome coronarien aigu et aux facteurs de risque cardiovasculaire.

[ [PMID 16844790](#) ] [ [PMID 26602751](#) ] [ [PMID 35099251](#) ] [ [PMID 35199539](#) ]

**rs1042711:** Un polymorphisme du gène du récepteur bêta-2 adrénergique est associé à un risque accru d'hypertension artérielle.

[ [PMID 27103841](#) ]

**rs1801704:** Une rupture dans le gène du

[ [PMID 22900502](#) ]



# Cortisol

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs1360780	CG	CC
rs10482633	TG	TT
rs6190	CC	CC
rs6189	CG	CC
rs9324921	CC	CC
rs852977	AG	AA
rs5522	TT	TT
rs1724385	CG	GG
rs1490453	GG	GG
rs17024387	AG	GG
rs3846329	GG	GG
rs1724422	AA	AA
rs2871	TA	TT
rs4635799	TA	TT
rs3846317	CC	CC
rs6836191	CC	TT
rs1876829	TA	TT
rs7698307	CC	CC
rs17484454	CC	TT
rs13184611	CG	CC
rs13116332	GG	GG
rs7757037	AG	GG
rs110402	AA	AA
rs7658048	AG	GG
rs6812904	GG	AA
rs11655764	AG	GG
rs2766535	AA	GG
rs3800373	AC	AA
rs17024708	AA	AA



rs1617406	TA	AA
rs941601	CC	CC



Niveau de risque: moyenne

**rs1360780:** Les polymorphismes du gène de la protéine FK506 sont associés au trouble déficitaire de l'attention avec hyperactivité et à l'augmentation des niveaux quotidiens de cortisol. Ils sont également associés à un risque accru de dépression, avec un rapport de cotes de 1,39.

[ [PMID 21316860](#) ] [ [PMID 24166410](#) ] [ [PMID 26032970](#) ]

**rs10482633:** La variation génétique de l'axe HPA est associée à la réponse au cortisol et à la fonction cognitive pendant un stress aigu.

[ [PMID 29100174](#) ]

**rs6189:** Une variante génétique du gène du récepteur des glucocorticoïdes accroît la gravité du syndrome de stress post-traumatique et des troubles dépressifs.

[ [PMID 33019527](#) ] [ [PMID 34466443](#) ]

**rs3800373:** Les polymorphismes de FKBP5 augmentent les symptômes du syndrome de stress post-traumatique et de l'anxiété.

[ [PMID 27078785](#) ] [ [PMID 27448712](#) ]



## Fonction mitochondriale

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs11754661	GG	GG
rs999571	CG	GG
rs1801394	GG	AA
rs2297518	GG	GG
rs2238151	TC	CC
rs1076991	CG	CC
rs968529	CC	CC
rs3783637	TC	CC
rs1532268	TT	CC
rs16941667	CC	CC
rs10064631	CG	CC
rs2236225	AG	GG
rs1800779	AG	AA
rs4850	CG	GG
rs4869089	AA	AA
rs162036	AA	AA
rs7703033	GG	GG
rs1985908	AG	AA
rs16941669	TG	TT
rs1051266	CC	TT
rs2778475	AG	GG
rs7254913	AA	AA
rs1244414	CC	CC
rs1104739	CC	AA
rs34095989	GG	GG
rs35859650	GG	GG
rs17602729	AG	GG
rs926938	AG	GG
rs34677591	GG	GG



rs11214077	AA	AA
rs12985380	AG	GG
rs3786625	AG	GG
rs11203289	GG	GG
rs33927012	AA	AA
rs2307440	CG	GG
rs2307449	TT	TT
rs2307441	TT	TT
rs3087374	CC	CC
rs12873870	CG	CC
rs667226	AA	TT
rs536662	CG	GG
rs3790694	CG	CC
rs2073643	TT	TT
rs25683	AG	AA
rs17349743	TT	TT
rs4880	AG	AA
rs11585941	AA	AA
rs12770829	CG	CC
rs1024611	AG	AA
rs7946	TT	CC
rs4244593	TT	GG
rs671	GG	GG



Niveau de risque: moyenne

**rs1801394:** Le polymorphisme peut conduire à des niveaux élevés d'homocystéine indépendamment des niveaux d'acide folique, de vitamine B12 ou B6. Il s'agit d'un facteur de risque d'anomalies du tube neural et de syndrome de Down lorsque les taux d'homocystéine sont élevés.

[ [PMID 10444342](#) ] [ [PMID 10930360](#) ]

**rs1051266:** La protéine codée par ce gène transporte l'acide folique dans la cellule et joue donc un rôle dans la régulation intracellulaire de la concentration de folate. Dans ce génotype, l'absorption du folate est moins bonne. Le besoin en acide folique est plus élevé. La consommation d'alcool est plus critique pour le



Ceci est un exemple de rapport.  
 Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>



risque de carence en vitamine B9.  
[ PMID 19172696 ] [ PMID 19650776 ]

**rs7946:** Polymorphismes génétiques dans le métabolisme du groupe méthyle méthylation de l'ADN dans le sang périphérique. Affectent les besoins humains en choline (vitamine B4).  
[ PMID 18789905 ] [ PMID 22371529 ] [ PMID 16816108 ]

**rs10064631:** Déficience en méthionine synthase, altérant le métabolisme de l'acide folique B9 et de la cobalamine B12.  
[ PMID 10484769 ]

**rs2236225:** Augmentation possible du risque de malformations congénitales chez le fœtus. Un risque 1,5 fois plus élevé pour les mères caucasiennes de donner naissance à des enfants atteints de DNT (anomalie du tube neural). L'association entre les enfants porteurs de cette mutation et un risque accru de malformations cardiaques est plus importante si leur mère n'a pas reçu suffisamment d'acide folique pendant la grossesse. Le risque est réduit avec des niveaux adéquats d'acide folique et de vitamine B6.  
[ PMID 18767138 ] [ PMID 20544798 ] [ PMID 20890936 ]

**rs1800779:** Les polymorphismes génétiques sont associés à des marqueurs de risque de maladies cardiovasculaires et à une altération de la méthylation.

**rs17602729:** Le polymorphisme du gène AMPD1 est associé à la vitesse, à l'endurance et à la force.  
[ PMID 21540342 ] [ PMID 23681449 ] [ PMID 35309536 ]

**rs4880:** Le polymorphisme des enzymes antioxydantes, en tant que facteurs de risque de complications, entraîne une augmentation du stress oxydatif. Affecte le niveau de sélénium dans le sérum.  
[ PMID 19074884 ] [ PMID 21052528 ]



# Mémoire

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs17070145	TC	TT
rs10884402	AA	GG
rs7078098	TA	TT
rs950809	AA	AA
rs8067235	AG	GG
rs6314	GG	GG
rs6902875	AA	AA
rs9321334	AA	AA
rs1997794	TC	TT
rs2235751	AG	GG
rs7272891	CG	CC
rs12807809	TT	TT
rs2075650	AA	AA
rs157582	TC	CC
rs425724	TA	TT
rs1493445	CG	GG
rs9528369	CG	CC
rs347702	TA	TT
rs3749622	CG	CC
rs447505	AC	CC
rs797311	CA	AA
rs1486844	AA	AA
rs347713	CG	GG
rs9528371	CG	CC
rs1386320	CG	CC
rs9528370	CG	GG
rs9539264	CG	GG
rs446427	TA	TT
rs427203	TA	TT



rs9528358	CG	GG
rs7319943	CG	GG
rs9528377	CC	CC
rs11148561	CA	AA
rs67017972	CG	GG
rs7164861	CG	CC
rs78096325	AC	CC
rs2900031	CG	CC



Niveau de risque: moyenne

**rs17070145:** La variante du gène KIBRA est associée à la mémoire épisodique chez les personnes âgées en bonne santé. Les porteurs de l'allèle T du gène KIBRA rs17070145 avaient des performances supérieures de 24 % lors d'un rappel aléatoire 5 minutes après la présentation d'un mot et de 19 % lors d'un rappel aléatoire 24 heures après la présentation d'un mot, par rapport aux personnes non porteuses de cet allèle.

[ [PMID 17353070](#) ] [ [PMID 19397951](#) ] [ [PMID 21643791](#) ] [ [PMID 22794909](#) ] [ [PMID 25146696](#) ] [ [PMID 30134813](#) ] [ [PMID 30953258](#) ]



# Maladies

## Tuberculose

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs34536443	GG	GG
rs2057178	GG	GG
rs2853694	TG	TT
rs3212227	TT	TT
rs3213094	CC	CC
rs3213102	CG	CC
rs2569254	TC	CC
rs6871626	AC	CC
rs3213119	CC	CC
rs4971014	CG	GG
rs13411512	CG	CC
rs7449177	TC	CC
rs3867218	TA	TT
rs447600	TA	TT
rs181301	AA	GG
rs692544	TT	TT
rs3218255	GG	GG
rs2202157	TC	CC
rs5928363	AA	AA
rs2505675	CC	CC
rs40363	GG	GG
rs6676375	TT	TT
rs1925714	AG	GG
rs17175227	GG	GG
rs1075309	CG	CC
rs1900442	TT	TT
rs17217757	CG	GG
rs586716	GG	AA



rs12283022	AA	AA
rs1819084	CC	CC
rs6575836	AG	AA
rs451390	CG	GG
rs958617	AG	AA
rs1934954	TT	TT
rs7947821	TT	TT
rs2837857	TC	CC
rs12294076	TT	TT
rs6538140	AG	AA



Niveau de risque: moyenne

**rs2853694:** Variation du nombre de copies du gène IL23R associée à la susceptibilité à la lèpre et à la tuberculose.

[ [PMID 23240095](#) ] [ [PMID 26793196](#) ]

**rs1925714:** Une rupture dans le gène IL2RB qui augmente le risque de susceptibilité à la tuberculose.

[ [PMID 28384278](#) ]

**rs451390:** Une cassure dans le gène C2CD2 qui augmente le risque de susceptibilité à la tuberculose.

[ [PMID 28384278](#) ]

**rs2837857:** Une rupture dans le gène DSCAM qui augmente le risque de susceptibilité à la tuberculose.

[ [PMID 28384278](#) ]

**rs6538140:** Une rupture dans le gène NAV3 qui augmente le risque de susceptibilité à la tuberculose.

[ [PMID 28384278](#) ]



# Diabète

## Diabète de type 1

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs2040410	CG	GG
rs7454108	TT	TT
rs6679677	CC	CC
rs9272346	CG	GG
rs2476601	GG	GG
rs11171739	TC	TT
rs17696736	AG	AA
rs12708716	AG	GG
rs2639703	TC	TT
rs17388568	GG	GG
rs2544677	CG	CC
rs17166496	CG	GG
rs2104286	TT	TT
rs11052552	TA	TT
rs2542151	TT	TT
rs7574865	TG	GG
rs3087243	AG	AA
rs237025	AG	GG
rs3772534	CG	GG
rs1990760	TC	CC
rs2296336	CG	GG
rs1465788	TT	CC
rs4900384	AG	AA
rs7202877	TT	TT
rs757411	TT	TT
rs425105	TC	TT
rs5753037	CC	CC
rs10517086	AG	GG



rs7804356	TT	TT
rs9388489	AA	AA
rs4763879	GG	GG
rs2664170	AG	AA
rs3129934	CC	CC
rs3024505	GG	GG
rs4788084	TT	CC
rs3741208	AG	GG
rs725613	TG	TT
rs2290400	CC	TT
rs3746722	AA	AA
rs11594656	AA	TT
rs11755527	GC	CC
rs12722495	AT	TT
rs1464510	CG	CC
rs1738074	TC	TT
rs17810546	AA	AA
rs1893217	AA	AA
rs2069763	CG	CC
rs2292239	TG	GG
rs229541	GG	AA
rs2816316	TA	AA
rs3184504	TC	CC
rs3788013	AA	CC
rs3825932	TT	TT
rs41295061	CG	CC
rs45450798	CG	CC
rs478582	CC	TT
rs6441961	CC	TT
rs6822844	TG	GG
rs689	TA	AA
rs6897932	CC	CC



rs763361	TC	CC
rs917997	CG	CC
rs947474	AG	AA
rs9811792	TT	TT
rs11571316	CG	GG
rs1701704	TG	TT
rs1004446	AG	GG
rs7528684	AG	GG
rs2069762	AC	AA



Niveau de risque: moyenne

**rs1465788:** Risque accru d'auto-immunité des îlots de Langerhans et de diabète de type 1.  
[\[ PMID 21980299 \]](#) [\[ PMID 22278338 \]](#) [\[ PMID 24367383 \]](#)

**rs4788084:** Polymorphisme d'augmentation du risque de diabète auto-immun et de rétinopathie diabétique chez l'adulte.  
[\[ PMID 21441570 \]](#) [\[ PMID 21829393 \]](#) [\[ PMID 21873553 \]](#) [\[ PMID 22278338 \]](#)

**rs2290400:** un risque accru de diabète auto-immun chez les adultes.  
[\[ PMID 21873553 \]](#) [\[ PMID 21980299 \]](#) [\[ PMID 22278338 \]](#) [\[ PMID 30888520 \]](#)

**rs11594656:** Le polymorphisme du gène IL2RA multiplie par 1,19 la susceptibilité au diabète de type 1 chez les hétérozygotes (AT) et par 1,38 chez les homozygotes.  
[\[ PMID 17676041 \]](#) [\[ PMID 18556337 \]](#) [\[ PMID 19956099 \]](#) [\[ PMID 22211793 \]](#)

**rs229541:** Un locus de prédisposition pour le diabète de type 1 et la maladie cœliaque.  
[\[ PMID 19073967 \]](#) [\[ PMID 20854658 \]](#) [\[ PMID 21980299 \]](#)

**rs3788013:** Un facteur de risque pour l'auto-immunité des îlots de Langerhans et le diabète de type 1, ainsi que pour la maladie cœliaque, le lupus érythémateux disséminé et la polyarthrite rhumatoïde.  
[\[ PMID 19073967 \]](#) [\[ PMID 24367383 \]](#) [\[ PMID 25843625 \]](#)

**rs6441961:** Risque accru de maladie du gluten.  
[\[ PMID 19693089 \]](#) [\[ PMID 19542083 \]](#) [\[ PMID 22087237 \]](#)

**rs2040410:** L'un des deux polymorphismes (rs2040410 et rs7454108) qui déterminent le risque le plus élevé de diabète de type 1.  
[\[ PMID 18694972 \]](#) [\[ PMID 19143810 \]](#) [\[ PMID 19143815 \]](#)





## Diabète de type 2

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs9465871	TA	TT
rs10811661	TT	TT
rs12255372	GG	GG
rs12970134	AA	GG
rs7923837	AG	GG
rs4812829	GG	GG
rs10229583	AG	GG
rs4402960	TT	GG
rs5219	CC	CC
rs13266634	TC	CC
rs7903146	GG	CC
rs5215	TT	TT
rs7901695	TT	TT
rs1801282	GG	CC
rs1111875	AC	CC
rs2237892	CC	CC
rs9300039	GG	CC
rs8050136	AC	CC
rs5015480	TC	CC
rs17797882	CC	CC
rs2237897	CG	CC
rs4506565	AA	AA
rs11868035	AG	AA
rs4655595	GG	AA
rs4712523	AA	AA
rs10946398	TT	AA
rs7756992	AA	AA
rs1470579	CC	AA
rs3745367	CC	GG



rs1423096	CC	CC
rs6930576	AG	GG
rs2106294	TT	TT
rs3792615	AA	TT
rs9472138	TC	CC
rs649891	TT	TT
rs391300	TC	CC
rs10440833	AA	TT
rs7578597	TT	TT
rs6769511	CC	TT
rs6712932	CC	TT
rs10461617	GG	GG
rs472265	AG	AA
rs6426514	CG	GG
rs7636	GG	GG
rs7178572	GG	GG
rs10965250	CC	GG
rs7041847	AA	GG
rs7754840	GG	GG
rs9552911	GG	GG
rs7961581	TC	TT
rs4527850	TC	TT
rs7305618	CC	CC
rs16861329	GG	CC
rs7403531	GG	CC
rs6815464	CC	CC
rs896854	TT	CC
rs1387153	CC	CC
rs11165354	GG	CC
rs17053082	CC	CC
rs11642841	AC	CC
rs17584499	TT	CC



rs4607103	TC	CC
rs8090011	CG	CC
rs7560163	GG	CC
rs4457053	TT	AA
rs791595	GG	GG
rs17036101	AG	GG
rs4760790	AG	GG
rs7172432	GG	AA
rs515071	GG	GG
rs3802177	AG	GG
rs3923113	AA	AA
rs11708067	AA	AA
rs1861612	GG	AA
rs2383208	AA	AA
rs11634397	AG	AA
rs10906115	GG	AA
rs7630877	GG	GG
rs8042680	CC	AA
rs231362	AG	AA
rs163184	GG	TT
rs864745	CC	TT
rs4430796	TA	AA
rs243021	AA	GG
rs10814916	CC	AA
rs7578326	AG	AA
rs2283228	AA	AA
rs2028299	CC	AA
rs9470794	TC	TT
rs10886471	TT	CC
rs972283	AA	AA
rs849134	GG	AA
rs1531343	CC	GG



rs7593730	CC	TT
rs831571	CC	CC
rs3786897	GG	AA
rs1048886	AA	AA
rs642858	CG	GG
rs6718526	CC	CC
rs358806	GG	CC
rs7659604	TT	CC
rs9326506	TT	AA
rs12304921	AG	AA
rs1495377	GG	CC
rs2930291	CA	AA
rs2903265	CG	GG
rs2236513	AA	AA
rs6502618	TT	AA
rs1889018	AA	GG
rs2297508	CG	CC
rs2289116	CC	GG
rs741301	TT	TT
rs997509	CC	CC
rs2295490	TT	AA
rs7018475	GG	TT
rs9939609	TT	TT
rs1799999	GG	CC



Niveau de risque: élevé

**rs12970134:** Une variante commune de l'obésité près du gène MC4R est associée à une consommation plus élevée d'énergie totale et de graisses alimentaires, à un changement de poids, à une résistance à l'insuline et à un risque de diabète de type 2.

[ [PMID 18454146](#) ] [ [PMID 18697794](#) ] [ [PMID 19478790](#) ] [ [PMID 19822564](#) ] [ [PMID 20110568](#) ] [ [PMID 22869321](#) ] [ [PMID 24843659](#) ] [ [PMID 25239271](#) ] [ [PMID 26363598](#) ]



Ceci est un exemple de rapport.  
 Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

**rs4402960:** Un locus de risque de développer un diabète de type 2 ainsi qu'un risque accru de diabète gestationnel.

[ PMID 17463246 ] [ PMID 17463248 ] [ PMID 17827400 ] [ PMID 18430866 ] [ PMID 18461161 ] [ PMID 18544707 ] [ PMID 18782870 ] [ PMID 19323962 ] [ PMID 19460916 ] [ PMID 19602701 ] [ PMID 20862305 ]

**rs7903146:** Il s'agit de l'un des deux SNP du gène TCF7L2 qui ont été signalés comme étant fortement associés au diabète de type 2, l'autre étant le rs4506565. Ils ont à peu près la même puissance pour évaluer le risque de développer un diabète de type 2, et les résultats d'un test sont en corrélation avec l'autre dans 92 % des cas. Associé à une diminution de la sécrétion d'insuline, mesurée par la réponse aiguë à l'insuline, et à une augmentation du taux de production de glucose dans le foie.

[ PMID 16415884 ] [ PMID 16855264 ] [ PMID 16936215 ] [ PMID 16936217 ] [ PMID 17003358 ] [ PMID 17020404 ] [ PMID 17031610 ] [ PMID 17093941 ]

**rs1801282:** Variation du gène du récepteur gamma activé par les proliférateurs de peroxysomes sur la progression du diabète de type 2 et de l'obésité. Risque également plus élevé de maladies cardiovasculaires en cas d'alimentation riche en graisses saturées.

[ PMID 17213274 ] [ PMID 18091023 ] [ PMID 18598350 ] [ PMID 18694974 ] [ PMID 19020323 ]

**rs10946398:** Un nouveau locus de risque pour le développement du diabète de type 2.

[ PMID 17463246 ] [ PMID 18461161 ] [ PMID 20161779 ] [ PMID 20862305 ] [ PMID 24653947 ] [ PMID 29372795 ]

**rs3745367:** Le polymorphisme de la résistine RETN est associé à l'obésité et augmente la susceptibilité au diabète de type 2.

[ PMID 15517149 ] [ PMID 19074981 ] [ PMID 23203410 ]

**rs864745:** Un polymorphisme d'un seul nucléotide dans le gène JAZF1 est nominalement associé au diabète de type 2.

[ PMID 18372903 ] [ PMID 18567820 ] [ PMID 22113416 ]

**rs10886471:** La variante GRK5 est associée à l'efficacité du repaglinide chez les patients atteints de diabète de type 2.

[ PMID 22961080 ] [ PMID 29663513 ]



# Insuline

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs1801278	CC	CC
rs10830963	CC	CC
rs1044498	AC	AA
rs1799999	GG	CC
rs1169288	TA	AA
rs13266634	TC	CC
rs780094	TC	CC
rs2295490	TT	AA
rs1887922	TA	TT
rs7754840	GG	GG
rs689	TA	AA
rs1111875	AC	CC
rs4607103	TC	CC
rs7903146	GG	CC
rs12255372	GG	GG
rs1801282	GG	CC
rs2229765	AG	GG
rs7202877	TT	TT
rs6220	GG	AA
rs7255710	CG	GG
rs7254921	TC	CC
rs2059807	GG	GG
rs891088	AG	AA
rs7254487	TA	AA
rs17619048	TT	TT
rs10744901	TT	TT
rs487894	CC	TT
rs1517204	TA	TT
rs7342408	TT	TT



rs1400589	TA	TT
rs484659	TG	GG
rs4492895	GG	AA
rs1004361	GG	GG
rs7964607	GG	GG
rs7976621	AG	GG
rs7977174	TC	TT
rs816200	TC	TT
rs1501635	AT	TT
rs10431397	CG	CC
rs4304868	CC	CC
rs634264	GG	GG
rs12425296	AA	AA
rs10774926	AA	AA
rs30360	TG	TT
rs4698790	TT	GG
rs9787485	TC	CC
rs16891077	AG	GG



Niveau de risque: moyenne

**rs1799999:** Le polymorphisme généralisé des acides aminés est associé à la résistance à l'insuline et à l'hypersécrétion d'insuline.

[ [PMID 7581368](#) ] [ [PMID 26251103](#) ]

**rs2295490:** Rôle croissant de TRIB3 en tant que gène affectant la résistance humaine à l'insuline sur l'homéostasie du glucose en modifiant l'interaction entre la sensibilité à l'insuline et la sécrétion.

[ [PMID 18984671](#) ] [ [PMID 19139803](#) ] [ [PMID 20393693](#) ] [ [PMID 25447894](#) ]

**rs7903146:** Il s'agit de l'un des deux SNP du gène TCF7L2 qui ont été signalés comme étant fortement associés au diabète de type 2, l'autre étant le rs4506565. Ils ont à peu près la même puissance pour évaluer le risque de développer un diabète de type 2, et les résultats d'un test sont en corrélation avec l'autre dans 92 % des cas. Associé à une diminution de la sécrétion d'insuline, mesurée par la réponse aiguë à l'insuline, et à une augmentation du taux de production de glucose dans le foie.

[ [PMID 16415884](#) ] [ [PMID 16855264](#) ] [ [PMID 16936215](#) ] [ [PMID 16936217](#) ] [ [PMID 17003358](#) ] [ [PMID 17020404](#) ] [ [PMID 17031610](#) ] [ [PMID 17093941](#) ]

**rs1801282:** Variation du gène du récepteur gamma activé par les proliférateurs de peroxysomes sur la progression du diabète de type 2 et de l'obésité. Risque également plus élevé de maladies



cardiovasculaires en cas d'alimentation riche en graisses saturées.

[ PMID 17213274 ] [ PMID 18091023 ] [ PMID 18598350 ] [ PMID 18694974 ] [ PMID 19020323 ]

**rs6220:** Les polymorphismes génétiques impliqués dans la voie du facteur de croissance analogue à l'insuline (IGF) régulent le rapport de densité mammographique du sein

[ PMID 18064566 ] [ PMID 20302654 ]

**rs1044498:** Un polymorphisme (K121Q) de la région codant pour la glycoprotéine humaine PC-1 est étroitement associé à la résistance à l'insuline.

[ PMID 10480624 ] [ PMID 11739459 ] [ PMID 16865358 ] [ PMID 16968801 ] [ PMID 17704904 ]

**rs1169288:** La variation de la région du gène HNF1A affecte les niveaux de CRP. L'association entre la variante commune du gène HNF1A p.I27L (rs1169288) et le risque de développer un diabète sucré de type 2 dépend du poids.

[ PMID 18439552 ] [ PMID 21094359 ] [ PMID 24933231 ]

**rs13266634:** Le polymorphisme du gène SLC30A8 du transporteur de zinc est associé au diabète de type 2.

[ PMID 18162509 ] [ PMID 18210030 ] [ PMID 18400535 ] [ PMID 18628523 ] [ PMID 19590848 ] [ PMID 21810599 ] [ PMID 24757200 ] [ PMID 29093761 ]



Ceci est un exemple de rapport.

Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:

<https://tendna.com/pm0>



# Glaucome

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs1048661	CG	GG
rs28936694	CC	CC
rs16958445	GG	GG
rs893818	AA	GG
rs2165241	CC	CC
rs10483727	CC	TT
rs7865618	AG	GG
rs17373884	CC	CC
rs4297993	CC	CC
rs150936840	CC	CC
rs113695387	TA	AA
rs284489	GG	AA
rs162562	TT	TT
rs72549382	CG	CC
rs10916	AA	AA
rs235913	TG	GG
rs604864	TC	CC
rs8014087	CC	TT
rs2028377	TT	CC
rs862037	AA	GG
rs17784350	AA	AA
rs11101190	AA	AA
rs2244380	TT	TT
rs10796028	TT	TT
rs7961361	TG	GG
rs17512962	AG	GG
rs1440101	CG	GG
rs4886776	AA	GG
rs735860	CC	CC



rs2304721	CC	CC
rs3825942	CG	GG
rs8041685	GG	GG
rs4656461	AA	AA
rs893817	GG	AA
rs3213787	AA	AA
rs4977756	AG	AA
rs523096	AG	AA
rs7095146	CC	CC
rs2157719	TC	TT
rs12940030	TT	TT
rs7830	TG	GG
rs59072263	TG	GG
rs2070744	TC	CC
rs1056836	GG	GG
rs3132306	CC	TT
rs7555523	AA	CC
rs1536482	AA	GG
rs7037117	TA	AA



Niveau de risque: moyenne

**rs893818:** Le polymorphisme du gène LOXL1, un polymorphisme candidat pour le glaucome exfoliatif, est également associé au risque de développer un glaucome primaire à angle ouvert.

[ [PMID 24938310](#) ] [ [PMID 33396423](#) ] [ [PMID 34012228](#) ] [ [PMID 34726854](#) ]

**rs10483727:** Le variant commun GRCh38 est associé à une susceptibilité accrue à la dégénérescence du nerf optique (association avec le rapport vertical entre le calice et le disque optique) dans le glaucome.

[ [PMID 22570617](#) ] [ [PMID 22584021](#) ] [ [PMID 22605921](#) ] [ [PMID 27707548](#) ]

**rs284489:** La variante commune est associée à une susceptibilité accrue à la dégénérescence du nerf optique dans le glaucome.

[ [PMID 22570617](#) ] [ [PMID 23963167](#) ] [ [PMID 25171643](#) ] [ [PMID 28499933](#) ]

**rs7555523:** Une variante génétique associée à des risques différents de développer un glaucome à haute tension et un glaucome à tension normale.

[ [PMID 25711633](#) ] [ [PMID 26690118](#) ] [ [PMID 28721823](#) ] [ [PMID 33396423](#) ] [ [PMID 33726755](#) ]



**rs1536482:** Rupture liée à l'épaisseur de la cornée centrale de l'œil et au kératocône.  
[ PMID 22605921 ] [ PMID 23291589 ] [ PMID 28207827 ] [ PMID 29760442 ]

**rs1048661:** La variante du gène LOXL1 est associée au glaucome primaire à angle ouvert et au glaucome primaire à angle fermé, au glaucome exfoliatif et à la cataracte.  
[ PMID 17690259 ] [ PMID 18254956 ] [ PMID 18334928 ] [ PMID 18385788 ] [ PMID 18552979 ] [ PMID 18958304 ] [ PMID 20142848 ] [ PMID 21150032 ]

**rs7865618:** Une variante commune sur le chromosome 9p21 est associée au glaucome à tension normale.  
[ PMID 22428042 ] [ PMID 22792221 ] [ PMID 26690118 ] [ PMID 28721823 ] [ PMID 32509935 ]

**rs235913:** Association du gène MYOC avec le glaucome primaire à angle fermé.  
[ PMID 25268471 ] [ PMID 31456923 ]



## Insuffisance rénale

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs4293393	AA	GG
rs41273726	TT	TT
rs2467853	CG	GG
rs12917707	GG	GG
rs17319721	GG	GG
rs3814995	TC	CC
rs56071124	TA	TT
rs10948668	TT	TT
rs1321517	CG	CC
rs2182505	TC	CC
rs113633432	AA	AA
rs9296668	GG	AA
rs2973049	CC	CC
rs114812377	CG	CC
rs2216711	AA	AA
rs11084831	TG	GG
rs28939695	AC	CC
rs10409299	AG	AA
rs4927186	AA	GG
rs12472051	CA	AA
rs73017308	TA	TT
rs36025606	CC	CC
rs11961816	TA	AA
rs4977388	CG	GG
rs141052170	CG	GG
rs73206603	CG	GG
rs10404821	CC	CC
rs12647735	AC	CC
rs6997279	CG	GG



rs117897666	CC	CC
rs76262407	TA	AA
rs61277444	AA	AA
rs7562121	CG	GG
rs6027504	CC	TT
rs1989248	CG	GG
rs72809865	AC	CC



Niveau de risque: moyenne

**rs4293393:** Une rupture dans le gène UMOD est un gène majeur de prédisposition à l'insuffisance rénale terminale. Le gène affecte directement les niveaux d'uromoduline, le taux de filtration glomérulaire et l'augmentation de l'albuminurie.

[ [PMID 19959715](#) ] [ [PMID 22947327](#) ] [ [PMID 29578190](#) ] [ [PMID 31231424](#) ]

**rs2467853:** Un locus génétique associé aux scores de fonction rénale et à la maladie rénale chronique.

[ [PMID 19430482](#) ] [ [PMID 20383145](#) ] [ [PMID 23028791](#) ] [ [PMID 26776194](#) ] [ [PMID 29016630](#) ]

**rs3814995:** Le gène de la néphrine (NPHS1) est associé au syndrome néphrotique congénital résistant aux stéroïdes.

[ [PMID 9915943](#) ] [ [PMID 15086927](#) ] [ [PMID 20138859](#) ] [ [PMID 23349334](#) ]

**rs7562121:** Risque accru de maladie rénale diabétique.

[ [PMID 31231424](#) ]



## Varices

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs4151657	CC	TT
rs3025058	CG	CC
rs11121615	TC	CC
rs1799750	CG	CC
rs13155212	TC	TT
rs7704267	CG	CC
rs2911463	AA	AA
rs2861819	CG	CC
rs28558138	CG	GG
rs8053350	GG	GG
rs3101725	AT	TT
rs11135046	CG	GG
rs7773004	AA	AA
rs12625547	TA	TT
rs236597	CG	CC
rs7614922	TA	TT
rs73107980	CG	CC
rs7469817	CG	GG
rs2241173	AA	AA
rs816943	GG	AA
rs1061539	TA	TT
rs1549063	AA	AA
rs16828263	TA	TT
rs9719461	CG	CC
rs2263321	CG	GG
rs247749	TA	TT
rs75522736	TA	AA
rs553399706	CG	GG
rs62512472	AA	GG



rs584768	CG	GG
rs2089657	CG	CC
rs12594708	CG	CC
rs186005582	CG	CC
rs192647746	TA	AA
rs7856039	TA	TT
rs9880192	GG	GG
rs236530	TC	CC
rs2836405	AG	AA
rs1805087	AA	AA



Niveau de risque: moyenne

**rs4151657:** Des études suggèrent un lien entre la région génomique CFB et le risque de varices primaires.

[ [PMID 29551506](#) ]

**rs3025058:** Le polymorphisme du gène de la métalloprotéinase matricielle MMP3 est plus fréquent chez les patients souffrant de varices des extrémités inférieures.

[ [PMID 19508478](#) ] [ [PMID 28944430](#) ]

**rs11121615:** Un polymorphisme dans un gène impliqué dans l'inflammation et le développement des vaisseaux sanguins affecte le risque de varices.

[ [PMID 29660117](#) ] [ [PMID 31570750](#) ]

**rs1799750:** Le polymorphisme du gène de la métalloprotéinase matricielle MMP1 augmente le risque de varices des membres inférieurs.

[ [PMID 19508478](#) ] [ [PMID 28944430](#) ]

**rs13155212:** Le variant polymorphe rs13155212 du gène AGGF1 augmente le risque de varices des membres inférieurs.

[ [PMID 27704351](#) ]

**rs7704267:** Le variant polymorphe rs7704267 du gène AGGF1 augmente le risque de varices des membres inférieurs.

[ [PMID 27704351](#) ]



# Maladies des organes digestifs

## Hépatite

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs8099917	GG	TT
rs11697186	AA	AA
rs9277535	AA	AA
rs12980275	GG	GG
rs7756516	TT	TT
rs9276370	TT	TT
rs1127354	CC	CC
rs3077	AA	AA
rs7453920	GG	GG
rs738409	CG	CC
rs7270101	AC	AA
rs8103142	TA	TT
rs2856718	TT	CC
rs11725957	CG	GG
rs2254135	TT	TT
rs17067123	CC	CC
rs12979860	TT	CC
rs10789491	GG	GG
rs16864968	TA	AA
rs9366816	TC	TT
rs1946518	GG	GG
rs8105790	TA	TT
rs187238	CG	CC
rs7224000	AA	AA







Niveau de risque: moyenne

**rs8099917:** Le polymorphisme majeur rs8099917 du gène IL28B prédit les résultats du traitement chez les patients infectés par le virus de l'hépatite C. Il est associé à l'inefficacité du traitement à l'interféron alpha et à la ribavirine dans l'hépatite C chronique. Cependant, il existe des cas connus de guérison spontanée de l'hépatite C chez des porteurs de ce défaut.

[ PMID 19749758 ] [ PMID 20708617 ] [ PMID 21346780 ] [ PMID 21354446 ] [ PMID 21613433 ] [ PMID 22387386 ] [ PMID 28224025 ] [ PMID 28703131 ]

**rs2856718:** Les polymorphismes HLA-DQB1 sont associés à la susceptibilité à l'hépatite B chronique.

[ PMID 24976707 ] [ PMID 27123247 ] [ PMID 27795724 ] [ PMID 33334325 ]

**rs12979860:** Une variante du gène codant pour l'interféron-lambda-4 (IFN-lambda-4) prédit l'élimination du virus induite par le traitement de l'hépatite C. Il est associé à un changement d'environ deux fois dans la réponse au traitement par interféron-alpha pégylé (PEG-IFN-alpha) en association avec la ribavirine (RBV).

[ PMID 19684573 ] [ PMID 20176026 ] [ PMID 20389235 ] [ PMID 20637200 ] [ PMID 21447862 ]

**rs738409:** Le polymorphisme rs738409 du PNPLA3 est associé au risque de lésions hépatiques et au développement de la stéatose hépatique non alcoolique. Il influence la progression de la fibrose et de la stéatose dans l'hépatite C chronique.

[ PMID 19224197 ] [ PMID 20546964 ] [ PMID 21236304 ] [ PMID 21488075 ]

**rs7270101:** La variante du gène ITPA protège contre l'anémie hémolytique induite par la ribavirine et réduit la nécessité de réduire la dose de ribavirine dans le traitement du virus de l'hépatite C.

[ PMID 20547162 ] [ PMID 20637204 ] [ PMID 22118055 ] [ PMID 22584257 ] [ PMID 24659876 ]

**rs8103142:** La variabilité génétique de l'IL28B est associée à l'élimination spontanée du VHC, à la réponse au traitement et aux taux sanguins d'IL-28B.

[ PMID 19749757 ] [ PMID 22649509 ] [ PMID 23109451 ] [ PMID 24696021 ]

**rs9366816:** Les polymorphismes influencent le risque d'infection par le virus de l'hépatite B.

[ PMID 24940741 ] [ PMID 27795724 ] [ PMID 29404438 ] [ PMID 31475028 ]



## Maladie de Crohn

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs17234657	TT	TT
rs1004819	AG	GG
rs11209026	GG	AA
rs10758669	AA	AA
rs2066845	GG	GG
rs2066847	CG	GG
rs4958847	CG	GG
rs2542151	TT	TT
rs13361189	TC	TT
rs10181042	TC	CC
rs16967103	TT	TT
rs4409764	TG	GG
rs12521868	GG	GG
rs17309827	TA	TT
rs2284553	AG	GG
rs10486483	GG	GG
rs181359	GG	GG
rs2188962	CC	CC
rs7517810	TC	CC
rs6545946	TC	CC
rs2301436	CC	CC
rs2274910	CC	CC
rs3091338	CC	CC
rs713875	CC	CC
rs5743289	CC	CC
rs2413583	CC	CC
rs10210302	TC	CC
rs11574514	CC	CC
rs1819658	CC	CC



rs17221417	GC	CC
rs415890	GG	GG
rs9348876	CC	CC
rs10761659	AA	AA
rs13073817	AG	GG
rs9286879	AG	AA
rs2902440	CG	GG
rs744166	AG	AA
rs1373692	CC	AA
rs7554511	AC	CC
rs9469220	AA	AA
rs762421	AA	AA
rs13428812	AA	AA
rs7714584	AG	AA
rs1456896	TT	TT
rs6856616	TC	TT
rs9988642	TT	TT
rs751728	TC	CC
rs12677663	TT	TT
rs11229030	TC	TT
rs10801047	TT	TT
rs4613763	TT	TT
rs11465804	TT	TT
rs736289	TT	TT
rs7765379	TT	TT
rs17582416	TT	TT
rs3897478	TT	TT
rs7517847	TT	TT
rs1343151	GG	GG
rs3197999	AA	GG
rs7746082	CG	GG
rs6738825	AG	GG



rs9491697	GG	AA
rs504963	AG	GG
rs1551398	AA	GG
rs3091316	AG	GG
rs281379	AG	GG
rs76418789	GG	GG
rs9858542	CG	GG
rs4871611	AA	GG
rs2872507	AG	GG
rs12994997	AG	GG
rs6837335	AG	GG
rs11564258	GG	GG
rs13003464	AG	AA
rs13126505	GG	GG
rs3792109	AG	GG
rs4263839	GG	GG
rs3024505	GG	GG
rs1728918	AG	GG
rs17293632	CC	CC
rs11190140	TC	CC
rs6651252	TT	TT
rs9292777	TT	CC
rs7423615	CC	CC
rs2549794	TC	TT
rs6478106	CC	CC
rs2797685	CC	CC
rs11742570	CC	TT
rs11584383	TC	TT
rs12035082	CG	CC
rs102275	TC	CC
rs11195128	CC	CC
rs9267911	TC	TT



rs2836754	CC	TT
rs10889677	AC	CC
rs359457	CC	CC
rs9258260	TC	CC
rs151181	CC	TT
rs7927997	TC	CC
rs8005161	CC	CC
rs3094188	CC	AA
rs1000113	TC	CC
rs11805303	TC	CC
rs10495903	CC	CC
rs4077515	TC	CC
rs11209002	CG	CC
rs7927894	CG	CC
rs3810936	TC	CC
rs212388	TC	CC
rs12663356	TC	TT
rs10883365	AG	AA
rs4902642	AG	GG
rs6556412	AG	GG
rs740495	AA	AA
rs7076156	AG	GG
rs1869839	AA	AA
rs4809330	AG	GG
rs2058660	AA	AA
rs1847472	AC	CC
rs1250550	AC	CC
rs11167764	CC	CC
rs12720356	AC	AA
rs10045431	CC	CC
rs9891119	AC	AA
rs3764147	GG	AA



rs2241880	AG	AA
rs12242110	AA	AA
rs2838519	AA	AA
rs2076756	TA	AA
rs1893217	AA	AA
rs3828309	AG	AA
rs11747270	AG	AA
rs10734105	AG	AA
rs11465802	AA	AA
rs7329174	AA	AA
rs2945412	AG	AA
rs2201841	AG	AA
rs3091315	AG	AA
rs6568421	AG	AA
rs7702331	GG	AA
rs17695092	TG	GG
rs1736135	TC	TT
rs6908425	TC	CC
rs10995271	GG	GG
rs11175593	CC	CC
rs1487630	CC	CC
rs2024092	GG	GG
rs1736020	AC	CC
rs7705924	AA	AA
rs1998598	AG	AA
rs1456893	AA	AA
rs2066844	CC	CC
rs272869	AA	GG
rs2111234	AA	AA
rs10512734	AA	AA
rs10883371	CA	AA
rs8057341	GG	GG



rs2066842	TC	CC
rs11647841	AG	GG
rs1398024	TG	GG
rs274551	CG	CC
rs6596075	CC	GG
rs7753394	TC	TT
rs224136	CC	CC
rs1736148	TC	TT
rs11362	TC	CC
rs1793004	GG	GG
rs1992660	TT	CC
rs1992662	AA	AA
rs1128535	AC	CC
rs12567232	CG	GG
rs6669582	AA	AA
rs11894081	TT	TT
rs10789230	TG	GG
rs11209003	CG	GG
rs5743272	AA	AA
rs419291	TT	CC



Niveau de risque: moyenne

**rs11209026:** Association de la variante rs11209026 du gène du récepteur de l'interleukine-23 avec la maladie de Crohn chez l'enfant.

[ [PMID 17618837](#) ] [ [PMID 17894849](#) ] [ [PMID 18470928](#) ] [ [PMID 20192940](#) ] [ [PMID 31728561](#) ]

**rs1004819:** rs1004819 est la principale variante de l'IL23R associée à la maladie de Crohn à début précoce.

[ [PMID 17786191](#) ] [ [PMID 18047539](#) ] [ [PMID 20380008](#) ]

**rs2066847:** Une rupture du gène NOD2 multiplie par 3 à 35 le risque de maladie de Crohn.

[ [PMID 25365249](#) ]

**rs4958847:** Un polymorphisme de délétion associé à une altération de l'expression de l'IRGM et à la maladie de Crohn. Risque de maladie de Crohn multiplié par 2,6.

[ [PMID 18438406](#) ] [ [PMID 19165925](#) ]



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

**rs13361189:** Le polymorphisme IRGM rs13361189 pourrait contribuer à la susceptibilité à la maladie de Crohn.

[ [PMID 18580884](#) ] [ [PMID 20106866](#) ] [ [PMID 25009628](#) ]

**rs3792109:** La perturbation de la transmission du gène de risque ATG16L1 de la maladie de Crohn entraîne des différences entre les sexes dans l'association de la maladie.

[ [PMID 21618365](#) ]





# Pancréatite

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs111033565	GG	GG
rs17107315	TT	TT
rs111033566	TA	AA
rs193922659	CG	GG
rs12688220	TC	CC
rs11319	GG	GG
rs4705202	GG	GG
rs11548596	CG	GG
rs928302	CC	CC
rs5751901	TT	TT
rs10273639	CC	TT
rs5751902	TT	CC
rs121909293	CC	CC
rs213950	AG	GG
rs225320	GG	GG
rs10436957	GG	GG
rs121909294	GG	GG
rs144422014	AA	AA



Niveau de risque: moyenne

**rs10273639:** Les variantes PRSS1-PRSS2 codant pour la trypsine influencent le risque de pancréatite liée à l'asparaginase.

[ [PMID 30467200](#) ] [ [PMID 31163246](#) ]

**rs111033566:** Un nouveau trypsinogène cationique (PRSS1) est à l'origine d'une pancréatite héréditaire autosomique dominante.

[ [PMID 11719509](#) ] [ [PMID 11788572](#) ] [ [PMID 22379635](#) ]

**rs193922659:** Des variantes d'un peptide de signalisation qui perturbe la sécrétion de l'inhibiteur de la trypsine sécrétoire pancréatique (SPINK1) provoquent une pancréatite héréditaire autosomique dominante.

[ [PMID](#) ]



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

**rs12688220:** Une variante commune du gène MORC4 explique la prédisposition à la maladie chez les patients atteints de pancréatite chronique.

[ [PMID 25253127](#) ] [ [PMID 26820620](#) ] [ [PMID 31163246](#) ]



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

# Thrombose

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs5361	TG	TT
rs1799963	GG	GG
rs6025	CC	CC
rs268	AA	AA
rs2066865	AG	GG
rs2289252	CC	CC
rs1613662	AA	AA
rs2227589	CC	CC
rs1800595	TT	TT
rs6048	AA	GG
rs2036914	CC	CC
rs13146272	AC	AA
rs12343867	TA	TT
rs4524	CC	TT
rs670659	CG	CC
rs3756008	AA	AA
rs710446	TC	TT
rs201381904	CG	CC
rs657152	CG	CC
rs2288904	AG	AA
rs138925964	CC	CC
rs137852283	GG	GG
rs7080536	GG	GG
rs6427196	GG	CC
rs6046	GG	GG
rs4851770	TA	TT
rs2842700	CG	CC
rs1867312	AA	AA
rs7585314	TC	CC



rs13084580	CC	CC
rs6795524	AA	AA
rs2066864	CG	GG
rs4253417	TA	TT
rs4253421	CG	GG
rs4869589	GG	GG
rs16867574	TA	TT
rs2074492	CG	CC
rs9373523	CG	GG
rs7739314	AA	AA
rs10087301	CG	GG
rs4734879	CG	GG
rs4541868	CG	CC
rs8176749	CC	CC
rs687289	CG	GG
rs2519093	CG	CC
rs9411377	N/A	CC
rs579459	TT	TT
rs10886430	AA	AA
rs3136516	AA	AA
rs191945075	CG	GG
rs174536	AC	CC
rs216311	CG	CC
rs1558519	AA	AA
rs216296	TA	AA
rs2851436	AA	TT
rs12824685	AT	TT
rs3211752	AA	AA
rs57328376	TA	AA
rs12445050	CG	CC
rs1048483	CC	CC
rs4548995	AC	CC



rs1671135	AC	CC
rs1654425	AT	TT
rs6083037	TA	TT
rs6088735	AC	CC
rs867186	AA	AA
rs10747514	GG	GG
rs9607928	CG	CC
rs3002417	CG	CC
rs7051718	CG	CC
rs143478537	CG	CC



Niveau de risque: moyenne

**rs5361:** "Le variant rs5361 Ser128Arg de ce gène, connu sous le nom de E-sélectine, est associé à plusieurs troubles thrombotiques. Les porteurs homozygotes de rs5361(CC) ont un risque quatre fois plus élevé de thromboembolie veineuse récurrente ; les porteurs hétérozygotes n'ont pas de risque accru." [\[ PMID 19263529 \]](#)

**rs2066865:** La variabilité génétique du gène FGG du fibrinogène-gamma augmente le risque de thrombose veineuse profonde en réduisant les niveaux de fibrinogène-gamma dans le plasma. [\[ PMID 16144795 \]](#) [\[ PMID 17445871 \]](#) [\[ PMID 31484330 \]](#)

**rs12343867:** L'haplotype JAK2 46/1 confère une prédisposition à la thrombocytémie essentielle. [\[ PMID 19847198 \]](#) [\[ PMID 19922437 \]](#)

**rs201381904:** Un risque 10 fois plus élevé de thromboembolie veineuse chez les porteurs de rs201381904(T) malgré des niveaux normaux d'antithrombine et d'activité anticoagulante. [\[ PMID \]](#)

**rs2288904:** La variante SLC44A2 rs2288904 est associée au risque de thromboembolie veineuse récurrente. [\[ PMID 30634167 \]](#)



# Troubles mentaux

## Schizophrénie

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs6277	CG	GG
rs1006737	AA	GG
rs6675281	CC	CC
rs6603272	TA	TT
rs2910032	TC	TT
rs11995572	CG	GG
rs833497	TT	TT
rs4687552	TT	CC
rs2949006	GG	GG
rs947267	TA	TT
rs1538774	CG	CC
rs6878284	TC	TT
rs2373000	CC	CC
rs6461049	TC	CC
rs4801131	TC	CC
rs4950928	CC	CC
rs4129585	AC	CC
rs11225703	TC	CC
rs778371	AG	AA
rs7085104	AG	GG
rs3738401	CG	GG
rs171748	AG	GG
rs165599	AA	AA
rs7940866	AA	AA
rs12991836	AC	AA
rs4938445	AG	GG
rs9268895	AA	AA
rs855050	AA	GG



rs6932590	TC	CC
rs13194053	TT	CC
rs9272219	TT	TT
rs302719	TT	TT
rs16897515	CC	AA
rs10275045	TC	CC
rs1783925	AA	AA
rs36563	TG	GG
rs1411771	TC	CC
rs2812385	TG	TT
rs6541290	CC	CC
rs3738402	CC	CC
rs16854957	CC	CC
rs821722	GG	AA
rs2793093	GG	GG
rs9431714	AG	GG
rs2356606	AG	AA
rs967244	AG	AA
rs1073179	AG	AA
rs9663054	AA	AA
rs1417866	TA	AA
rs7221595	AT	TT
rs114002140	CG	GG
rs1198588	TA	AA
rs10789369	AG	GG
rs17504622	CC	CC
rs14403	CC	TT
rs11532322	CG	GG
rs10790212	TC	CC
rs175174	AG	AA
rs1800532	CG	GG
rs310762	TC	TT



rs795009	TA	TT
rs751229	AA	AA
rs497768	CG	GG
rs839523	CC	CC
rs7598440	TC	ĐjĐj
rs707284	CC	TT
rs27388	AG	GG
rs2270641	TA	TT
rs17101921	GG	GG
rs2024513	CG	GG
rs2159100	TT	CC
rs4129148	GG	GG
rs28694718	CG	CC
rs6422441	TA	TT
rs17883192	CG	GG
rs1801028	GG	GG
rs2848745	CG	GG
rs17651507	TA	AA
rs2499846	CG	GG
rs4958803	CG	CC
rs2053149	TA	TT
rs7582658	AG	AA
rs2119783	TC	TT
rs3131296	CC	AA
rs2312147	CC	TT
rs9960767	AA	AA
rs1502844	TC	TT
rs1572299	TT	GG
rs17512836	TT	TT
rs10503253	CC	CC
rs7004633	AG	GG
rs11191580	TT	CC





rs12966547	AG	AA
rs1625579	TT	CC
rs17662626	AA	GG
rs2905424	TC	CC
rs2437896	TT	CC



Niveau de risque: moyenne

**rs1006737:** Un polymorphisme du gène du canal calcique dépendant du potentiel CACNA1C est associé au risque de trouble bipolaire, de schizophrénie et d'autres troubles psychiatriques.

[ [PMID 18711365](#) ] [ [PMID 19358880](#) ] [ [PMID 20098439](#) ]

**rs2312147:** Une méta-analyse et des données d'imagerie cérébrale confirment l'implication de VRK2 (rs2312147) dans la susceptibilité à la schizophrénie.

[ [PMID 23102693](#) ] [ [PMID 27382989](#) ]

**rs1625579:** Le génotype à risque MIR137HG rs1625579 est associé au volume du corps calleux dans la schizophrénie.

[ [PMID 26123324](#) ] [ [PMID 27095331](#) ] [ [PMID 31586698](#) ]

**rs6277:** Associé à un risque de schizophrénie multiplié par 1,6.

[ [PMID 18255274](#) ] [ [PMID 19158809](#) ] [ [PMID 19197363](#) ] [ [PMID 21981786](#) ]

**rs6603272:** Le polymorphisme du récepteur de l'interleukine 3 est associé à la schizophrénie, avec un rapport de risque de 2,74.

[ [PMID 18547720](#) ] [ [PMID 19281803](#) ]

**rs947267:** La variation génétique du gène DAOA est associée à la schizophrénie et au trouble bipolaire.

[ [PMID 18023149](#) ] [ [PMID 19586533](#) ] [ [PMID 28285246](#) ] [ [PMID 30719257](#) ]

**rs1800532:** L'haplotype du gène de la tryptophane hydroxylase (TPH1) est associé à un risque accru de schizophrénie et de tendances suicidaires.

[ [PMID 19911060](#) ] [ [PMID 27037949](#) ] [ [PMID 30789538](#) ]

**rs2270641:** Une rupture du gène SLC18A1, transporteur vésiculaire de la monoamine, multiplie par 3,7 le risque de schizophrénie.

[ [PMID 16936705](#) ] [ [PMID 17134514](#) ]



# Autisme

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs1858830	CG	GG
rs7794745	AA	AA
rs4307059	CC	CC
rs2710102	AA	AA
rs10513025	TC	TT
rs1804197	CC	CC
rs4532	CC	TT
rs914232	CC	TT
rs3751582	TC	TT
rs53576	GG	GG
rs2254298	CG	GG
rs2268491	CC	CC
rs1487278	TA	TT
rs3746544	TT	GG
rs686	GG	AA
rs265981	AA	GG
rs6766410	AC	CC
rs2217262	AA	AA
rs1143674	CG	GG
rs2745557	CG	GG
rs6807362	CG	CC
rs373126732	AA	AA
rs184718561	CG	CC
rs757972971	CG	GG
rs2056202	TA	TT
rs25531	TA	TT
rs171748	AG	GG
rs11191580	TT	CC
rs211037	CC	CC



rs28914829	CG	GG
rs6314	GG	GG
rs6313	AA	GG
rs1042714	GG	CC
rs1079597	CC	CC
rs167771	AG	AA



Niveau de risque: moyenne

**rs4532:** Affecte les récepteurs D1 de la dopamine associés aux troubles du spectre autistique.  
[ [PMID 18205172](#) ]

**rs914232:** Le polymorphisme du gène SLC19A1/RFC1 est associé aux troubles du spectre autistique.  
[ [PMID 27213354](#) ]

**rs3746544:** Une variation de l'ADN dans le gène SNAP25 augmente le risque de TDAH et est associée à une diminution de l'expression dans le cortex préfrontal.  
[ [PMID 22224195](#) ] [ [PMID 23593184](#) ] [ [PMID 23872233](#) ]

**rs6313:** Les polymorphismes du TPH-2 affectent la réponse au traitement par les antidépresseurs et les ISRS.  
[ [PMID 19184136](#) ] [ [PMID 19197363](#) ] [ [PMID 21172166](#) ] [ [PMID 25108775](#) ] [ [PMID 27091189](#) ] [ [PMID 27445478](#) ] [ [PMID 27521242](#) ] [ [PMID 32819202](#) ]

**rs1042714:** Des études ont montré un risque accru de polymorphisme avec l'autisme. Le rapport de cotes était de 1,33 à 1,60. Le risque était environ deux fois plus élevé chez les mères qui présentaient des marqueurs cliniques de stress lié à la grossesse. La répartition a également indiqué une prédisposition au syndrome métabolique, à l'obésité et un risque accru d'asthme bronchique.  
[ [PMID 9275150](#) ] [ [PMID 14557466](#) ] [ [PMID 15867853](#) ] [ [PMID 16935688](#) ] [ [PMID 17199132](#) ] [ [PMID 17512307](#) ]

**rs1858830:** Associé à un risque d'autisme multiplié par deux d'après les recherches. Responsable de l'altération de la signalisation MET corticale dans les troubles du spectre autistique.  
[ [PMID 17053076](#) ] [ [PMID 19681062](#) ] [ [PMID 17696172](#) ] [ [PMID 20615438](#) ]

**rs10513025:** Une étude de cartographie de liaison a montré que le gène rs10513025 est associé à l'autisme et que son expression est réduite dans le cerveau des patients autistes.  
[ [PMID 22739633](#) ]

**rs3751582:** GABRB3, un gène candidat pour les troubles du spectre autistique.  
[ [PMID 24999380](#) ]



## TDAH (trouble déficitaire de l'attention avec hyperactivité)

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs3746544	TT	GG
rs27072	CC	CC
rs1800544	TA	TT
rs6296	CC	CC
rs6265	CC	CC
rs1843809	TT	TT
rs1412005	TG	GG
rs11074889	AG	GG
rs3785143	CG	CC
rs4747989	CC	CC
rs7224199	TA	TT
rs28914829	CG	GG
rs11657536	GG	GG
rs140700	CC	CC
rs2066713	GG	GG
rs2020933	AA	AA
rs752306	CC	CC
rs7722425	TT	CC
rs11903187	AG	GG
rs1515641	CG	GG
rs4810796	CG	GG
rs10463832	CG	CC
rs12613775	TC	CC
rs12513840	AA	GG
rs910191	GG	GG
rs9512900	TC	TT
rs10229603	TC	TT
rs789560	TG	TT
rs6733379	TG	TT



rs2764980	AA	GG
rs4533251	GG	GG
rs1521882	AG	GG
rs10492664	TA	TT
rs7236632	AA	GG
rs460000	GG	GG
rs6347	TT	TT
rs2617605	CC	TT
rs28363168	CG	CC
rs6869645	CC	CC
rs2042449	AG	GG
rs11568817	TA	AA
rs130060	AA	AA
rs363043	TT	CC
rs363050	CG	GG
rs363039	AG	GG
rs363020	AA	AA
rs6314	GG	GG
rs1611115	CC	CC
rs6332	AA	GG
rs1801260	AG	AA
rs1125394	TA	TT
rs4436578	TA	TT
rs1799978	TT	TT
rs4460839	TA	TT
rs4648317	GG	GG
rs6277	CG	GG
rs12363125	TC	CC
rs2440390	CG	CC
rs11214606	CC	CC
rs1079597	CC	CC
rs2283265	AC	CC



rs1800499	CG	CC
rs2734833	AG	GG
rs2734838	AG	AA
rs1076563	AA	AA
rs12364283	AA	AA
rs5569	GG	GG
rs1108580	AG	AA
rs6565113	CG	GG
rs552655	AT	TT
rs550818	TA	AA
rs998424	CG	GG
rs11564750	CG	GG
rs2652511	CA	AA
rs1051312	TC	TT
rs362987	CC	AA



Niveau de risque: moyenne

**rs3746544:** Une variation de l'ADN dans le gène SNAP25 augmente le risque de TDAH et est associée à une diminution de l'expression dans le cortex préfrontal.  
[\[ PMID 22224195 \]](#) [\[ PMID 23593184 \]](#) [\[ PMID 23872233 \]](#)

**rs3785143:** Une variante d'un allèle protecteur rare dans le gène du transporteur de la norépinéphrine entraîne un risque de trouble déficitaire de l'attention avec hyperactivité.  
[\[ PMID 17876324 \]](#) [\[ PMID 18937296 \]](#) [\[ PMID 18937309 \]](#) [\[ PMID 19698724 \]](#) [\[ PMID 20159345 \]](#)

**rs7224199:** Relation avec la dépression majeure et la réponse aux antidépresseurs. Le polymorphisme est associé à la réponse aux inhibiteurs sélectifs de la recapture de la sérotonine et de la sérotonine-norépinéphrine dans les troubles dépressifs.  
[\[ PMID 19844206 \]](#) [\[ PMID 26674707 \]](#)

**rs28914829:** Un polymorphisme dans le locus du transporteur de la sérotonine (SLC6A4) prédispose à l'autisme et aux comportements rigides compulsifs.  
[\[ PMID 15995945 \]](#)

**rs11568817:** Les polymorphismes fonctionnels du gène du récepteur de la sérotonine HTR1B prédisent une augmentation de la colère et de l'hostilité.  
[\[ PMID 19350534 \]](#) [\[ PMID 25658328 \]](#)

**rs1125394:** Le polymorphisme DRD2 module le traitement de la récompense et des émotions, la neurotransmission de la dopamine et l'ouverture à l'expérience.  
[\[ PMID 22424959 \]](#)



**rs4436578:** Le gène du récepteur D2 de la dopamine est associé à la prise de poids chez les patients schizophrènes traités à long terme par des neuroleptiques.

[ [PMID 20375926](#) ] [ [PMID 21185230](#) ] [ [PMID 27853387](#) ]

**rs6277:** Associé à un risque de schizophrénie multiplié par 1,6.

[ [PMID 18255274](#) ] [ [PMID 19158809](#) ] [ [PMID 19197363](#) ] [ [PMID 21981786](#) ]



## Démence

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs5848	CG	CC
rs8070723	AA	AA
rs9268856	CC	CC
rs17125944	TT	TT
rs1476679	TT	TT
rs10498633	GG	GG
rs10792832	AG	GG
rs9969729	GG	GG
rs9331896	CC	CC
rs35349669	CC	CC
rs3865444	AA	CC
rs6733839	TC	CC
rs4676049	CC	CC
rs6859	AG	AA
rs190982	AG	GG
rs4937314	AA	AA
rs6656401	GG	GG
rs983392	AG	AA
rs11983798	AG	GG
rs6468852	AG	AA
rs744373	AA	AA
rs2075650	AA	AA
rs9271192	AA	AA
rs10948363	AA	AA
rs12947764	TA	TT
rs242557	CG	GG
rs3785885	CG	GG
rs4647698	CG	CC
rs1799724	TC	CC





rs190788828	TA	AA
rs115550680	AA	AA



Niveau de risque: moyenne

**rs3865444:** Association du polymorphisme CD33 rs3865444 avec la pathologie de la maladie d'Alzheimer et l'expression du CD33 dans le cortex cérébral humain.

[ [PMID 23708142](#) ] [ [PMID 25448602](#) ] [ [PMID 26933222](#) ] [ [PMID 35888182](#) ]

**rs5848:** Une variation commune du gène GRN est un facteur de risque majeur pour la démence frontale-temporale TDP43.

[ [PMID 18723524](#) ] [ [PMID 19640594](#) ] [ [PMID 20711061](#) ]

**rs242557:** Des niveaux élevés de tau cérébrospinale sont associés à la variante génétique rs242557 et à un risque élevé de maladie de Parkinson et d'Alzheimer.

[ [PMID 19308965](#) ] [ [PMID 19912324](#) ] [ [PMID 20951764](#) ] [ [PMID 26303052](#) ]

**rs1799724:** Polymorphisme rs1799724 du gène du facteur de nécrose tumorale alpha dans la maladie d'Alzheimer.

[ [PMID 11273064](#) ] [ [PMID 33226368](#) ]



## Troubles obsessionnels compulsifs (TOC)

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs25532	AA	AA
rs16965628	CG	GG
rs1176713	AA	AA
rs3780412	TA	TT
rs2228622	AG	GG
rs890	TA	TT
rs301443	GC	GG
rs25531	TA	TT
rs1805476	GG	GG
rs3780413	CG	GG
rs4565946	TT	CC
rs6265	CC	CC
rs7997012	GG	AA
rs3737193	AA	AA
rs1232487	CC	CC
rs3177118	GG	GG
rs116567227	CG	GG
rs1805088	CG	CC
rs10835210	AA	CC
rs9652236	GG	GG
rs10974587	TC	TT
rs10974584	TC	TT
rs3776512	GG	GG
rs460000	GG	GG
rs3780415	TC	TT
rs27072	CC	CC
rs7022772	CC	CC
rs28363168	CG	CC
rs7848533	AC	CC



rs3087879	CG	GG
rs2617605	CC	TT
rs16921385	AG	AA
rs10879346	CC	CC
rs4460839	TA	TT
rs301430	TC	TT
rs7298664	TT	TT
rs1125394	TA	TT
rs737866	TT	TT
rs1843809	TT	TT
rs1799913	TT	GG
rs61888800	CG	GG
rs7224199	TA	TT
rs5993883	TG	TT
rs9325202	GG	GG
rs6277	CG	GG
rs35815285	CG	GG
rs4648317	GG	GG
rs769224	GG	GG
rs2039290	CG	GG
rs6313	AA	GG
rs6314	GG	GG
rs1081003	CG	GG
rs6305	CG	GG
rs56232120	CG	GG
rs28914829	CG	GG
rs3773678	AG	GG
rs4764011	CG	GG
rs9316232	GG	GG
rs4680	AG	GG
rs6267	GG	GG
rs1928040	CG	GG



rs12579598	CG	GG
rs11657536	GG	GG
rs2160734	TC	CC
rs10814991	TC	CC
rs9567737	TT	CC
rs2268102	CC	CC
rs7124442	TT	TT
rs6296	CC	CC
rs2283265	AC	CC
rs4742007	CC	CC
rs9332377	CC	CC
rs165631	CG	CC
rs10748189	CG	CC
rs9332316	CC	CC
rs17834128	CG	CC
rs1062613	TT	CC
rs11214606	CC	CC
rs1806202	CG	CC
rs2300252	CC	CC
rs17110563	CC	CC
rs6311	TT	CC
rs140700	CC	CC
rs10499905	AC	CC
rs28371725	CC	CC
rs10232398	AG	AA
rs12583882	AA	AA
rs676643	CG	GG
rs220597	AG	GG
rs1805502	AG	AA
rs1568214	GG	GG
rs849876	AA	AA
rs2734838	AG	AA



rs2066713	GG	GG
rs1019385	AC	CC
rs211107	AA	CC
rs737865	AA	AA
rs7297761	AA	AA
rs167771	AG	AA
rs3742278	AA	AA
rs2150195	GG	GG
rs9824856	TA	AA
rs297941	GG	GG
rs1057519438	CG	CC
rs9499708	TC	TT
rs4570625	GG	GG



Niveau de risque: moyenne

**rs7997012:** Associations du gène HTR2A du récepteur de la sérotonine avec le trouble bipolaire et le trouble dépressif majeur.

[ [PMID 19428704](#) ] [ [PMID 24885933](#) ] [ [PMID 30178121](#) ]

**rs1799913:** Variantes du gène de la tryptophane hydroxylase impliquées dans le développement et le traitement de la dépendance aux opiacés, à l'héroïne et à la cocaïne.

[ [PMID 18181017](#) ] [ [PMID 20201854](#) ] [ [PMID 26227246](#) ] [ [PMID 28590957](#) ]

**rs6313:** Les polymorphismes du TPH-2 affectent la réponse au traitement par les antidépresseurs et les ISRS.

[ [PMID 19184136](#) ] [ [PMID 19197363](#) ] [ [PMID 21172166](#) ] [ [PMID 25108775](#) ] [ [PMID 27091189](#) ] [ [PMID 27445478](#) ] [ [PMID 27521242](#) ] [ [PMID 32819202](#) ]

**rs1062613:** Réactivation de la peur et symptômes de l'état de stress post-traumatique lié au combat : spécificité et étude préliminaire de l'effet du gène du récepteur 5-HT3A.

[ [PMID 35413654](#) ]

**rs6311:** Facteurs génétiques spécifiques aux troubles obsessionnels compulsifs.

[ [PMID 25017045](#) ] [ [PMID 26616111](#) ] [ [PMID 28576508](#) ] [ [PMID 29331882](#) ] [ [PMID 29785111](#) ]

**rs16965628:** Un polymorphisme génétique du gène du transporteur de la sérotonine, SLC6A4 rs16965628, est associé aux troubles obsessionnels compulsifs.

[ [PMID 18055562](#) ] [ [PMID 25751280](#) ]

**rs3780412:** Association du gène SLC1A1 du transporteur de glutamate avec les symptômes obsessionnels compulsifs atypiques induits par les neuroleptiques.

[ [PMID 16818867](#) ] [ [PMID 17894418](#) ] [ [PMID 19349310](#) ] [ [PMID 19884611](#) ] [ [PMID 22531293](#) ] [ [PMID 30661718](#) ] [ [PMID 33574671](#) ]



**rs2228622:** Association entre le gène SLC1A1 et l'apparition précoce de troubles obsessionnels compulsifs.

[ PMID 17894418 ] [ PMID 19884611 ] [ PMID 21990008 ] [ PMID 22531293 ] [ PMID 23411042 ] [ PMID 23564280 ] [ PMID 23660601 ] [ PMID 30315580 ]



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

## Tendances suicidaires

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs4675690	CG	CC
rs300774	AC	CC
rs7296262	CG	CC
rs320461	TT	CC
rs358592	TT	TT
rs2419374	TC	CC
rs2462021	TA	TT
rs2610025	CG	GG
rs3019286	GG	GG
rs3781878	AG	GG
rs4308128	TA	AA
rs4732812	CC	CC
rs4918918	TC	CC
rs6055685	GG	GG
rs6480463	TT	TT
rs7011192	GG	GG
rs7079041	CG	GG
rs7244261	CG	CC
rs7569963	AA	AA
rs10437629	AA	AA
rs10448044	TA	TT
rs10748045	AA	AA
rs10854398	CC	TT
rs11143230	AA	AA
rs11852984	AA	AA
rs12373805	AA	GG
rs13358904	AG	AA
rs17387100	AA	AA





Niveau de risque: moyenne

**rs4675690:** Dégradation du gène de la neurotrophine et idées suicidaires renforcées par les antidépresseurs

[ [PMID 20504254](#) ] [ [PMID 21807415](#) ] [ [PMID 24955721](#) ] [ [PMID 27378793](#) ]

**rs300774:** Réplication de rs300774, un biomarqueur génétique près de ACP1 associé aux tentatives de suicide.

[ [PMID 21423239](#) ] [ [PMID 27721799](#) ] [ [PMID 28668716](#) ]

**rs7296262:** Un marqueur génétique associé aux tentatives de suicide : association avec la biosynthèse du cholestérol dans le cerveau.

[ [PMID 21423239](#) ] [ [PMID 28668716](#) ]

**rs2462021:** Risque accru de tentatives de suicide chez les patients souffrant de troubles de l'humeur.

[ [PMID 21041247](#) ]





## Dépendance à l'alcool

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs671	GG	GG
rs2232165	CG	GG
rs1614972	CC	TT
rs17033	TA	TT
rs3762894	TT	TT
rs2238151	TC	CC
rs1159918	AA	AA
rs1042026	AA	TT
rs2075633	TT	TT
rs1353899	TG	TT
rs2827312	TG	TT
rs4770403	GG	GG
rs728115	GG	GG
rs9556711	GG	AA
rs36563	TG	GG
rs8062326	GG	GG
rs4478858	TT	TT
rs11933661	TA	TT
rs933769	CG	CC
rs10253361	TT	TT
rs16985179	CC	CC
rs10893366	TT	CC
rs1793257	CG	CC
rs1789891	AC	CC
rs768048	TC	TT
rs2826659	AC	CC
rs3131513	AA	AA
rs7590720	AG	AA
rs2548145	AG	AA



rs2810114	AC	AA
rs6701037	AC	AA
rs7144649	AA	AA
rs750338	GG	AA
rs4293630	AA	GG
rs237238	AA	GG
rs27072	CC	CC
rs2948694	AA	AA
rs1799971	AA	AA
rs968529	CC	CC
rs2066701	CG	GG
rs324650	TA	TT
rs2061174	AA	AA
rs1824024	AC	AA
rs27048	TT	TT
rs13273672	TT	TT
rs11640875	GG	AA
rs1229976	TT	TT
rs1344694	TG	GG
rs279858	CC	TT



Niveau de risque: moyenne

**rs1614972:** Forte association du gène de l'alcool déshydrogénase 1B (ADH1B) avec la dépendance à l'alcool et les pathologies liées à l'alcool.

[ [PMID 18331377](#) ] [ [PMID 21497796](#) ]

**rs2232165:** La variation génétique du système de signalisation de la ghréline est associée à une dépendance sévère à l'alcool chez les femmes.

[ [PMID 18828808](#) ] [ [PMID 20586762](#) ] [ [PMID 25278825](#) ]

**rs17033:** Le polymorphisme ADH1B Arg47His du gène métabolisant l'alcool et la dépendance à l'alcool.

[ [PMID 18331377](#) ] [ [PMID 19298322](#) ] [ [PMID 21083667](#) ]

**rs1789891:** Polymorphisme rs1789891 du gène de l'alcool déshydrogénase avec le volume de matière grise du cerveau, la consommation d'alcool, l'envie d'alcool et le risque de rechute.

[ [PMID 22004471](#) ] [ [PMID 26013422](#) ] [ [PMID 29058369](#) ]



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

**rs7590720:** Predisposition génétique à l'alcoolisme.  
[ PMID 20202923 ] [ PMID 21314694 ] [ PMID 21471458 ] [ PMID 21876473 ]

**rs324650:** La variation du gène du récepteur muscarinique de l'acétylcholine M2 (CHRM2) est associée à la dépendance à l'alcool et au trouble dépressif majeur.  
[ PMID 15229186 ] [ PMID 18634760 ] [ PMID 21176104 ]



## Dépendance au tabac

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs16969968	AG	GG
rs1051730	AG	GG
rs3003609	TT	CC
rs9217	TC	TT
rs12910984	AA	GG
rs12914385	TC	CC
rs1317286	AG	AA
rs3743073	TA	TT
rs3743074	AG	AA
rs3743075	AC	CC
rs3743076	AA	TT
rs3743077	TC	CC
rs3743078	CG	CC
rs4887067	CG	GG
rs6495308	TT	TT
rs6495309	CC	CC
rs660652	AG	GG
rs8023462	TC	TT
rs8040868	TC	TT
rs8042374	AA	AA
rs8192482	CG	CC
rs938682	AA	GG
rs737865	AA	AA
rs279858	CC	TT
rs11200638	CG	GG
rs1800497	AG	GG
rs1049331	CG	CC
rs2672598	TA	TT
rs1938901	CG	GG



rs996999	CG	CC
rs2229940	CG	GG
rs1044396	AA	AA
rs1044394	GG	AA
rs1044397	CG	CC
rs121909580	GG	GG
rs121912243	GG	GG
rs2236196	AA	GG
rs2273502	CG	CC
rs2273504	CG	GG
rs2273505	AC	CC
rs3787137	CG	GG
rs4522666	AA	GG
rs755204	CG	GG
rs796052317	AA	AA
rs684513	CC	CC
rs588765	AC	CC
rs13277254	AA	AA
rs2072660	CC	TT
rs4953	CG	GG
rs2036527	AG	GG
rs680244	TC	CC
rs4952	CC	CC
rs17487223	TC	CC
rs11637635	AG	GG
rs12898919	CG	GG
rs17408276	AA	TT
rs17486278	AC	AA
rs3829787	CG	CC
rs495956	AA	TT
rs503464	TA	TT
rs555018	TA	AA



rs55781567	CG	CC
rs55853698	TG	TT
rs569207	CC	CC
rs601079	TA	TT
rs6495306	TA	AA
rs667282	TT	TT
rs951266	AG	GG
rs8034191	TC	TT



Niveau de risque: moyenne

**rs3003609:** L'allèle (T) rs3003609 est associé à un tabagisme plus important et donc à une dépendance à la nicotine, du moins chez les Caucasiens.

[ [PMID 18987626](#) ] [ [PMID 27166759](#) ]

**rs16969968:** L'allèle de risque du récepteur nicotinique de l'acétylcholine CHRNA5 entraîne un risque plus élevé de dépendance à la nicotine et de cancer du poumon, mais un risque plus faible de dépendance à la cocaïne.

[ [PMID 18227835](#) ] [ [PMID 18385738](#) ] [ [PMID 18519132](#) ] [ [PMID 18519524](#) ] [ [PMID 18957677](#) ] [ [PMID 19010884](#) ] [ [PMID 20581870](#) ] [ [PMID 29993116](#) ]

**rs1051730:** Le polymorphisme nucléotidique simple CHRNA3 multiplie par 1,8 le risque de cancer du poumon. Il contribue également à une diminution de la réponse à l'alcool, d'où un risque accru d'abus d'alcool.

[ [PMID 19465454](#) ] [ [PMID 19733931](#) ] [ [PMID 23056235](#) ]

**rs1317286:** Les allèles des sous-unités alpha-5/alpha-3 du récepteur nicotinique augmentent le risque de fumer beaucoup.

[ [PMID 18227835](#) ] [ [PMID 20808433](#) ]

**rs4887067:** La région CHRNA5-A3-B4 comme facteur de risque de dépendance à la nicotine liée à l'âge.

[ [PMID 18618000](#) ]

**rs1800497:** Les polymorphismes TaqIA du gène du récepteur de la dopamine D2 DRD2 sont associés à la consommation concomitante d'alcool et aux troubles dépressifs.

[ [PMID 1969501](#) ] [ [PMID 9650634](#) ] [ [PMID 17989061](#) ] [ [PMID 20146828](#) ] [ [PMID 20180986](#) ] [ [PMID 20482509](#) ] [ [PMID 21083670](#) ] [ [PMID 22698582](#) ] [ [PMID 22728571](#) ] [ [PMID 22978509](#) ]

**rs755204:** Association entre les variantes génétiques du CHRN et les vertiges lors de la première inhalation de fumée de cigarette.

[ [PMID 24119711](#) ]

**rs8034191:** Une région du chromosome 5p15 associée au risque d'adénocarcinome.

[ [PMID 18385676](#) ] [ [PMID 19641473](#) ] [ [PMID 19836008](#) ] [ [PMID 24254305](#) ]



## Dépendance aux drogues

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs1799971	AA	AA
rs5326	CC	CC
rs1799913	TT	GG
rs3778151	CG	CC
rs2236857	TT	TT
rs694066	CG	GG
rs1534891	TT	CC
rs1022563	CG	CC
rs1800497	AG	GG
rs510769	CG	CC
rs6473797	TA	TT
rs2236861	GG	GG
rs3766951	TT	TT
rs3758987	TT	TT
rs737866	TT	TT
rs6882300	AA	AA
rs2952768	TC	TT
rs1045642	GG	AA
rs1128503	GG	GG
rs6275	AG	AA
rs1714984	CG	GG
rs965972	AA	AA
rs1867898	CG	GG
rs5443	TC	CC
rs12364283	AA	AA
rs4648317	GG	GG
rs910079	AA	AA
rs2283265	AC	CC
rs16969968	AG	GG



rs9387522	CG	CC
rs11503014	CG	CC
rs910080	AG	AA
rs737865	AA	AA
rs1997794	TC	TT
rs2239670	AG	GG
rs12749204	AA	AA
rs72840936	CG	GG
rs111325002	AA	AA
rs4129566	AA	TT
rs11944332	AA	AA
rs75686122	CG	CC
rs11575893	CC	CC



Niveau de risque: moyenne

**rs1799913:** Variantes du gène de la tryptophane hydroxylase impliquées dans le développement et le traitement de la dépendance aux opiacés, à l'héroïne et à la cocaïne.

[ [PMID 18181017](#) ] [ [PMID 20201854](#) ] [ [PMID 26227246](#) ] [ [PMID 28590957](#) ]

**rs1534891:** Csnk1e est un régulateur génétique de la sensibilité aux psychostimulants et aux opioïdes.

[ [PMID 22089318](#) ]

**rs1022563:** Les polymorphismes du gène de la prodynorphine (PDYN) sont associés à la dépendance à l'héroïne et à la cocaïne.

[ [PMID 19298317](#) ] [ [PMID 22443215](#) ] [ [PMID 32597371](#) ]

**rs1800497:** Les polymorphismes TaqIA du gène du récepteur de la dopamine D2 DRD2 sont associés à la consommation concomitante d'alcool et aux troubles dépressifs.

[ [PMID 1969501](#) ] [ [PMID 9650634](#) ] [ [PMID 17989061](#) ] [ [PMID 20146828](#) ] [ [PMID 20180986](#) ] [ [PMID 20482509](#) ] [ [PMID 21083670](#) ] [ [PMID 22698582](#) ] [ [PMID 22728571](#) ] [ [PMID 22978509](#) ]

**rs2283265:** Les variantes fonctionnelles du gène du récepteur de la dopamine sont un facteur potentiel de troubles neuropsychiatriques.

[ [PMID 21438146](#) ] [ [PMID 24495967](#) ] [ [PMID 33529975](#) ]

**rs16969968:** L'allèle de risque du récepteur nicotinique de l'acétylcholine CHRNA5 entraîne un risque plus élevé de dépendance à la nicotine et de cancer du poumon, mais un risque plus faible de dépendance à la cocaïne.

[ [PMID 18227835](#) ] [ [PMID 18385738](#) ] [ [PMID 18519132](#) ] [ [PMID 18519524](#) ] [ [PMID 18957677](#) ] [ [PMID 19010884](#) ] [ [PMID 20581870](#) ] [ [PMID 29993116](#) ]





## Dépression

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs1360780	CG	CC
rs7174755	TC	TT
rs12054895	GG	GG
rs6305	CG	GG
rs6314	GG	GG
rs6313	AA	GG
rs4570625	GG	GG
rs1006737	AA	GG
rs5443	TC	CC
rs7412	CC	CC
rs1805054	CC	CC
rs6537837	CC	CC
rs6311	TT	CC
rs1386494	CG	CC
rs242941	CG	CC
rs6265	CC	CC
rs11568817	TA	AA
rs110402	AA	AA
rs7997012	GG	AA
rs310501	GG	AA
rs1545843	CG	GG
rs2522833	AA	AA
rs10065906	AA	AA
rs17144465	AA	AA
rs7647854	AA	AA
rs7713917	GG	AA
rs324650	TA	TT
rs1799913	TT	GG
rs1824024	AC	AA



rs2061174	AA	AA
rs737865	AA	AA
rs7757037	AG	GG
rs2766535	AA	GG
rs3800373	AC	AA
rs264272	GG	TT
rs10174573	CG	CC
rs2462686	AA	TT
rs10520045	GG	GG
rs7742824	GG	GG
rs12210761	GG	GG
rs166040	GG	AA
rs9943849	CC	CC
rs606149	TC	CC
rs9601248	TT	TT
rs912988	TC	CC
rs6534441	TC	TT
rs2721937	CC	CC
rs1780436	AG	GG
rs974379	AA	AA
rs4625554	AA	AA
rs4238010	AA	AA
rs9805786	TG	TT
rs3827730	TT	TT
rs17750015	TT	TT
rs237899	AG	GG
rs729861	N/A	AA
rs3770018	TA	AA
rs7933505	AA	GG
rs1031681	CC	CC
rs1549870	CG	GG
rs1880916	CG	GG



rs1954787	TC	TT
rs10514299	CC	CC
rs2179744	CG	GG
rs454214	CG	CC
rs301806	CC	CC
rs1475120	AA	AA
rs10786831	CA	AA
rs12552	GG	GG
rs6476606	TA	AA
rs8025231	CA	AA
rs12065553	GG	AA
rs1656369	AA	AA
rs4543289	CG	GG
rs2125716	GG	AA
rs2422321	CA	AA
rs7044150	CG	CC



Niveau de risque: moyenne

**rs6313:** Les polymorphismes du TPH-2 affectent la réponse au traitement par les antidépresseurs et les ISRS.

[ [PMID 19184136](#) ] [ [PMID 19197363](#) ] [ [PMID 21172166](#) ] [ [PMID 25108775](#) ] [ [PMID 27091189](#) ] [ [PMID 27445478](#) ] [ [PMID 27521242](#) ] [ [PMID 32819202](#) ]

**rs1006737:** Un polymorphisme du gène du canal calcique dépendant du potentiel CACNA1C est associé au risque de trouble bipolaire, de schizophrénie et d'autres troubles psychiatriques.

[ [PMID 18711365](#) ] [ [PMID 19358880](#) ] [ [PMID 20098439](#) ]

**rs6311:** Facteurs génétiques spécifiques aux troubles obsessionnels compulsifs.

[ [PMID 25017045](#) ] [ [PMID 26616111](#) ] [ [PMID 28576508](#) ] [ [PMID 29331882](#) ] [ [PMID 29785111](#) ]

**rs7997012:** Associations du gène HTR2A du récepteur de la sérotonine avec le trouble bipolaire et le trouble dépressif majeur.

[ [PMID 19428704](#) ] [ [PMID 24885933](#) ] [ [PMID 30178121](#) ]

**rs1799913:** Variantes du gène de la tryptophane hydroxylase impliquées dans le développement et le traitement de la dépendance aux opiacés, à l'héroïne et à la cocaïne.

[ [PMID 18181017](#) ] [ [PMID 20201854](#) ] [ [PMID 26227246](#) ] [ [PMID 28590957](#) ]

**rs1360780:** Les polymorphismes du gène de la protéine FK506 sont associés au trouble déficitaire de l'attention avec hyperactivité et à l'augmentation des niveaux quotidiens de cortisol. Ils sont également



associés à un risque accru de dépression, avec un rapport de cotes de 1,39.  
[ PMID 21316860 ] [ PMID 24166410 ] [ PMID 26032970 ]

**rs6305:** Les polymorphismes des gènes du transporteur de la sérotonine et du récepteur de la sérotonine sont associés à la susceptibilité à l'abus de substances.  
[ PMID 22933845 ]

**rs1386494:** Le polymorphisme du gène TPH2 augmente le risque et l'ampleur des troubles dépressifs.  
[ PMID 19590397 ] [ PMID 22693556 ] [ PMID 29314569 ]



# Maladies du système nerveux

## Sclérose en plaques

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs4149584	TC	CC
rs6680578	TA	TT
rs4728142	AA	GG
rs3135391	GG	GG
rs1321172	CG	CC
rs9282860	CG	CC
rs8702	CG	CC
rs926103	TC	GG
rs17445836	CG	GG
rs929230	GG	GG
rs12722561	CC	CC
rs3807306	TT	GG
rs7775228	TT	TT
rs2155219	TT	TT
rs2858331	GG	AA
rs9275572	GG	GG
rs6897932	CC	CC
rs3194051	GG	AA
rs9271366	AA	AA
rs2734583	AA	AA
rs660895	AA	AA
rs35445101	CA	AA
rs2303759	TT	TT
rs4613763	TT	TT
rs6984045	TT	TT
rs1800693	TC	TT
rs2243123	TC	TT
rs2019960	TT	TT



rs6604026	TT	TT
rs2104286	TT	TT
rs1077667	TC	CC
rs2283792	GG	GG
rs1841770	TG	TT
rs7238078	TT	TT
rs13192841	GG	GG
rs10411936	CG	GG
rs3135388	GG	GG
rs3761959	TC	CC
rs2425752	TC	CC
rs4410871	TC	CC
rs170934	CC	CC
rs8070463	TC	CC
rs9292777	TT	CC
rs882300	TC	CC
rs7595037	TC	TT
rs3135338	TT	TT
rs2300603	TC	TT
rs2293152	CG	CC
rs4939490	CC	CC
rs17824933	CC	CC
rs11154801	AA	CC
rs7255066	TC	CC
rs17174870	CC	CC
rs806321	TC	CC
rs13333054	TT	CC
rs6952809	TT	CC
rs12048904	TC	TT
rs10492972	TT	TT
rs630923	CC	CC
rs11810217	CC	CC



rs12722489	CC	CC
rs650258	TC	CC
rs2248359	TC	CC
rs2523393	AA	AA
rs2293370	GG	GG
rs6498169	AG	AA
rs7592330	AG	AA
rs7789940	AA	AA
rs17066096	AA	AA
rs744166	AG	AA
rs354033	AG	GG
rs180515	AG	AA
rs10984447	AG	AA
rs2546890	AG	GG
rs228614	AA	AA
rs233100	AA	GG
rs874628	AG	AA
rs12212193	GG	AA
rs12368653	GG	GG
rs6718520	AG	GG
rs669607	AA	AA
rs6896969	CC	AA
rs9891119	AC	AA
rs12466022	AC	CC
rs2119704	CC	CC
rs4285028	CC	AA
rs4648356	AC	CC
rs908821	CA	AA
rs3780792	AA	AA
rs2300747	TA	AA
rs2040406	TA	AA
rs1335532	AA	AA



rs11581062	AA	AA
rs11962089	AA	AA
rs3129889	AA	AA
rs290986	AA	AA
rs10466829	AA	AA
rs2744148	AA	AA
rs12487066	TT	TT
rs7577363	CG	GG
rs7536563	GG	GG
rs12044852	CC	CC
rs11164838	TT	CC
rs10735781	CG	CC
rs4763655	AA	GG
rs10975200	AA	AA
rs4959039	AA	AA
rs9657904	TT	TT
rs10201872	CC	CC
rs1386330	TT	TT
rs1557351	TT	TT
rs17157903	CC	CC
rs12047808	AA	AA
rs2842483	GG	AA
rs3129934	CC	CC
rs3913163	TT	TT
rs77360604	TA	TT
rs13115869	TA	TT
rs2200997	TT	TT
rs10519631	GG	GG
rs1364920	GG	GG
rs2636670	GG	GG
rs2636683	TC	CC
rs336408	CC	CC





rs2172023	CG	CC
rs79442729	CG	CC
rs1992418	GG	GG
rs12504681	AA	AA
rs7295402	TT	TT
rs2216228	TC	TT
rs10841979	TC	CC
rs2268858	TG	TT
rs2300726	TC	CC
rs10459079	TC	CC
rs2418058	GG	GG
rs12817074	AG	GG
rs2728827	AG	AA
rs2268861	GG	GG
rs4762899	CG	CC
rs2300731	CC	CC
rs7964012	AG	AA
rs704219	CG	GG
rs6993386	AG	AA
rs9282641	GG	GG
rs11117432	GG	GG
rs3130058	CC	CC
rs2239709	CG	CC
rs2920001	TT	TT
rs7923837	AG	GG
rs771767	AG	GG
rs17090640	GG	GG
rs703842	GG	GG
rs1821625	GG	GG
rs12513380	AG	GG
rs2069763	CG	CC
rs140915863	CG	CC



rs201921967	TA	AA
rs765866317	CG	GG
rs870849	TC	CC
rs12708716	AG	GG
rs2041670	AG	GG
rs3853601	CC	CC
rs3093976	GG	GG
rs3093948	GG	GG
rs2516393	CC	CC



Niveau de risque: moyenne

**rs4728142:** Validation de IRF5 en tant que gène de risque de sclérose en plaques : rôle putatif dans l'infection par le virus de l'herpès humain 6.  
[\[ PMID 18285424 \]](#) [\[ PMID 20861862 \]](#)

**rs926103:** La rupture du gène SH2D2A peut contribuer à la susceptibilité à la sclérose en plaques.  
[\[ PMID 18554728 \]](#)

**rs2858331:** Avec la cassure du gène rs4988889, il s'agit d'un critère de diagnostic de la maladie cœliaque.

**rs3194051:** L'altération de la chaîne alpha du récepteur de l'interleukine 7 (IL7R) influence le risque de sclérose en plaques.  
[\[ PMID 15674389 \]](#) [\[ PMID 17660816 \]](#) [\[ PMID 19221116 \]](#) [\[ PMID 28446795 \]](#)

**rs4149584:** Association génétique de la variante TNFRSF1A avec la sclérose en plaques, rapport de cotes de 1,6  
[\[ PMID 19525953 \]](#) [\[ PMID 20362272 \]](#) [\[ PMID 20430450 \]](#) [\[ PMID 23624563 \]](#) [\[ PMID 28927886 \]](#) [\[ PMID 35963536 \]](#)

**rs6680578:** Une variante du gène de l'intégration virale écotropique 5 (EVI5) est associée à la sclérose en plaques.  
[\[ PMID 19865102 \]](#) [\[ PMID 20087403 \]](#) [\[ PMID 26433934 \]](#) [\[ PMID 29141798 \]](#) [\[ PMID 32152937 \]](#)

**rs1321172:** Risque légèrement plus élevé (1,08 fois) de sclérose en plaques.  
[\[ PMID 32760600 \]](#)

**rs9282860:** Le polymorphisme de la kinase B1 du foie multiplie par deux le risque de sclérose en plaques.  
[\[ PMID 34371271 \]](#)



## Maladie de Parkinson

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs112176450	GG	GG
rs34778348	GG	GG
rs34637584	CG	GG
rs11931074	GG	GG
rs4998386	CC	CC
rs356219	AG	AA
rs33939927	CC	CC
rs2736990	AG	AA
rs12456492	AG	AA
rs421016	TA	AA
rs287235	CG	GG
rs11176013	AG	AA
rs34410987	CC	CC
rs34995376	GG	GG
rs35870237	TT	TT
rs356220	TC	CC
rs11248060	TC	CC
rs6812193	TT	CC
rs838552	AA	AA
rs283413	CC	CC
rs1559085	AA	AA
rs10513789	TT	TT
rs11564148	AT	TT
rs281865052	AA	AA
rs281865054	GG	GG
rs33949390	GG	GG
rs34594498	CC	CC
rs34805604	AA	AA
rs35801418	AA	AA



rs35808389	AA	AA
rs3761863	TC	AA
rs7133914	GG	GG
rs7308720	CC	CC
rs74163686	AA	AA
rs78365431	GG	GG
rs1442190	GG	GG
rs3129882	GG	AA
rs17577094	AA	AA
rs7971935	CG	GG
rs393152	AA	GG
rs1866995	AA	AA
rs2846468	AG	AA
rs12174214	TT	TT
rs2849518	TC	CC
rs7454474	CC	AA
rs10918270	CG	GG
rs1941184	AA	AA
rs1994090	GG	TT
rs2395163	TT	TT
rs2102808	CG	GG
rs9917256	GG	GG
rs12726330	GG	GG
rs6599389	GG	GG
rs7617877	AG	GG
rs6430538	TC	TT
rs12063142	TC	CC
rs199515	CC	CC
rs6532194	CC	CC
rs12431733	CC	CC
rs11248051	TC	CC
rs34372695	CC	CC



rs12185268	AA	AA
rs199533	GG	GG
rs823156	AA	AA
rs947211	GG	GG
rs8070723	AA	AA
rs4698412	AG	GG
rs11711441	GG	GG
rs183211	GG	GG
rs10464059	GG	GG
rs6532197	AA	AA
rs2242330	AA	AA
rs4538475	AG	AA
rs10519131	AA	AA
rs823128	AA	AA
rs2723264	TC	CC
rs11564187	TA	AA
rs4912537	CG	CC
rs117499775	AT	TT
rs2435203	TA	TT
rs12947764	TA	TT
rs242557	CG	GG
rs11868035	AG	AA
rs3775442	CC	CC
rs66737902	TA	TT
rs1630500	GG	GG
rs3889917	TT	TT
rs2619369	AA	AA
rs2275336	GG	GG
rs11026412	CG	GG
rs35095275	CG	GG
rs775129424	CG	GG





Niveau de risque: faible

**rs6812193:** L'expression du gène SCARB2 en tant que composante génétique essentielle de la maladie de Parkinson.

[ PMID 21738488 ] [ PMID 23473716 ] [ PMID 25929833 ] [ PMID 26793951 ]

**rs3761863:** La variante missense de LRRK2 est un facteur de risque pour la maladie de Parkinson.

[ PMID 16960813 ] [ PMID 17614198 ] [ PMID 18952485 ] [ PMID 20301387 ] [ PMID 20669299 ] [ PMID 21885347 ]

**rs3129882:** La variante de l'allèle HLA-DRB1 est associée à la susceptibilité à la maladie de Parkinson sporadique.

[ PMID 20711177 ] [ PMID 21425343 ] [ PMID 21482477 ] [ PMID 22096524 ] [ PMID 23083294 ] [ PMID 23139797 ] [ PMID 25319953 ] [ PMID 32253955 ]

**rs393152:** Risque génétique sous-jacent à la maladie de Parkinson.

[ PMID 18985386 ] [ PMID 19915575 ] [ PMID 20070850 ] [ PMID 21412835 ] [ PMID 21898123 ] [ PMID 24868370 ] [ PMID 25687773 ]

**rs1994090:** Le polymorphisme SLC2A13 est une composante génétique importante de la maladie de Parkinson.

[ PMID 21044948 ] [ PMID 21738487 ] [ PMID 26687033 ] [ PMID 28927418 ]

**rs34637584:** Une mutation fréquente du gène LRRK2 associée à la maladie de Parkinson autosomique dominante.

[ PMID 15680455 ] [ PMID 15680456 ] [ PMID 15680457 ] [ PMID 15811455 ] [ PMID 15929036 ] [ PMID 16145815 ] [ PMID 16311269 ] [ PMID 16436781 ] [ PMID 16436782 ] [ PMID 17353388 ]

**rs356219:** Le polymorphisme du gène de l'alpha-synucléine est associé à un risque accru (1,3 fois) de maladie de Parkinson.

[ PMID 17683088 ] [ PMID 18485051 ] [ PMID 18606870 ] [ PMID 18985386 ] [ PMID 19063963 ] [ PMID 21060011 ] [ PMID 21159074 ] [ PMID 22349157 ] [ PMID 25111979 ]

**rs2736990:** Les variantes SNCA rs2736990 sont associées à une probabilité deux fois plus élevée de maladie de Parkinson.

[ PMID 19915575 ] [ PMID 20961626 ] [ PMID 21046180 ] [ PMID 21060011 ] [ PMID 21425343 ] [ PMID 21953863 ] [ PMID 24868370 ] [ PMID 25129240 ]



## La maladie d'Alzheimer

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs429358	TA	TT
rs744373	AA	AA
rs2075650	AA	AA
rs17125944	TT	TT
rs28834970	CC	TT
rs7274581	TT	TT
rs74615166	TT	TT
rs1476679	TT	TT
rs10498633	GG	GG
rs10792832	AG	GG
rs7561528	GG	GG
rs9349407	CG	GG
rs7920721	CA	AA
rs10838725	TT	TT
rs9331896	CC	CC
rs35349669	CC	CC
rs72807343	CG	CC
rs3865444	AA	CC
rs12989701	CC	CC
rs6733839	TC	CC
rs9381040	TC	CC
rs4676049	CC	CC
rs6859	AG	AA
rs190982	AG	GG
rs6656401	GG	GG
rs983392	AG	AA
rs2373115	CC	CC
rs4420638	AA	AA
rs11771145	AG	GG



rs9271192	AA	AA
rs10948363	AA	AA
rs561655	AG	AA
rs2718058	AG	AA
rs10972300	CG	CC
rs12947764	TA	TT
rs242557	CG	GG
rs3785883	GG	GG
rs1864325	CC	CC
rs8070723	AA	AA
rs1981997	GG	GG
rs1467967	TA	AA
rs1800750	GG	GG
rs1799724	TC	CC
rs7412	CC	CC
rs9390537	TT	TT
rs2061333	TT	TT
rs2446581	GG	GG
rs11782819	TT	CC
rs17314229	CG	CC
rs75932628	CC	CC
rs157580	AA	AA
rs7081208	AG	GG
rs73660619	TC	TT
rs74006954	AG	GG
rs11023139	GG	GG
rs340635	GG	GG
rs4794202	GG	GG
rs11154851	CC	CC
rs538867	CC	CC
rs4700060	CC	CC
rs117964204	CG	CC





rs7009219	CG	CC
rs112724034	CC	CC
rs148763909	CC	CC
rs77636885	CC	CC
rs17393344	GG	GG
rs75617873	AA	AA
rs34972666	AG	AA
rs2421847	AA	AA
rs58370486	AA	AA
rs61144803	AA	AA
rs115102486	AA	AA
rs6738962	AA	AA
rs72832584	AA	AA
rs11218343	TT	TT
rs4938933	TC	TT
rs514716	TC	TT
rs7039300	TG	TT
rs2121433	CC	TT
rs6922617	GG	GG
rs610932	TG	GG
rs536841	TC	TT
rs249153	TT	TT
rs3764650	TT	TT
rs569214	TG	GG
rs2279590	TT	CC
rs1923775	TT	TT
rs727153	CC	CC
rs11136000	TT	CC
rs1532278	TT	CC
rs4746003	CC	CC
rs11610206	TT	TT
rs3851179	TC	CC



rs6509701	TT	TT
rs1562990	AC	AA
rs753129	AA	AA
rs3818361	GG	GG
rs10273775	GG	GG
rs690705	AG	AA
rs12044355	AA	AA
rs63750066	CC	CC
rs2227564	CC	CC
rs1160985	TT	TT
rs59007384	TG	GG
rs157581	TA	TT
rs157582	TC	CC
rs3781838	TA	TT
rs7946599	CG	GG
rs2298813	GG	GG
rs12364988	TA	TT
rs676759	TT	TT
rs3862605	CC	TT
rs726601	CG	CC
rs3781836	GG	GG
rs10892752	GG	AA
rs4420280	AC	AA
rs11218325	CC	AA
rs1784931	CG	CC
rs3781834	AA	AA
rs17125523	AA	AA
rs1422438	TG	GG
rs56131196	GG	GG
rs509208	CC	CC
rs9877502	GG	GG
rs1801277	TA	TT



rs10205233	CG	CC
rs17268434	CG	GG
rs16822607	TA	AA
rs11754661	GG	GG
rs9969729	GG	GG
rs4937314	AA	AA
rs11983798	AG	GG
rs6468852	AG	AA
rs3785885	CG	GG
rs4647698	CG	CC
rs190788828	TA	AA
rs115550680	AA	AA



Niveau de risque: moyenne

**rs28834970:** La variante commune de PTK2B est associée à la maladie d'Alzheimer tardive.  
[\[ PMID 25188341 \]](#) [\[ PMID 26680604 \]](#) [\[ PMID 27080426 \]](#)

**rs3865444:** Association du polymorphisme CD33 rs3865444 avec la pathologie de la maladie d'Alzheimer et l'expression du CD33 dans le cortex cérébral humain.  
[\[ PMID 23708142 \]](#) [\[ PMID 25448602 \]](#) [\[ PMID 26933222 \]](#) [\[ PMID 35888182 \]](#)

**rs2279590:** Le polymorphisme CLU rs2279590 contribue à la susceptibilité à la maladie d'Alzheimer dans les populations caucasiennes et asiatiques.  
[\[ PMID 20570404 \]](#) [\[ PMID 20599866 \]](#) [\[ PMID 24947876 \]](#) [\[ PMID 28973302 \]](#)

**rs429358:** L'allèle APOE-E4 a une forte influence sur le risque de développer la maladie d'Alzheimer. Une méta-analyse a estimé que le rapport de cotes pour les individus homozygotes pour le rs429358 était 12 fois plus élevé pour la maladie d'Alzheimer à début tardif et 61 fois plus élevé pour la maladie à début précoce. Les personnes porteuses du génotype de l'allèle C de l'APOE4-4 devraient éviter de manger des animaux élevés avec des plantes/grains qui contiennent plus d'oméga-6 que d'oméga-3. Il est conseillé de pratiquer le végétarisme pour éviter toutes les graisses animales et de mesurer le rapport oméga-3/oméga-6 chez ces personnes. Par ailleurs, les personnes souffrant de l'APOE 4 peuvent obtenir de meilleurs résultats avec des formes non méthylées de B12.  
[\[ PMID 21263195 \]](#) [\[ PMID 30665447 \]](#)

**rs9349407:** L'analyse de 54 936 échantillons confirme une association entre le polymorphisme CD2AP rs9349407 et la susceptibilité à la maladie d'Alzheimer.  
[\[ PMID 21460841 \]](#) [\[ PMID 25092125 \]](#)

**rs11771145:** La variation génétique de l'EPHA1 affecte le liquide céphalorachidien et les biomarqueurs de neuro-imagerie chez les personnes atteintes de la maladie d'Alzheimer.  
[\[ PMID 21460840 \]](#) [\[ PMID 25182741 \]](#) [\[ PMID 31659653 \]](#)

**rs2718058:** Le polymorphisme NME8 rs2718058 augmente le risque de développer la maladie



d'Alzheimer.  
[ [PMID 27144521](#) ]

**rs242557:** Des niveaux élevés de tau cérébrospinale sont associés à la variante génétique rs242557 et à un risque élevé de maladie de Parkinson et d'Alzheimer.  
[ [PMID 19308965](#) ] [ [PMID 19912324](#) ] [ [PMID 20951764](#) ] [ [PMID 26303052](#) ]



# Migraine

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs10504861	TC	CC
rs6741751	AG	GG
rs4379368	TC	CC
rs11172113	TC	CC
rs10849061	TC	CC
rs11759769	GG	GG
rs6478241	GG	GG
rs9349379	AG	AA
rs3094117	AA	AA
rs10166942	TC	CC
rs2651899	TC	TT
rs6951030	TT	TT
rs2653349	GG	AA
rs566529	CG	GG
rs1835740	CC	CC
rs1042838	CG	CC
rs11624776	AA	CC
rs2076054	TC	TT
rs17051917	CG	CC
rs4345220	AA	AA
rs3790455	TC	TT
rs2274316	AC	AA
rs3781719	AA	AA



Niveau de risque: moyenne

**rs10504861:** rs10504861 est un SNP situé sur le chromosome 8q21 qui a été associé à une incidence accrue de migraine sans aura dans des études d'association pangénomique.  
[ [PMID 24852292](#) ] [ [PMID 26231841](#) ] [ [PMID 28079315](#) ]



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

**rs4379368:** Le polymorphisme rs4379368 pourrait être un marqueur génétique pour les patients migraineux.

[ [PMID 26231841](#) ] [ [PMID 31505242](#) ]

**rs2651899:** Le polymorphisme PRDM16 rs2651899 est un facteur de risque pour les patients souffrant de migraine commune.

[ [PMID 24021092](#) ] [ [PMID 30635810](#) ] [ [PMID 31557325](#) ]



# Polyneuropathie

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs200945460	AA	AA
rs28931574	CG	CC
rs28933979	CG	GG
rs104894080	CC	CC
rs1132787	TC	CC
rs137852737	GG	GG
rs3826795	GG	GG
rs502716	GG	GG
rs4722585	AA	GG
rs886039872	CG	GG
rs267606624	GG	GG
rs587777602	GG	CC
rs587777604	CG	CC
rs587777603	CC	CC
rs172378	AG	AA
rs2275697	GG	GG
rs41264871	CA	AA
rs7294354	TT	GG
rs147738081	CG	CC
rs522521	CG	CC
rs4369876	CC	CC
rs12478318	TA	TT
rs73969684	CC	CC
rs80356586	AA	AA
rs182650126	TT	TT
rs281865138	TA	TT
rs137852739	CG	GG
rs104894160	CC	CC
rs755919784	TT	TT





Niveau de risque: moyenne

**rs28931574:** La mutation de l'apolipoprotéine AI est associée à une polyneuropathie amyloïde familiale.  
[ [PMID 2123470](#) ]

**rs28933979:** La rupture du gène de la transthyréline Val30Met est associée à une polyneuropathie sensorimotrice à prédominance motrice et à des changements pathologiques inhabituels du nerf du mollet.  
[ [PMID 1520326](#) ] [ [PMID 11709003](#) ]

**rs1132787:** Variation associée à la polyneuropathie comme conséquence des complications du diabète de type 2.  
[ [PMID 33430853](#) ]

**rs41264871:** Le polymorphisme d'un seul nucléotide de la glycoprotéine axonale transitoire-1 augmente le risque de polyneuropathie inflammatoire démyélinisante chronique.  
[ [PMID](#) ]

**rs12478318:** La mutation du gène SCN9A associée au risque de neuropathie idiopathique à petites fibres.  
[ [PMID 21698661](#) ]

**rs281865138:** Risque accru de neuropathie hypomyélinisante congénitale.  
[ [PMID 9537424](#) ]

**rs137852739:** La mutation de FAM134B, codant pour la protéine de Golgi, provoque une neuropathie sensorielle et autonome sévère.  
[ [PMID 19838196](#) ]





# Myasthénie grave

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs4553808	TA	AA
rs16862847	TA	TT
rs743777	AA	AA
rs3087243	AG	AA
rs733618	TT	TT
rs2476601	GG	GG
rs6477872	TA	TT
rs772025588	TA	AA
rs764497513	CG	GG
rs794727516	CC	CC
rs7169523	AG	AA
rs6850606	CG	GG
rs118203994	GG	GG
rs118203995	CC	CC
rs121912815	CC	CC
rs121912816	GG	GG
rs121912817	GG	GG
rs121912818	AA	AA



Niveau de risque: faible

**rs4553808:** Les variantes de CTLA4 contribuent à la prédisposition génétique à la myasthénie grave.  
[ [PMID 25003519](#) ] [ [PMID 30009380](#) ]

**rs3087243:** La variante allélique CTLA4 modifie les schémas de phosphorylation des cellules T et entraîne un risque accru de maladies auto-immunes.  
[ [PMID 17554260](#) ] [ [PMID 17606874](#) ] [ [PMID 18940880](#) ] [ [PMID 21121051](#) ]



## Accident vasculaire cérébral

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs556621	TT	GG
rs16851055	AG	GG
rs879324	GG	GG
rs2107595	CG	GG
rs2238151	TC	CC
rs11984041	TC	CC
rs13407662	CC	CC
rs12425791	GG	GG
rs6843082	AA	AA
rs11672433	AG	GG
rs4076317	CG	CC
rs225132	TT	TT
rs7937106	TT	TT
rs1842681	CG	GG
rs2236406	AA	TT
rs13299556	AA	TT
rs114947355	AC	CC
rs142655108	CG	CC
rs115670077	CG	GG
rs72976591	CG	CC
rs184221467	CG	GG
rs138134155	CG	GG
rs77460585	CG	GG
rs114527838	CG	GG
rs6967981	CG	GG
rs112455974	CG	CC
rs565295967	CG	CC
rs140164788	CG	CC
rs115825287	CG	CC



rs192977447	TA	TT
rs55931441	CG	GG
rs113949028	CG	GG
rs181095590	CG	GG
rs73923591	CG	GG
rs12646447	TT	TT
rs6797312	TA	TT
rs4792143	CC	CC
rs2200733	CC	CC
rs2084898	CG	GG
rs1401296	AA	TT
rs1364044	TC	CC
rs469568	AA	CC
rs173686	AA	AA
rs161802	GG	GG
rs6025	CC	CC
rs5443	TC	CC
rs3783799	CG	CC
rs2230500	CG	GG
rs74475935	CC	CC
rs635634	CC	CC
rs505922	TA	TT
rs579459	TT	TT
rs12438353	CC	CC
rs2219939	CG	GG
rs899997	TT	GG
rs783396	CC	CC
rs4471613	GG	GG
rs10744777	TC	CC
rs34311906	AA	TT
rs9351814	CC	AA
rs880315	TC	TT



rs42039	CC	CC
rs1333040	TC	CC
rs2383207	AG	GG
rs1333047	TA	AA
rs1333049	GC	GG
rs10757272	TC	CC
rs9899375	CC	CC
rs7859727	TA	TT
rs7283054	CG	GG
rs12413409	GG	AA
rs17612742	TA	TT
rs6841581	GG	GG
rs6842241	CC	CC
rs1937787	CC	CC
rs6825454	TA	TT
rs10400694	CG	GG
rs4959130	CG	GG
rs12204590	TT	TT
rs4932370	CG	GG
rs28688791	TA	TT
rs7771564	AA	AA
rs1804689	CG	GG
rs5752326	CC	CC
rs11681884	CG	CC
rs2229383	TA	TT
rs7156510	CG	GG
rs1564060	AG	GG
rs768606	TT	TT
rs12476527	CG	GG
rs10820405	CG	GG
rs2822388	TA	AA
rs11957829	AA	AA



rs12291066	CG	GG
rs1800801	TC	CC
rs2005108	CG	CC
rs34166160	CG	CC
rs11833579	CG	GG
rs4867766	CG	GG
rs6891174	CG	GG
rs7304841	CA	AA
rs2634071	CG	CC
rs2634074	AA	AA
rs13143308	CG	GG
rs6817105	TT	TT
rs1052053	AG	AA
rs2984613	TA	TT
rs4714955	TC	CC
rs17114036	TA	AA
rs11867415	AA	AA
rs704341	CG	GG
rs12449964	TC	CC
rs12936587	AG	GG
rs146390073	CG	CC
rs248812	CG	CC
rs2295786	TA	AA
rs10455872	AA	AA
rs72794386	TA	AA
rs16896398	TA	AA
rs8103309	TA	TT
rs1122608	GG	GG
rs599839	AG	GG
rs781542	GG	GG
rs7705819	CG	CC
rs35436	CC	CC



rs12190287	CG	CC
rs13168506	CG	GG
rs7610618	CG	CC
rs2084637	CC	CC
rs9345396	CC	CC
rs12124533	CG	CC
rs12122341	CC	CC
rs17771318	AG	GG
rs7582720	TC	TT
rs12037987	TA	TT
rs11556924	TC	CC
rs12445022	GG	GG
rs7193343	CC	CC
rs12932445	AT	TT
rs72184	AA	AA
rs10507391	CA	AA



Niveau de risque: moyenne

**rs556621:** La variante rs556621 sur le chromosome 6p21.1 est associée aux accidents vasculaires cérébraux athérosclérotiques des grandes artères et aux accidents vasculaires cérébraux ischémiques.  
[\[ PMID \]](#)

**rs2107595:** La variante Rs2107595 de HDAC9 modifie la susceptibilité à la maladie coronarienne et la gravité de l'athérosclérose coronarienne.  
[\[ PMID 26093197 \]](#) [\[ PMID 27494404 \]](#) [\[ PMID 29695241 \]](#)

**rs11984041:** La variante HDAC9 associée à l'accident vasculaire cérébral ischémique contribue à l'athérosclérose carotidienne.  
[\[ PMID 22306652 \]](#) [\[ PMID 23449258 \]](#) [\[ PMID 27025970 \]](#) [\[ PMID 27642596 \]](#)

**rs6797312:** Le risque d'accident vasculaire cérébral est deux fois plus élevé chez les femmes de race blanche.  
[\[ PMID \]](#)

**rs2230500:** Le SNP 1425G/A dans PRKCH est associé aux accidents vasculaires cérébraux ischémiques et aux hémorragies cérébrales.  
[\[ PMID 19520989 \]](#) [\[ PMID 24534126 \]](#) [\[ PMID 27796860 \]](#)

**rs505922:** Le risque de cancer du pancréas est multiplié par 1,2.  
[\[ PMID \]](#)



Ceci est un exemple de rapport.  
 Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

**rs1800801:** Le polymorphisme de la protéine matricielle Gla rs1800801 est associé à la récurrence des accidents vasculaires cérébraux ischémiques.

[ [PMID 28821877](#) ] [ [PMID 32584873](#) ]

**rs11833579:** Le polymorphisme du promoteur de NINJ2 prédit le risque d'accident vasculaire cérébral athéroscléreux dans les grandes artères.

[ [PMID 21722921](#) ] [ [PMID 22297388](#) ] [ [PMID 22795341](#) ] [ [PMID 25096477](#) ] [ [PMID 26687183](#) ]



# Epilepsie

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs211037	CC	CC
rs11890028	GG	GG
rs580041	CC	CC
rs6432860	AA	GG
rs7587026	CC	CC
rs200945460	AA	AA
rs4426541	GG	GG
rs6735544	AA	AA
rs17679445	GG	GG
rs747283	TA	TT
rs3769955	AC	CC
rs684513	CC	CC
rs2304016	TA	AA
rs121912707	CC	CC
rs16019	TA	TT
rs2290732	AA	AA
rs3804505	GG	GG
rs39861	AA	AA
rs28940576	GG	GG
rs147484110	CC	CC
rs148382729	CG	CC
rs964112	CG	CC
rs11031434	CG	GG
rs986527	GG	GG
rs2273697	GG	GG
rs121909580	GG	GG







Niveau de risque: faible

**rs2304016:** Le polymorphisme du gène SCN2A affecte la réponse aux médicaments antiépileptiques dans le traitement de l'épilepsie.

[ [PMID 28144265](#) ] [ [PMID 30693367](#) ] [ [PMID 31297029](#) ] [ [PMID 33096315](#) ] [ [PMID 33519675](#) ]



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

## Troubles de la coagulation sanguine

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs1799963	GG	GG
rs2289252	CC	CC
rs267606981	TT	TT
rs2731672	CC	CC
rs2036914	CC	CC
rs1801020	GG	GG
rs1613662	AA	AA
rs13146272	AC	AA
rs9923231	CC	CC
rs699664	CC	CC
rs7294	TT	CC
rs9934438	GG	GG
rs17708472	GG	GG
rs2359612	GG	GG
rs2884737	AA	AA
rs12340895	AC	CC
rs769900251	CG	CC
rs774572099	CG	CC
rs121918145	CC	CC
rs121918481	TT	TT
rs121918476	GG	GG
rs5918	TT	TT
rs1800775	AC	AA



Niveau de risque: faible

**rs7294:** Polymorphisme responsable du niveau de sensibilité à la warfarine (antagoniste de la vitamine K).  
[\[ PMID 15883587 \]](#) [\[ PMID 16611750 \]](#) [\[ PMID 17048007 \]](#) [\[ PMID 20128861 \]](#)



Ceci est un exemple de rapport.  
 Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

**rs769900251:** Déficit partiel en protéine C - risque accru de problèmes de coagulation sanguine.  
[ [PMID](#) ]



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

# Maladies cardiaques et vasculaires

## Infarctus du myocarde

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs10757274	AG	AA
rs1333042	AG	AA
rs17465637	CC	AA
rs4804611	CA	AA
rs3798220	TC	TT
rs646776	TC	TT
rs886126	CC	CC
rs17672135	TT	TT
rs11066280	TT	TT
rs2505083	TC	TT
rs6725887	TC	TT
rs7808424	TT	TT
rs1842896	TG	TT
rs12740374	TG	TT
rs12413409	GG	AA
rs11671653	CG	GG
rs2259816	GG	GG
rs7203193	AG	GG
rs6504218	AA	GG
rs11669133	GG	GG
rs12200560	AA	AA
rs9546711	AA	GG
rs1994016	TC	TT
rs3729639	CC	CC
rs2895811	TC	TT
rs3127599	CG	CC
rs7767084	TA	TT
rs2048327	TC	TT



rs11924705	AT	TT
rs1746048	CC	TT
rs1412444	CG	CC
rs9818870	CC	CC
rs12526453	CG	GG
rs6601299	CC	CC
rs7801190	CC	CC
rs7569328	CC	CC
rs974819	CC	CC
rs46522	TT	CC
rs11650066	AA	GG
rs9268402	AG	AA
rs4773144	AA	AA
rs1231206	AG	GG
rs12936587	AG	GG
rs7697839	AA	AA
rs2515629	TA	TT
rs514659	N/A	AA
rs10933436	CC	CC
rs17114046	AG	AA
rs6905288	AG	AA
rs1333040	TC	CC
rs10811661	TT	TT
rs10757278	AG	AA
rs2383207	AG	GG
rs7025486	AG	GG
rs4977574	AG	AA
rs1333049	GC	GG
rs1041981	CC	CC
rs909253	AA	AA
rs5918	TT	TT
rs1048990	GC	CC



rs2383206	AG	AA
rs11206510	TC	CC
rs619203	CG	GG



Niveau de risque: moyenne

**rs17465637:** SNP du gène MIA3 associé à un risque accru d'infarctus du myocarde avec des odds ratios de 1,17 (IC : 1,04-1,32) et 1,37 (IC : 1,08-1,74) pour les porteurs.

[ [PMID 21463265](#) ] [ [PMID 24125424](#) ] [ [PMID 28400043](#) ]

**rs46522:** Le polymorphisme rs46522 du gène de l'enzyme de conjugaison de l'ubiquitine E2Z est associé à des paramètres métaboliques anormaux chez les patients ayant subi un infarctus du myocarde.

[ [PMID](#) ]

**rs10757274:** Une variante génétique sur le chromosome 9p21 est le plus fort prédicteur génétique d'infarctus du myocarde précoce (crise cardiaque) découvert à ce jour. Les SNP de cette région sont également associés à un risque accru d'accident vasculaire cérébral, d'anévrisme de l'aorte abdominale (AAA) et d'anévrisme intracrânien.

[ [PMID 18066490](#) ] [ [PMID 19956784](#) ] [ [PMID 21385355](#) ] [ [PMID 26772723](#) ] [ [PMID 31055994](#) ]

**rs1333042:** Les polymorphismes introniques du gène CDKN2B-AS1 sont fortement associés au risque d'infarctus du myocarde et de maladie coronarienne.

[ [PMID 26999117](#) ] [ [PMID 27096864](#) ]

**rs3798220:** rs3798220, également connu sous le nom de I4399M ou Ile4399Met, est un SNP dans le gène de l'apolipoprotéine (A) LPA, qui a été associé à des niveaux élevés de lipoprotéines plasmatiques et à un risque cardiovasculaire accru, bien toléré par l'aspirine à faible dose.

[ [PMID 17975119](#) ] [ [PMID 18775538](#) ] [ [PMID 23278389](#) ]

**rs646776:** Un nouveau locus d'athérosclérose coronaire et des associations avec l'infarctus du myocarde dans l'athérosclérose coronaire.

[ [PMID 21242481](#) ]

**rs2505083:** Risque accru d'infarctus du myocarde soudain et de maladie coronarienne.

[ [PMID 26950853](#) ]

**rs2895811:** Le polymorphisme du gène HHIPL-1 (rs2895811) est associé aux facteurs de risque cardiovasculaire et aux paramètres cardiométaboliques chez les patients ayant subi un infarctus du myocarde.

[ [PMID 29655894](#) ]



# Hypertension

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs4961	TG	GG
rs5186	AC	AA
rs1529927	CG	GG
rs16890334	TT	TT
rs2030114	AG	GG
rs10930597	CC	CC
rs11887188	TC	CC
rs4963	CG	CC
rs4149601	AG	GG
rs2820037	AA	AA
rs6997709	GG	TT
rs2304483	TC	TT
rs2846680	AC	AA
rs675482	GG	AA
rs11825181	CG	GG
rs11823543	GG	GG
rs2954033	GG	GG
rs2266788	AA	AA
rs2288774	TT	TT
rs3865418	CG	CC
rs7961152	CG	CC
rs1937506	AG	GG
rs2398162	GG	GG
rs4684847	TC	CC
rs3755351	GG	GG
rs3794260	CG	GG
rs9739493	TC	TT
rs1805762	CG	GG
rs3754777	CG	CC



rs6749447	TT	TT
rs1126742	CG	CC
rs3781719	AA	AA
rs1799983	CG	GG
rs1801253	GC	CC



Niveau de risque: moyenne

**rs4961:** La variante du gène ADD1 est associée à la progression de la pression artérielle et à l'apparition de l'hypertension. Le risque d'hypertension artérielle est multiplié par 1,8. Sensibilité accrue de la pression artérielle au sel, bonne réponse à un régime pauvre en sel.

[ [PMID 9149697](#) ] [ [PMID 27480094](#) ]

**rs5186:** Un polymorphisme connu sous le nom de A1166C, l'un des gènes les plus étudiés, est associé à un risque accru d'hypertension essentielle avec un odds ratio de 7,3 (homozygote CC).

[ [PMID 8021009](#) ] [ [PMID 9084931](#) ] [ [PMID 20486282](#) ] [ [PMID 21799445](#) ]

**rs1529927:** Un polymorphisme avec un risque accru d'hypertension pouvant être traité par l'hydrochlorothiazide en première intention, sans bêta-bloquant ni vasodilatateur.

[ [PMID](#) ]

**rs4963:** La variante ADD1 rs4963 liée à la phosphorylation affecte la sensibilité de la pression artérielle au sel.

[ [PMID 19574959](#) ] [ [PMID 21058046](#) ] [ [PMID 25816007](#) ]

**rs4149601:** La variation génétique de NEDD4L est associée à la pression artérielle transversale et longitudinale. Augmente le risque d'hypertension et de résultats cardiovasculaires défavorables chez les patients souffrant d'hypertension artérielle et traités avec des diurétiques thiazidiques. Associé à une réponse favorable au traitement par bêta-bloquants et diurétiques chez les patients souffrant d'hypertension artérielle.

[ [PMID 16788695](#) ] [ [PMID 19635985](#) ] [ [PMID 20038744](#) ] [ [PMID 23353631](#) ] [ [PMID 25098786](#) ]

**rs3865418:** Une rupture du gène NEDD4L est associée à une pression artérielle diastolique significativement plus élevée.

[ [PMID 18293164](#) ] [ [PMID 20003179](#) ]

**rs3754777:** Le polymorphisme STK39 est un facteur de risque indépendant pour l'hypertension chez les hommes.

[ [PMID 19114657](#) ] [ [PMID 20003416](#) ] [ [PMID 20889219](#) ] [ [PMID 27082544](#) ]

**rs1126742:** Le polymorphisme rs1126742 du gène du cytochrome P450 est associé à l'hypertension essentielle chez les hommes.

[ [PMID 18300855](#) ] [ [PMID 24164311](#) ] [ [PMID 32373936](#) ]





## Maladie cardiaque ischémique

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs3782218	CG	CC
rs556621	TT	GG
rs12425791	GG	GG
rs1746048	CC	TT
rs1412444	CG	CC
rs2107595	CG	GG
rs16851055	AG	GG
rs879324	GG	GG
rs2238151	TC	CC
rs11984041	TC	CC
rs13407662	CC	CC
rs6843082	AA	AA
rs646776	TC	TT
rs886126	CC	CC
rs17672135	TT	TT
rs11066280	TT	TT
rs2505083	TC	TT
rs3798220	TC	TT
rs2306374	TT	TT
rs579459	TT	TT
rs7586970	TT	TT
rs6725887	TC	TT
rs7808424	TT	TT
rs1842896	TG	TT
rs11066015	CG	GG
rs671	GG	GG
rs8055236	TT	TT
rs10757274	AG	AA
rs1333042	AG	AA



rs12740374	TG	TT
rs12413409	GG	AA
rs11671653	CG	GG
rs2259816	GG	GG
rs7203193	AG	GG
rs10755578	CC	CC
rs675026	AA	GG
rs6504218	AA	GG
rs11669133	GG	GG
rs12200560	AA	AA
rs9546711	AA	GG
rs1994016	TC	TT
rs7136259	TT	CC
rs10953541	TC	TT
rs8060686	TT	CC
rs3729639	CC	CC
rs2895811	TC	TT
rs3127599	CG	CC
rs7767084	TA	TT
rs17465637	CC	AA
rs9818870	CC	CC
rs12526453	CG	GG
rs6601299	CC	CC
rs11206510	TC	CC
rs11752643	CC	CC
rs1333048	TA	AA
rs1333049	GC	GG
rs2123536	CC	CC
rs4743150	CC	CC
rs7569328	CC	CC
rs974819	CC	CC
rs9982601	CG	CC



rs12190287	CG	CC
rs46522	TT	CC
rs11556924	TC	CC
rs964184	CC	CC
rs11650066	AA	GG
rs9268402	AG	AA
rs4773144	AA	AA
rs1165669	AA	AA
rs1231206	AG	GG
rs12936587	AG	GG
rs2472299	AG	GG
rs3869109	GG	AA
rs7697839	AA	AA
rs2515629	TA	TT
rs514659	N/A	AA
rs10933436	CC	CC
rs9349379	AG	AA
rs17114036	TA	AA
rs17114046	AG	AA
rs599839	AG	GG
rs1263173	AA	GG
rs2346177	AA	GG
rs6905288	AG	AA
rs2383207	AG	GG
rs3135506	GG	GG
rs10757278	AG	AA
rs4665058	CC	CC
rs708272	AA	AA
rs1676232	AA	GG
rs662799	AA	AA
rs4977574	AG	AA
rs6882776	AG	AA



rs28936670	GG	CC
rs72554028	CG	CC
rs703752	CC	CC
rs1333040	TC	CC
rs7025486	AG	GG
rs1063192	AG	AA
rs2811712	AA	GG
rs2857657	CG	CC
rs1024611	AG	AA
rs10116277	TA	TT
rs5443	TC	CC
rs2383206	AG	AA
rs6922269	CG	GG
rs501120	TT	CC
rs10455872	AA	AA
rs20455	AA	TT
rs1799983	CG	GG
rs383830	TA	TT
rs7250581	GG	AA
rs688034	CC	CC
rs2943634	CC	AA
rs17228212	TT	TT
rs2713604	CC	CC
rs3803	CG	CC
rs1800787	CC	TT
rs4404477	CG	CC
rs2331291	CG	CC
rs3918242	CG	CC





Niveau de risque: moyenne

**rs556621:** La variante rs556621 sur le chromosome 6p21.1 est associée aux accidents vasculaires cérébraux athérosclérotiques des grandes artères et aux accidents vasculaires cérébraux ischémiques.  
[ PMID ]

**rs17465637:** SNP du gène MIA3 associé à un risque accru d'infarctus du myocarde avec des odds ratios de 1,17 (IC : 1,04-1,32) et 1,37 (IC : 1,08-1,74) pour les porteurs.  
[ PMID 21463265 ] [ PMID 24125424 ] [ PMID 28400043 ]

**rs46522:** Le polymorphisme rs46522 du gène de l'enzyme de conjugaison de l'ubiquitine E2Z est associé à des paramètres métaboliques anormaux chez les patients ayant subi un infarctus du myocarde.  
[ PMID ]

**rs1676232:** Les polymorphismes du gène suppresseur de tumeur LSAMP définissent un haplotype de risque significatif pour la maladie coronarienne de l'artère principale gauche.  
[ PMID 18318786 ] [ PMID 24143143 ]

**rs3782218:** Un polymorphisme d'un seul nucléotide de la synthase de l'oxyde nitrique (NOS) est associé à la maladie coronarienne.  
[ PMID 24713495 ]

**rs1412444:** Un polymorphisme d'un seul nucléotide dans le gène LIPA (lipase acide lysosomale A) est associé à une prédisposition aux maladies coronariennes prématurées.  
[ PMID 21606135 ]

**rs2107595:** La variante Rs2107595 de HDAC9 modifie la susceptibilité à la maladie coronarienne et la gravité de l'athérosclérose coronarienne.  
[ PMID 26093197 ] [ PMID 27494404 ] [ PMID 29695241 ]

**rs11984041:** La variante HDAC9 associée à l'accident vasculaire cérébral ischémique contribue à l'athérosclérose carotidienne.  
[ PMID 22306652 ] [ PMID 23449258 ] [ PMID 27025970 ] [ PMID 27642596 ]



## Athérosclérose

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs9632884	CG	GG
rs1878406	CC	CC
rs4712972	GG	GG
rs17045031	GG	GG
rs445925	GG	GG
rs9515203	TT	CC
rs958994	AG	AA
rs17691394	AG	AA
rs2229116	AG	GG
rs17151904	CG	GG
rs1697137	AA	TT
rs588517	CC	CC
rs13053817	CC	CC
rs147555597	CG	GG
rs9727451	CG	GG
rs11413744	TA	TT
rs4779614	CG	CC
rs259140	CG	GG
rs17398575	AG	GG
rs11781551	CG	GG
rs6601530	AA	AA
rs6511720	GG	GG
rs11726269	AA	AA
rs682112	CG	GG
rs2526620	AA	AA
rs118039278	CG	GG
rs8003602	CG	CC
rs10841443	CG	CC
rs112043140	CG	CC



rs2822693	CC	CC
rs1108775	GG	GG
rs1856746	AG	GG
rs2791713	AA	AA
rs291096	AA	TT
rs11012265	AC	CC
rs17366136	TG	GG
rs10830090	CG	GG
rs17078595	AA	AA
rs6894083	AG	AA
rs890710	CC	CC
rs1035208	CG	CC
rs6900057	TA	AA
rs12285326	GG	GG



Niveau de risque: moyenne

**rs9632884:** Association du locus 9p21-3 avec l'athérosclérose coronarienne et la maladie coronarienne.  
[\[ PMID 24906238 \]](#) [\[ PMID 26958643 \]](#) [\[ PMID 27096864 \]](#)

**rs2229116:** La variante du gène RYR3 est associée à un risque accru d'athérosclérose carotidienne chez les personnes immunodéprimées.  
[\[ PMID 20009918 \]](#) [\[ PMID 24561552 \]](#) [\[ PMID 30182779 \]](#)

**rs1856746:** La dégradation augmente le risque d'athérosclérose coronarienne.  
[\[ PMID 28355232 \]](#)



# Maladies rhumatismales

## Lupus érythémateux disséminé

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs1143679	AG	GG
rs2004640	CG	GG
rs13385731	TT	TT
rs2230926	TT	TT
rs7574865	TG	GG
rs3821236	GG	GG
rs13277113	AG	GG
rs403016	CC	CC
rs10954213	AA	GG
rs10499197	TT	TT
rs704840	TT	TT
rs2275247	TT	TT
rs2736340	TC	CC
rs12711490	TT	TT
rs13239597	CC	CC
rs1635852	CC	TT
rs11860650	TC	CC
rs9303277	TT	CC
rs960709	AG	GG
rs2176082	GG	GG
rs7172677	CG	CC
rs10498070	AA	AA
rs2051549	AA	AA
rs10488631	TT	TT
rs548234	TC	TT
rs11574637	TC	TT
rs9937837	TG	TT
rs131654	TT	TT





rs6445975	TT	TT
rs12537284	GG	GG
rs2205960	GG	GG
rs3131379	GG	GG
rs558702	GG	GG
rs2301271	GG	GG
rs6049839	TG	GG
rs4917014	TG	GG
rs5754217	GG	GG
rs4639966	TC	TT
rs4963128	TC	CC
rs10036748	TC	TT
rs4684256	TC	CC
rs1128334	CC	CC
rs2618476	TC	TT
rs2431697	TC	CC
rs9271100	CC	CC
rs10911628	CC	CC
rs8023715	CC	CC
rs5029939	CC	CC
rs2187668	CC	CC
rs1385374	CC	CC
rs9888739	TC	CC
rs1150754	CC	CC
rs12949531	CC	CC
rs2647012	CC	CC
rs7812879	CC	CC
rs7197475	CC	CC
rs11101442	TC	CC
rs4728142	AA	GG
rs10516487	GG	GG
rs10276619	AA	AA



rs6695567	AA	AA
rs6590330	GG	GG
rs7329174	AA	AA
rs729302	AA	AA
rs1801274	GG	AA
rs1913517	AG	GG
rs1800629	GG	GG
rs1883832	TC	CC
rs4948496	TC	TT
rs12599402	TC	CC
rs10857712	TT	TT
rs2254546	GG	GG
rs7097397	CG	GG
rs4522865	AA	GG
rs12629106	CC	CC
rs3130320	CG	CC
rs6705628	CC	CC
rs340630	GG	GG
rs11150610	CC	CC
rs6804441	N/A	AA
rs13306575	GG	GG
rs2248932	AG	GG
rs3024505	GG	GG
rs3129860	GG	GG
rs17266594	TA	TT
rs633724	TC	CC
rs2431099	AA	AA
rs2327832	AA	AA
rs3748079	CC	CC
rs4794067	TT	TT
rs1205	TT	CC
rs907715	AC	CC



rs17250932	TA	TT
rs1800630	AC	CC
rs419788	CC	CC
rs3093061	TA	TT
rs3733197	GG	GG
rs6835457	TA	AA
rs2304256	AC	AA
rs2075799	CC	CC
rs2280381	TA	TT
rs2071278	AA	AA
rs11569523	CC	CC
rs11117956	TT	TT
rs932859	N/A	TT
rs2250656	TC	TT
rs17047631	TA	TT
rs677066	TT	TT
rs423490	AG	GG
rs3738468	GG	GG
rs10779339	CG	CC
rs2230205	AC	CC
rs4310446	AA	TT
rs11118131	CG	CC
rs4807895	AG	GG
rs3818361	GG	GG
rs12034383	AA	GG
rs6656401	GG	GG
rs2025935	GG	GG
rs1408077	CG	CC
rs1571344	AA	AA
rs1990760	TC	CC
rs2618479	GG	GG
rs1167796	CG	GG



rs610604	TG	TT
rs9275596	AA	TT
rs3024839	TA	TT
rs5744168	AG	GG
rs11889341	TC	CC
rs10168266	CC	CC
rs3024896	CC	CC
rs1517352	AC	AA
rs10181656	CC	CC
rs7582694	CG	GG
rs509749	AG	GG
rs2241524	CG	GG
rs172378	AG	AA
rs9275572	GG	GG
rs11717455	TT	TT
rs9270984	GG	GG
rs11073328	CC	CC
rs12141391	CC	CC
rs979233	AC	CC
rs12822507	GG	AA
rs4852324	TT	TT
rs3734266	TT	TT
rs17039212	CC	CC
rs10845606	AC	CC
rs10911390	CC	CC
rs4622329	AG	AA
rs7186852	AA	AA
rs34015031	TA	TT
rs35131781	CA	AA
rs241428	TT	TT
rs3745567	TC	CC
rs9276606	AA	AA





Niveau de risque: moyenne

**rs4728142:** Validation de IRF5 en tant que gène de risque de sclérose en plaques : rôle putatif dans l'infection par le virus de l'herpès humain 6.  
[ PMID 18285424 ] [ PMID 20861862 ]

**rs1143679:** La variante codante ITGAM (rs1143679) influence le risque de maladie rénale, d'éruption discoïde et de manifestations immunologiques chez les patients atteints de lupus érythémateux disséminé.  
[ PMID 19129174 ] [ PMID 19939855 ] [ PMID 24269694 ] [ PMID 24608226 ] [ PMID 25315704 ]

**rs2004640:** L'allèle IRF5 rs2004640-T, un nouveau facteur génétique du lupus érythémateux disséminé, n'est pas associé à la polyarthrite rhumatoïde.  
[ PMID 15657875 ] [ PMID 16642019 ] [ PMID 17158136 ] [ PMID 17166181 ] [ PMID 19043711 ] [ PMID 31347288 ]

**rs7574865:** "1,3 fois le risque de polyarthrite rhumatoïde ; 1,55 fois le risque de lupus érythémateux disséminé ; 1,42 fois le risque de syndrome de Sjögren ; augmentation du risque de diabète de type 1 à début précoce ; et augmentation du risque de cirrhose biliaire primitive."  
[ PMID 17804842 ] [ PMID 17932559 ] [ PMID 18576330 ] [ PMID 18703106 ] [ PMID 19120275 ] [ PMID 19458352 ] [ PMID 19479340 ]

**rs13277113:** Le génotype rs13277113 associé à la voie BLK est plus fréquent chez les patients atteints de lupus érythémateux disséminé et est associé à une faible expression du gène et à une fréquence accrue d'exacerbations.  
[ PMID 19180478 ] [ PMID 21152986 ] [ PMID 27864698 ]

**rs2736340:** Le polymorphisme FAM167A-BLK rs2736340 est associé à la susceptibilité aux maladies auto-immunes, en particulier la polyarthrite rhumatoïde et le lupus érythémateux disséminé.  
[ PMID 19838195 ] [ PMID 21068098 ] [ PMID 21905002 ] [ PMID 27105348 ]

**rs11860650:** Les polymorphismes du gène ITGAM confèrent un risque plus élevé de lupus érythémateux cutané discoïde que de lupus érythémateux systémique.  
[ PMID 19129174 ] [ PMID 19838195 ] [ PMID 21068098 ] [ PMID 21151989 ]

**rs4639966:** Le polymorphisme nucléotidique simple rs4639966 en 11q23.3 est associé aux manifestations cliniques du lupus érythémateux disséminé.  
[ PMID 22291604 ] [ PMID 23002088 ] [ PMID 24001599 ]



## Polyarthrite rhumatoïde

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs11676922	AA	TT
rs26232	TC	CC
rs10818488	AG	GG
rs3218251	TA	TT
rs13315591	TT	TT
rs9372120	TG	TT
rs67250450	TT	CC
rs7765379	TT	TT
rs11761231	TC	TT
rs12529514	TC	TT
rs4409785	TT	TT
rs13142500	TA	TT
rs998731	CC	TT
rs10821944	TG	TT
rs12831974	TT	TT
rs13330176	AA	TT
rs11089637	TT	TT
rs4780401	TG	TT
rs7574865	TG	GG
rs231735	TG	TT
rs13031237	TG	GG
rs3093023	GG	GG
rs2867461	CG	GG
rs4750316	CG	GG
rs2561477	AG	GG
rs9826828	GG	GG
rs6920220	GG	GG
rs6732565	AG	GG
rs678347	AA	AA



rs657075	AG	GG
rs11889341	TC	CC
rs1877030	TC	CC
rs73013527	TT	CC
rs3824660	TC	TT
rs2736337	TA	TT
rs2469434	TA	TT
rs3184504	TC	CC
rs615672	CG	GG
rs6859219	AC	CC
rs10499194	CC	CC
rs71508903	TC	CC
rs6496667	AC	CC
rs2961663	CG	CC
rs6679677	CC	CC
rs6715284	CG	CC
rs726288	CC	CC
rs6457620	CC	CC
rs4452313	TT	AA
rs8133843	AA	AA
rs11574914	GG	GG
rs2664035	AG	GG
rs2847297	AA	AA
rs3087243	AG	AA
rs2240335	CC	CC
rs805297	AC	CC
rs660895	AA	AA
rs10865035	AA	AA
rs10774624	AA	AA
rs3761847	AG	AA
rs2671692	AG	GG
rs10985070	AC	CC



rs2104286	TT	TT
rs6457617	TT	TT
rs3816587	TC	TT
rs2837960	TT	TT
rs13192841	GG	GG
rs6822844	TG	GG
rs3890745	TC	TT
rs2240340	TT	CC
rs1953126	TC	CC
rs7528684	AG	GG
rs743777	AA	AA
rs6684865	AG	GG
rs9550642	CG	GG
rs3738919	CC	AA
rs2327832	AA	AA
rs11162922	AA	AA
rs11203366	GG	AA
rs10488631	TT	TT
rs8032939	TT	TT
rs13192471	TT	TT
rs331463	TT	TT
rs2317230	TA	TT
rs1950897	CC	TT
rs2230926	TT	TT
rs1571878	TT	TT
rs3781913	TG	TT
rs4810485	TG	TT
rs4305317	GG	GG
rs3093024	GG	GG
rs12131057	AG	GG
rs9275406	GG	GG
rs8026898	GG	GG





rs1043099	GG	GG
rs2075876	AA	GG
rs2872507	AG	GG
rs2841277	TC	CC
rs1980422	TC	TT
rs34695944	TC	TT
rs2451258	TC	TT
rs3125734	CC	CC
rs1516971	TT	TT
rs11933540	TC	TT
rs2736340	TC	CC
rs227163	CC	TT
rs874040	CG	GG
rs968567	CC	CC
rs72634030	CC	CC
rs11900673	CC	CC
rs881375	TC	CC
rs624988	CC	CC
rs2233424	CC	CC
rs9653442	TT	CC
rs28411352	CC	CC
rs73081554	CC	CC
rs2582532	CC	CC
rs1858037	AT	TT
rs909685	TT	AA
rs6910071	AG	AA
rs9571178	AG	GG
rs2812378	AA	AA
rs11203203	AA	GG
rs934734	AG	AA
rs4272	AA	AA
rs13017599	AG	GG



rs3806624	GG	GG
rs10175798	AA	GG
rs1893592	AA	AA
rs13119723	AA	AA
rs45475795	AA	AA
rs951005	AA	AA
rs947474	AG	AA
rs12140275	AA	AA
rs9268839	AA	AA
rs2233434	AA	AA
rs4678	GG	GG
rs12525220	GG	GG
rs7731626	AA	GG
rs2072438	TC	CC
rs1854853	GG	AA
rs12379034	AG	AA
rs3763309	AC	CC
rs1160542	CG	GG
rs1678542	GG	GG
rs2476601	GG	GG
rs5029937	CG	GG
rs10760130	CG	GG
rs3766379	TC	CC
rs6682654	AA	AA
rs2442728	TT	GG



Niveau de risque: moyenne

**rs11676922:** La combinaison des polymorphismes CD28 (rs1980422) et IRF5 (rs10488631) est associée à la séropositivité dans la polyarthrite rhumatoïde.

[ [PMID 27092776](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27092776/) ]



Ceci est un exemple de rapport.  
 Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

**rs3738919:** L'allèle ITGAV rs3738919-C est associé à la polyarthrite rhumatoïde chez les Caucasiens.  
[ PMID 17615072 ] [ PMID 19818132 ]

**rs26232:** Le variant C5orf30 rs26232 est un régulateur négatif des lésions tissulaires dans la polyarthrite rhumatoïde et est associé aux lésions articulaires dans la polyarthrite rhumatoïde.  
[ PMID 23817893 ] [ PMID 26316022 ]

**rs10818488:** Le polymorphisme rs10818488 dans la région TRAF1/C est associé à une prédisposition génétique à la polyarthrite rhumatoïde et au lupus érythémateux disséminé.  
[ PMID 23321589 ] [ PMID 27536202 ] [ PMID 31530986 ]

**rs7574865:** "1,3 fois le risque de polyarthrite rhumatoïde ; 1,55 fois le risque de lupus érythémateux disséminé ; 1,42 fois le risque de syndrome de Sjögren ; augmentation du risque de diabète de type 1 à début précoce ; et augmentation du risque de cirrhose biliaire primitive."  
[ PMID 17804842 ] [ PMID 17932559 ] [ PMID 18576330 ] [ PMID 18703106 ] [ PMID 19120275 ] [ PMID 19458352 ] [ PMID 19479340 ]

**rs3184504:** Variante du risque génétique de la maladie cœliaque associée à la réponse immunitaire. Le diabète de type 1 est également associé à un porteur.  
[ PMID 18311140 ] [ PMID 18978792 ] [ PMID 19073967 ] [ PMID 20546165 ] [ PMID 20854658 ] [ PMID 21873553 ] [ PMID 24936253 ]

**rs3087243:** La variante allélique CTLA4 modifie les schémas de phosphorylation des cellules T et entraîne un risque accru de maladies auto-immunes.  
[ PMID 17554260 ] [ PMID 17606874 ] [ PMID 18940880 ] [ PMID 21121051 ]

**rs6822844:** Combinée à la cassure rs13119723, l'étude a montré l'association la plus forte avec la maladie cœliaque chez les patients caucasiens.  
[ PMID 17558408 ]



# Maladies féminines

## Endométriose

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs10965235	CC	CC
rs10859871	AA	AA
rs16826658	TT	TT
rs1537377	TT	TT
rs7739264	TC	TT
rs12700667	AA	GG
rs7521902	CG	CC
rs2235529	CC	CC
rs13394619	AA	AA
rs9340799	AA	AA
rs6907340	TC	TT
rs801112	TT	TT
rs12449465	TT	TT
rs7816936	CC	TT
rs10431397	CG	CC
rs11193561	TC	CC
rs10508881	GG	AA



Niveau de risque: moyenne

**rs12700667:** Risque accru d'endométriose ovarienne.

[ PMID 21151130 ] [ PMID 23104006 ] [ PMID 23142796 ] [ PMID 23315067 ] [ PMID 24676469 ] [ PMID 26337243 ] [ PMID 27233752 ] [ PMID 30010178 ] [ PMID 30988702 ] [ PMID 32232822 ]

**rs7739264:** Polymorphismes associés au risque d'infertilité et à l'endométriose.

[ PMID 23104006 ] [ PMID 24676469 ] [ PMID 25678572 ] [ PMID 26337243 ] [ PMID 30010178 ] [ PMID 30988702 ]

**rs7521902:** Variante génétique sous-jacente au risque d'endométriose.

[ PMID 21151130 ] [ PMID 23104006 ] [ PMID 23142796 ] [ PMID 23315067 ] [ PMID 24319535 ] [ PMID 24676469 ] [ PMID 25678572 ] [ PMID 26139156 ] [ PMID 26337243 ] [ PMID 28901453 ] [ PMID 30770928 ] [ PMID 30988702 ] [ PMID 32143537 ] [ PMID 33113402 ]



Ceci est un exemple de rapport.

Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:

<https://tendna.com/pm0>

## Infertilité et fausse couche

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs955988	N/A	TT
rs12097821	GG	GG
rs35576928	CG	CC
rs9814870	AG	AA
rs6068020	TC	CC
rs10841496	AC	CC
rs10917151	CG	GG
rs10122243	CG	CC
rs3129878	AA	AA
rs498422	TA	TT
rs6836703	CG	GG
rs2293275	TC	TT
rs2301365	CG	GG
rs10910078	TC	CC
rs2477686	CC	CC
rs10842262	GC	GG
rs2010963	CG	GG
rs3918188	CG	CC
rs1053023	TA	TT
rs1799983	CG	GG
rs360717	GG	GG
rs2070744	TC	CC
rs187238	CG	CC
rs4680	AG	GG
rs1052133	CG	CC
rs9939609	TT	TT
rs3025039	TC	CC
rs17880664	AA	AA
rs1048943	TT	TT



rs1799963	GG	GG
rs6025	CC	CC
rs2232365	TC	CC
rs6505162	CC	CC
rs2275913	GG	GG
rs763780	TT	TT
rs4646903	AA	AA
rs1805087	AA	AA
rs113588187	CG	CC
rs146350366	TA	AA
rs138993181	CG	CC
rs7859844	CG	GG
rs143445068	CG	GG
rs183453668	CG	GG
rs10270417	TA	TT



Niveau de risque: moyenne

**rs35576928:** Le polymorphisme du gène de la protamine est associé à l'asthénozoospermie chez les hommes.

[ [PMID 30123866](#) ]

**rs2293275:** Un polymorphisme du gène du récepteur de l'hormone lutéinisante de la gonadotrophine chorionique (rs2293275) est associé au syndrome des ovaires polykystiques.

[ [PMID 25565299](#) ]

**rs1053023:** Le polymorphisme STAT3 est associé aux fausses couches habituelles idiopathiques.

[ [PMID 20059466](#) ] [ [PMID 23065274](#) ] [ [PMID 23193966](#) ]

**rs1799983:** Diminue l'activité du gène NOS3 et peut réduire l'efficacité du processus de méthylation. Il est également associé à une augmentation des marqueurs de risque de problèmes cardiovasculaires, tels que le cholestérol total et les lipoprotéines de faible densité (LDL), et à un risque accru d'hypertension artérielle, en particulier chez les femmes enceintes.

[ [PMID 20409549](#) ]

**rs4680:** L'étude a montré une augmentation de 10 % de l'homocystéine plasmatique totale (tHcy).

[ [PMID 18064318](#) ]



# Tumeurs malignes

## Tumeurs malignes des organes respiratoires

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs8034191	TC	TT
rs2808630	TT	TT
rs1051730	AG	GG
rs763317	AA	GG
rs7086803	AG	GG
rs4488809	TT	TT
rs4324798	AG	GG
rs61764370	AA	AA
rs2853677	AG	AA
rs4254535	TC	TT
rs3117582	TT	TT
rs7216064	GG	GG
rs2395185	GG	GG
rs1530057	GG	GG
rs10197940	TC	CC
rs2352028	CG	CC
rs402710	TC	TT
rs10849605	TC	TT
rs36600	TT	CC
rs401681	TC	TT
rs8042374	AA	AA
rs753955	AG	AA
rs2736100	AC	AA
rs9387478	AC	AA
rs1926203	AA	CC
rs4975616	AG	AA
rs12613938	TT	CC
rs1267601	TT	TT



rs6740703	AG	AA
rs1267622	GG	AA
rs7591913	GG	GG
rs13314271	TT	CC
rs17879961	CA	AA
rs11571833	AA	AA
rs3749971	AG	GG
rs3131379	GG	GG
rs13180	TC	CC
rs31489	AC	AA
rs1270942	AA	AA
rs2684807	TC	TT
rs2684799	TC	CC
rs7170035	AA	AA
rs10508266	CG	GG
rs3750861	TC	CC
rs17576	AG	AA
rs2250889	CC	GG
rs7727912	TA	TT
rs805297	AC	CC
rs805293	TA	TT
rs707939	AC	CC
rs1802127	CC	CC
rs4461039	AA	AA
rs16969968	AG	GG
rs12914385	TC	CC
rs12440014	CC	CC
rs1316971	GG	GG
rs10937405	CC	TT
rs3817963	TC	TT
rs1663689	TA	TT
rs6489769	TC	TT





rs12296850	AA	GG
rs4809957	AA	AA
rs6141383	CG	GG
rs31490	AG	GG
rs2895680	TA	TT



Niveau de risque: moyenne

**rs763317:** Un SNP de l'intron 1 de l'EGFR multiplie par 3,5 le risque d'adénocarcinome pulmonaire.  
[\[ PMID 19026460 \]](#) [\[ PMID 20068085 \]](#)

**rs10937405:** Les variations du TP63 sont associées à une prédisposition à l'adénocarcinome pulmonaire.  
[\[ PMID 24092572 \]](#) [\[ PMID 27162544 \]](#) [\[ PMID 31204706 \]](#) [\[ PMID 35222588 \]](#)

**rs8034191:** Une région du chromosome 5p15 associée au risque d'adénocarcinome.  
[\[ PMID 18385676 \]](#) [\[ PMID 19641473 \]](#) [\[ PMID 19836008 \]](#) [\[ PMID 24254305 \]](#)

**rs1051730:** Le polymorphisme nucléotidique simple CHRNA3 multiplie par 1,8 le risque de cancer du poumon. Il contribue également à une diminution de la réponse à l'alcool, d'où un risque accru d'abus d'alcool.  
[\[ PMID 19465454 \]](#) [\[ PMID 19733931 \]](#) [\[ PMID 23056235 \]](#)

**rs7086803:** Les polymorphismes d'un seul nucléotide dans le gène VTI1A contribuent à la susceptibilité au cancer du poumon non à petites cellules.  
[\[ PMID 25744365 \]](#) [\[ PMID 28949031 \]](#)

**rs4324798:** La variante de susceptibilité au cancer du poumon TERT-CLPTM1L est associée à une formation plus importante d'adduits à l'ADN dans les poumons et à une susceptibilité au cancer du poumon.  
[\[ PMID 19465454 \]](#) [\[ PMID 20548021 \]](#) [\[ PMID 23959479 \]](#)

**rs2853677:** La variation génétique du gène TERT est associée à une prédisposition au cancer du poumon non à petites cellules et à la leucémie.  
[\[ PMID 21771723 \]](#) [\[ PMID 27191258 \]](#) [\[ PMID 31126249 \]](#)

**rs16969968:** L'allèle de risque du récepteur nicotinique de l'acétylcholine CHRNA5 entraîne un risque plus élevé de dépendance à la nicotine et de cancer du poumon, mais un risque plus faible de dépendance à la cocaïne.  
[\[ PMID 18227835 \]](#) [\[ PMID 18385738 \]](#) [\[ PMID 18519132 \]](#) [\[ PMID 18519524 \]](#) [\[ PMID 18957677 \]](#) [\[ PMID 19010884 \]](#) [\[ PMID 20581870 \]](#) [\[ PMID 29993116 \]](#)



# Mélanome

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs12203592	CC	CC
rs885479	GG	GG
rs258322	GG	GG
rs3219090	CC	TT
rs16953002	GG	GG
rs1110400	TT	TT
rs872071	AG	AA
rs2228479	GG	GG
rs154659	TT	TT
rs61996344	TA	TT
rs3212361	CG	GG
rs1805009	GG	GG
rs1805005	TT	GG
rs11547464	GG	GG
rs1805008	CC	CC
rs1805007	CC	CC
rs17119461	TT	TT
rs1393350	GG	GG
rs2284063	GG	AA
rs13016963	AG	GG
rs45430	TC	TT
rs7412746	TC	CC
rs4785763	CC	CC
rs7023329	AA	GG
rs35390	AA	AA
rs910873	AG	GG
rs1800407	CC	CC
rs1885120	CG	GG
rs861539	AA	GG



rs13181	TG	TT
rs1267601	TT	TT



Niveau de risque: moyenne

**rs3219090:** Une variante intronique commune de PARP1 augmente le risque de mélanome.  
[ [PMID 28759004](#) ]

**rs1805005:** Variante du gène du récepteur de l'hormone de stimulation des mélanocytes responsable d'une part importante du risque de mélanome malin de la peau.  
[ [PMID 9302268](#) ] [ [PMID 10631149](#) ] [ [PMID 16601669](#) ] [ [PMID 19585506](#) ]

**rs872071:** Le polymorphisme IRF4 rs872071 entraîne une susceptibilité à la leucémie lymphocytaire chronique, au lymphome de Hodgkin, au cancer de la peau et aux hémopathies malignes.  
[ [PMID 19804451](#) ] [ [PMID 20332261](#) ] [ [PMID 20602913](#) ] [ [PMID 24906573](#) ]

**rs910873:** Le risque de mélanome malin est multiplié par 3.  
[ [PMID 18488026](#) ] [ [PMID 20224305](#) ]



# Sarcome

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs5742909	CG	CC
rs2279744	TT	TT
rs1800795	GG	CC
rs231775	AA	AA
rs11203289	GG	GG
rs587776649	CG	GG
rs587776653	CG	GG
rs104886003	GG	GG
rs878854590	CG	GG
rs80338843	CC	CC
rs878854591	CG	CC
rs80338845	GG	GG
rs878854594	CC	CC
rs201372601	GG	GG
rs11540652	CC	CC
rs6734469	CG	GG



Niveau de risque: moyenne

**rs5742909:** Le polymorphisme de l'antigène cytotoxique T-lymphocyte cytotoxique-4 augmente la susceptibilité au sarcome d'Ewing.

[ [PMID 22905924](#) ] [ [PMID 30235774](#) ]

**rs6734469:** Les polymorphismes des gènes p53 14-3-3tau et du réseau CD44 influencent l'incidence et la survie des sarcomes.

[ [PMID 19996285](#) ]



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

## Tumeurs malignes de la glande thyroïde

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs199752932	AA	AA
rs1800860	AG	AA
rs9282834	GG	GG
rs17158558	CC	CC
rs1800858	GG	AA
rs6983267	TG	TT
rs944289	CC	CC
rs2961920	AC	CC
rs965513	AG	GG
rs966423	TC	TT
rs2439302	CG	CC
rs116909374	CC	CC
rs1867277	CG	GG
rs2910164	CG	GG
rs1443434	TA	TT



Niveau de risque: moyenne

**rs1800858:** Les polymorphismes de l'initiateur de la voie de signalisation RET sont associés à la susceptibilité au carcinome papillaire sporadique de la thyroïde.

[ [PMID 11950855](#) ] [ [PMID 16091499](#) ] [ [PMID 18284634](#) ] [ [PMID 23059849](#) ]

**rs1800860:** Le polymorphisme RET tagSNP est associé à la gravité clinique et à la fonction thyroïdienne chez les patients atteints de cancer différencié de la thyroïde.

[ [PMID 29131865](#) ]

**rs6983267:** SNP sur le chromosome 8q24 associé à un risque accru de cancer de la prostate et de cancer colorectal pouvant être traité par l'aspirine.

[ [PMID 17618282](#) ] [ [PMID 18172290](#) ] [ [PMID 18362937](#) ] [ [PMID 18372901](#) ] [ [PMID 18768513](#) ] [ [PMID 19047180](#) ] [ [PMID 19561607](#) ] [ [PMID 21483638](#) ] [ [PMID 21567271](#) ] [ [PMID 33432117](#) ] [ [PMID 33713253](#) ]

**rs2961920:** Rupture associée au cancer papillaire de la thyroïde, qui est la forme la plus courante de cancer de la thyroïde et qui se traite bien.

[ [PMID](#) ]

**rs965513:** Prédilection génétique au cancer familial non médullaire de la thyroïde.



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

[ [PMID 20628519](#) ] [ [PMID 21730105](#) ] [ [PMID 24723258](#) ]

**rs966423:** Le polymorphisme rs966423 dans DIRC3 est associé au carcinome papillaire de la thyroïde.  
[ [PMID 26490305](#) ] [ [PMID 32059462](#) ]

**rs2439302:** Le polymorphisme rs2439302 est associé au cancer de la thyroïde.  
[ [PMID 25562676](#) ] [ [PMID 35558387](#) ]



## Tumeurs malignes du système hématopoïétique

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs4129267	TC	CC
rs4537545	TC	CC
rs1801282	GG	CC
rs7089424	TA	TT
rs4132601	TG	TT
rs17505102	GG	GG
rs563507	GG	GG
rs2239633	AG	AA
rs674313	TT	CC
rs4987852	TC	TT
rs305061	TC	TT
rs2466035	TC	TT
rs13397985	TT	TT
rs2511714	TG	TT
rs31490	AG	GG
rs4406737	AA	AA
rs6858698	GG	GG
rs210134	GG	AA
rs9273012	AA	AA
rs7944004	GG	GG
rs1439287	AG	GG
rs4368253	TC	TT
rs1044873	TC	TT
rs17246404	TC	TT
rs10936599	CC	CC
rs11022157	CC	CC
rs757978	CC	CC
rs210142	CC	TT
rs1679013	TT	TT



rs9273363	CC	CC
rs391023	TC	TT
rs11636802	AA	AA
rs11083846	GG	GG
rs735665	AG	GG
rs872071	AG	AA
rs391525	AG	AA
rs3769825	AG	AA
rs2456449	AA	AA
rs926070	AA	GG
rs9378805	CC	AA
rs2236256	AA	AA
rs898518	AA	CC
rs17483466	AA	AA
rs1800682	GG	GG
rs7176508	GG	GG
rs13401811	GG	AA
rs76428106	AA	TT
rs35602083	CG	CC
rs61756766	CG	GG
rs2075726	GG	AA
rs1036935	CG	GG
rs1800566	GG	GG
rs2858870	TA	TT
rs9268528	GG	AA
rs9268542	GG	AA
rs6903608	CC	TT
rs204999	AA	AA
rs2019960	TT	TT
rs501764	TT	TT
rs2395185	GG	GG
rs2069757	GG	GG





rs2248462	GG	GG
rs27524	GG	GG
rs20541	GG	GG
rs444929	TA	TT
rs7745098	CC	TT
rs1860661	AG	GG
rs3806624	GG	GG
rs1432295	AA	AA
rs6691170	TG	GG
rs11249433	AA	AA
rs16754	TC	TT
rs10821936	TC	TT
rs11978267	AG	AA
rs3731217	AA	AA
rs796065343	GG	CC
rs1057519753	CG	GG
rs77375493	GG	GG
rs121913459	CC	CC
rs121913461	TT	TT
rs121913237	CG	CC
rs662463	CG	GG
rs924607	TC	CC
rs361525	GG	GG
rs909253	AA	AA
rs2239704	AC	AA
rs1801274	GG	AA





Niveau de risque: moyenne

**rs1801282:** Variation du gène du récepteur gamma activé par les proliférateurs de peroxysomes sur la progression du diabète de type 2 et de l'obésité. Risque également plus élevé de maladies cardiovasculaires en cas d'alimentation riche en graisses saturées.

[ [PMID 17213274](#) ] [ [PMID 18091023](#) ] [ [PMID 18598350](#) ] [ [PMID 18694974](#) ] [ [PMID 19020323](#) ]

**rs7089424:** Les variations de 7p12.2 et 10q21.2 affectent le risque de leucémie lymphoblastique aiguë chez l'enfant.

[ [PMID 19684604](#) ] [ [PMID 20460642](#) ] [ [PMID 20919861](#) ] [ [PMID 28381164](#) ]

**rs4132601:** Le polymorphisme IKZF1 rs4132601 entraîne une susceptibilité à la leucémie lymphoblastique aiguë.

[ [PMID 19684604](#) ] [ [PMID 20453839](#) ] [ [PMID 24597983](#) ] [ [PMID 25012940](#) ] [ [PMID 35932035](#) ]

**rs2239633:** Le polymorphisme CEBPE augmente le risque de leucémie lymphoblastique aiguë chez les enfants.

[ [PMID 20919861](#) ] [ [PMID 22422485](#) ] [ [PMID 25195121](#) ] [ [PMID 26388693](#) ]

**rs735665:** Risque accru de 50 % de leucémie lymphocytaire chronique.

[ [PMID 20332261](#) ] [ [PMID 20389242](#) ] [ [PMID 20731705](#) ]

**rs872071:** Le polymorphisme IRF4 rs872071 entraîne une susceptibilité à la leucémie lymphocytaire chronique, au lymphome de Hodgkin, au cancer de la peau et aux hémopathies malignes.

[ [PMID 19804451](#) ] [ [PMID 20332261](#) ] [ [PMID 20602913](#) ] [ [PMID 24906573](#) ]

**rs16754:** Le polymorphisme nucléotidique simple rs16754 du gène WT1 est associé à la myéloléucémie aiguë chez les enfants.

[ [PMID 20644087](#) ] [ [PMID 21189390](#) ] [ [PMID 23070125](#) ] [ [PMID 30468432](#) ]

**rs10821936:** Une variante du gène ARID5B est associée au développement de la leucémie lymphoblastique aiguë chez les enfants mexicains.

[ [PMID 20054350](#) ] [ [PMID 20460642](#) ] [ [PMID 23975371](#) ] [ [PMID 31111395](#) ] [ [PMID 31227872](#) ]



## Tumeurs malignes de la glande mammaire

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs3757318	GG	GG
rs2363956	GG	TT
rs10069690	CC	CC
rs4245739	AA	AA
rs10771399	AA	AA
rs10822013	TT	CC
rs1562430	TT	TT
rs13393577	TT	TT
rs865686	GG	GG
rs10995190	GG	AA
rs13281615	AG	AA
rs2981582	AA	GG
rs1011970	GG	GG
rs9485372	GG	GG
rs2981579	AA	GG
rs2046210	GG	GG
rs11249433	AA	AA
rs8170	GG	GG
rs3803662	AA	GG
rs704010	CC	CC
rs3817198	TT	TT
rs4973768	TT	CC
rs4784227	TC	CC
rs3112612	AG	GG
rs889312	AA	AA
rs2981575	GG	AA
rs13387042	AA	GG
rs2180341	AA	AA
rs1219648	GG	AA



rs11242675	TT	CC
rs2380205	CC	TT
rs10510102	TC	TT
rs1436904	TG	GG
rs9383938	GG	GG
rs7072776	GG	GG
rs2823093	GG	GG
rs6788895	GG	GG
rs720475	AG	GG
rs4849887	TA	TT
rs909116	CC	CC
rs1432679	TT	TT
rs999737	TC	CC
rs11199914	TC	CC
rs12922061	CC	CC
rs2284378	TC	CC
rs17530068	CC	TT
rs17356907	AA	GG
rs10941679	GG	AA
rs7904519	AG	AA
rs6504950	AA	AA
rs3760982	AA	GG
rs3734805	AA	AA
rs8100241	AA	AA
rs2588809	TC	CC
rs2981578	CC	CC
rs6472903	TT	GG
rs16886165	TT	TT
rs3903072	GG	GG
rs6556756	TG	TT
rs737387	AG	GG
rs4455437	AA	AA



rs12493607	GC	GG
rs527616	GC	CC
rs7535752	GG	GG
rs16857609	CC	CC
rs10853029	TT	TT
rs12422552	GG	GG
rs10759243	CC	CC
rs11780156	CC	CC
rs12355688	CC	CC
rs12710696	TT	CC
rs1926657	CC	CC
rs11820646	TT	TT
rs9790517	TC	CC
rs10472076	TT	TT
rs9693444	AA	CC
rs11075995	TA	TT
rs13329835	AG	AA
rs1078806	TA	AA
rs11571833	AA	AA
rs941764	AG	AA
rs4808801	AA	GG
rs1550623	AA	GG
rs458685	AA	AA
rs11814448	AA	AA
rs6678914	GG	GG
rs63750330	TT	TT
rs1805812	TT	TT
rs41295284	TT	TT
rs78378222	TT	TT
rs769420	GG	GG
rs55819519	CC	CC
rs1799977	AA	AA



rs6470522	GG	GG
rs4986761	TT	TT
rs1800056	TT	TT
rs1799950	TC	TT
rs2227945	TT	TT
rs11571746	TT	TT
rs16942	TT	TT
rs1799954	CC	CC
rs3218695	CC	CC
rs1800058	CC	CC
rs4987117	CC	CC
rs3092856	CC	CC
rs17879961	CA	AA
rs144848	AC	AA
rs11571747	AA	AA
rs1801673	AA	AA
rs4987047	AA	AA
rs1801426	AA	AA
rs28897708	TT	TT
rs28897680	TT	TT
rs1801499	TT	TT
rs11571707	TT	TT
rs28897689	TT	TT
rs4986844	TT	TT
rs56012641	TT	TT
rs28897683	GG	GG
rs8176260	GG	GG
rs11571769	GG	GG
rs1800709	CG	GG
rs28897727	GG	GG
rs1799965	GG	GG
rs28897728	GG	GG



rs28897701	GG	GG
rs8176316	GG	GG
rs56158747	GG	GG
rs9534262	CC	CC
rs4942486	CC	CC
rs1800704	CC	CC
rs1799967	CC	CC
rs4986852	CG	CC
rs28897706	CC	CC
rs55638633	CC	CC
rs169547	CC	CC
rs8176320	CC	CC
rs55716624	CC	CC
rs3092994	CC	CC
rs8176318	CC	CC
rs799923	AA	GG
rs28897710	AA	AA
rs9943888	AG	AA
rs4986854	AA	AA
rs1799944	AA	AA
rs55953736	AA	AA
rs11571640	AA	AA
rs517118	AA	AA
rs1801439	AA	AA
rs11571653	AA	AA
rs56128296	AA	AA
rs28897745	AA	AA
rs2909430	TT	TT
rs17883862	GG	GG
rs1800371	GG	GG
rs2912774	CG	GG
rs2420946	TT	CC



rs1219643	AC	CC
rs1017226	TT	TT
rs16886113	TT	TT
rs16886181	TT	TT
rs7726354	CC	CC
rs2229882	CC	CC
rs16886448	CC	CC
rs653465	TT	TT
rs16886364	AA	AA
rs4784223	AG	AA
rs2392780	AA	AA
rs12655019	AA	AA
rs16886397	AA	AA
rs3822625	AA	AA
rs28897693	TT	TT
rs11571657	TT	TT
rs55969723	AA	AA
rs2842347	TC	TT
rs132390	TC	TT
rs1810320	CG	GG
rs2236007	GG	GG
rs6835704	CC	TT
rs6001930	TT	TT
rs6828523	CC	AA
rs616488	GG	GG
rs6797852	GG	AA
rs2943559	AA	AA
rs6762644	GG	AA
rs204247	AG	AA
rs4322600	GG	GG
rs1292011	AA	GG
rs1045487	AG	GG





rs3769825	AG	AA
rs16941	TT	TT
rs56039126	GG	GG
rs62625307	GG	GG
rs28897692	CC	CC
rs28897677	CC	CC
rs614367	CC	CC
rs41293521	TT	TT



Niveau de risque: faible

**rs2981582:** Le risque de cancer du sein à récepteurs d'œstrogènes positifs (ER+) est 1,7 fois plus élevé.  
[\[ PMID 17529967 \]](#) [\[ PMID 18437204 \]](#) [\[ PMID 18845558 \]](#)

**rs2981579:** Variation du gène FGFR2 et effet d'un régime pauvre en graisses sur le cancer du sein invasif.  
[\[ PMID 17529973 \]](#) [\[ PMID 20056625 \]](#) [\[ PMID 22452962 \]](#) [\[ PMID 26175953 \]](#)

**rs3803662:** L'allèle de risque SNP rs3803662 et les niveaux d'ARNm des gènes voisins TOX3 et LOC643714 prédisent une issue défavorable pour les patientes atteintes d'un cancer du sein.  
[\[ PMID 21475997 \]](#) [\[ PMID 23270421 \]](#) [\[ PMID 29578175 \]](#)

**rs1436904:** La variante génétique CHST9 rs1436904 contribue au pronostic du cancer du sein triple négatif.  
[\[ PMID 28924212 \]](#)



# Néoplasmes malins des organes digestifs

## Cancer colorectal

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs6983267	TG	TT
rs4987188	GG	GG
rs433852	TC	CC
rs8111500	GG	GG
rs3760775	GG	GG
rs12608544	GG	GG
rs2071699	GG	GG
rs11880333	CC	CC
rs441810	AG	AA
rs7030248	GG	GG
rs1047781	AA	AA
rs12603526	TT	TT
rs2423279	TA	TT
rs10849432	TT	TT
rs12309274	TT	TT
rs11903757	TT	TT
rs367615	AT	TT
rs39453	TC	TT
rs4939827	TC	CC
rs6691170	TG	GG
rs7758229	GG	GG
rs4246215	TG	GG
rs9929218	AG	GG
rs10505477	AG	GG
rs7229639	GG	GG
rs7014346	AG	GG
rs34245511	CG	GG
rs1800469	AG	GG



rs11169552	TC	TT
rs10774214	TC	CC
rs1665650	TC	CC
rs10411210	TC	CC
rs10936599	CC	CC
rs2241714	TC	CC
rs2427308	TC	CC
rs4779584	CC	CC
rs961253	CC	CC
rs4591517	TC	CC
rs4925386	TC	TT
rs3217810	CC	CC
rs140355816	CC	CC
rs11255841	TT	AA
rs6687758	AA	AA
rs10795668	GG	AA
rs73376930	AG	AA
rs2057314	AG	GG
rs704017	GG	AA
rs9365723	AG	AA
rs1321311	CC	CC
rs6469656	AA	AA
rs16892766	AA	AA
rs3217901	AG	AA
rs11196172	GG	GG
rs3802842	AA	AA
rs10911251	CC	AA
rs63749924	CC	CC
rs1799977	AA	AA
rs1800734	AG	GG
rs2229995	GG	GG
rs465899	AA	AA



rs719725	AC	CC
rs36053993	CC	CC
rs4464148	TT	TT
rs396991	CA	AA



Niveau de risque: moyenne

**rs6983267:** SNP sur le chromosome 8q24 associé à un risque accru de cancer de la prostate et de cancer colorectal pouvant être traité par l'aspirine.

[ [PMID 17618282](#) ] [ [PMID 18172290](#) ] [ [PMID 18362937](#) ] [ [PMID 18372901](#) ] [ [PMID 18768513](#) ] [ [PMID 19047180](#) ] [ [PMID 19561607](#) ] [ [PMID 21483638](#) ] [ [PMID 21567271](#) ] [ [PMID 33432117](#) ] [ [PMID 33713253](#) ]

**rs2423279:** Une variante génétique associée au risque de cancer colorectal.

[ [PMID 23946381](#) ] [ [PMID 24587672](#) ] [ [PMID 28084440](#) ]

**rs367615:** Predisposition variante au cancer colorectal et au cancer de l'œsophage.

[ [PMID 26078566](#) ]

**rs4939827:** Risque accru de cancer colorectal associé au polymorphisme génétique SMAD7.

[ [PMID 17934461](#) ] [ [PMID 19155440](#) ] [ [PMID 19395656](#) ] [ [PMID 20124488](#) ] [ [PMID 28467803](#) ]

**rs10505477:** La variation génétique en 8q24 est associée au risque de cancer colorectal.

[ [PMID 17630503](#) ] [ [PMID 18056436](#) ] [ [PMID 18839428](#) ] [ [PMID 22363440](#) ]

**rs10411210:** L'analyse d'échantillons à grande échelle met en évidence une association significative entre le polymorphisme rs10411210 et le cancer colorectal.

[ [PMID 20501757](#) ] [ [PMID 20648012](#) ] [ [PMID 26349980](#) ]



## Cancer de l'estomac

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs2276330	TT	TT
rs33935154	GG	GG
rs16260	AC	CC
rs55819519	CC	CC
rs4074785	GG	GG
rs2071543	GG	GG
rs1045487	AG	GG
rs61756766	CG	GG
rs9357155	GG	GG
rs1518111	CG	CC
rs1800896	TT	TT
rs3024493	CC	CC
rs3810936	TC	CC
rs763110	TT	TT
rs4561508	CC	CC
rs4985726	CC	CC
rs11574514	CC	CC
rs2234978	TC	CC
rs3731249	CC	CC
rs2834167	AA	AA
rs735299	AG	GG
rs6924102	AG	AA
rs9276810	CG	GG
rs1800871	AG	GG
rs2157453	CG	GG
rs229527	CC	CC
rs3024490	CG	CC
rs4273077	AA	AA
rs3754935	AA	AA



rs3731217	AA	AA
rs1800682	GG	GG
rs3731211	AA	AA
rs429358	TA	TT
rs140501787	TA	TT
rs4783244	TG	GG
rs2858331	GG	AA
rs7551188	TC	TT
rs1607237	TT	TT
rs2236851	CG	CC
rs870995	AC	CC
rs11706842	CG	CC
rs113613074	CG	CC
rs7501331	CC	CC
rs2236225	AG	GG
rs231775	AA	AA
rs162036	AA	AA
rs63750123	TT	TT
rs3816587	TC	TT
rs35831931	GG	GG
rs7576974	CC	CC
rs12112229	CG	CC
rs6504663	AG	AA
rs87938	GG	GG
rs8057927	TT	TT
rs11245936	GG	GG
rs28360974	CG	GG
rs10514585	GG	GG
rs7934606	CC	CC
rs3765695	CC	CC
rs2517415	CC	CC
rs2517416	CC	CC



rs4728142	AA	GG
rs2274223	AA	AA
rs4072037	TA	TT
rs2294008	CC	CC
rs2976392	GG	GG



Niveau de risque: faible

**rs2858331:** Avec la cassure du gène rs4988889, il s'agit d'un critère de diagnostic de la maladie cœliaque.

**rs4728142:** Validation de IRF5 en tant que gène de risque de sclérose en plaques : rôle putatif dans l'infection par le virus de l'herpès humain 6.

[ [PMID 18285424](#) ] [ [PMID 20861862](#) ]

**rs429358:** L'allèle APOE-E4 a une forte influence sur le risque de développer la maladie d'Alzheimer. Une méta-analyse a estimé que le rapport de cotes pour les individus homozygotes pour le rs429358 était 12 fois plus élevé pour la maladie d'Alzheimer à début tardif et 61 fois plus élevé pour la maladie à début précoce. Les personnes porteuses du génotype de l'allèle C de l'APOE4-4 devraient éviter de manger des animaux élevés avec des plantes/grains qui contiennent plus d'oméga-6 que d'oméga-3. Il est conseillé de pratiquer le végétarisme pour éviter toutes les graisses animales et de mesurer le rapport oméga-3/oméga-6 chez ces personnes. Par ailleurs, les personnes souffrant de l'APOE 4 peuvent obtenir de meilleurs résultats avec des formes non méthylées de B12.

[ [PMID 21263195](#) ] [ [PMID 30665447](#) ]

**rs2236225:** Augmentation possible du risque de malformations congénitales chez le fœtus. Un risque 1,5 fois plus élevé pour les mères caucasiennes de donner naissance à des enfants atteints de DNT (anomalie du tube neural). L'association entre les enfants porteurs de cette mutation et un risque accru de malformations cardiaques est plus importante si leur mère n'a pas reçu suffisamment d'acide folique pendant la grossesse. Le risque est réduit avec des niveaux adéquats d'acide folique et de vitamine B6.

[ [PMID 18767138](#) ] [ [PMID 20544798](#) ] [ [PMID 20890936](#) ]

**rs4072037:** Polymorphisme affectant les taux sériques de magnésium, de potassium et de sodium. Également associé au risque de cancer gastrique.

[ [PMID 20700443](#) ] [ [PMID 21427165](#) ] [ [PMID 24782603](#) ] [ [PMID 24810688](#) ] [ [PMID 32269683](#) ] [ [PMID 32595997](#) ]



## Autres cancers du système digestif

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs9543325	CC	TT
rs372883	TT	CC
rs9573163	CC	CC
rs1547374	AG	AA
rs2255280	AA	AA
rs5768709	AA	AA
rs12413624	TT	AA
rs225190	TC	TT
rs3016539	TT	TT
rs9502893	TC	CC
rs1585440	TG	GG
rs1000589	CG	GG
rs9874556	CG	GG
rs9363918	TG	TT
rs6464375	CC	CC
rs4924935	TC	TT
rs1886449	CG	CC
rs2257205	AC	CC
rs12615966	CC	CC
rs6879627	TC	CC
rs12456874	AA	AA
rs6736997	CG	CC
rs3790844	AA	GG
rs6971499	TC	TT
rs9581943	AG	GG
rs7190458	GG	GG
rs1561927	TC	CC
rs16986825	TC	CC
rs1169310	CG	GG





rs2259816	GG	GG
rs7310409	GG	GG
rs1183910	GG	GG
rs144848	AC	AA
rs1047972	CC	CC
rs12953717	TC	TT
rs2274223	AA	AA
rs17655	GG	CC
rs121909229	CG	GG
rs13181	TG	TT
rs11614913	CC	TT
rs3746444	AA	AA
rs11615	AA	AA
rs1229984	CC	CC
rs1048943	TT	TT
rs505922	TA	TT
rs121908291	CG	CC
rs521102	CG	GG
rs9895829	AA	AA



Niveau de risque: moyenne

**rs9543325:** Locus de prédisposition au cancer du pancréas.

[ [PMID 20101243](#) ] [ [PMID 22125638](#) ] [ [PMID 26929738](#) ] [ [PMID 28172817](#) ]

**rs372883:** Le polymorphisme BACH1 entraîne une prédisposition au cancer du pancréas.

[ [PMID 23250936](#) ] [ [PMID 29930735](#) ]

**rs3790844:** La variation de NR5A2 est associée au risque de cancer du pancréas, en particulier chez les personnes de race blanche.

[ [PMID 21498636](#) ] [ [PMID 22125638](#) ] [ [PMID 26592175](#) ] [ [PMID 29785120](#) ]

**rs11614913:** Une variante du gène MIR196A2 augmente le risque de cancer gastro-intestinal.

[ [PMID 19834808](#) ] [ [PMID 19851984](#) ] [ [PMID 19926640](#) ] [ [PMID 20722507](#) ] [ [PMID 23160898](#) ] [ [PMID 26215064](#) ]

**rs505922:** Le risque de cancer du pancréas est multiplié par 1,2.

[ [PMID](#) ]



Ceci est un exemple de rapport.  
 Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

## Asthme bronchique

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs7216389	CC	CC
rs1051931	AG	AA
rs4950928	CC	CC
rs1805018	AA	AA
rs7009110	CC	CC
rs1837253	TC	TT
rs4833095	CC	CC
rs62026376	TC	TT
rs1438673	TA	TT
rs17294280	AA	AA
rs72699186	AA	AA
rs10197862	AA	GG
rs6754459	CC	CC
rs20541	GG	GG
rs1800925	AC	CC
rs2066960	CC	CC
rs1295686	CC	CC
rs848	CG	CC
rs17218161	TT	TT
rs2473967	TA	TT
rs16929097	GG	GG
rs7927044	GG	GG
rs12570188	CC	CC
rs9815663	CC	CC
rs4658627	GG	GG
rs7328278	AA	AA
rs10521233	AA	AA
rs2303067	AG	AA
rs17334242	AA	AA



rs4986790	AA	AA
rs4986791	CC	CC
rs1801105	AC	CC
rs2280089	GG	GG
rs2280090	CG	GG
rs612709	CG	GG
rs574174	CC	CC
rs44707	TG	TT
rs2787094	GG	CC
rs569108	AA	AA
rs324981	AA	AA
rs1154404	AA	AA
rs4794067	TT	TT
rs2074190	AA	AA
rs9910408	CG	GG
rs2240017	CG	CC
rs16947078	TA	AA
rs11650354	CC	CC
rs2070874	CC	CC
rs2241712	CG	CC
rs2278206	CG	GG
rs4378650	CG	GG
rs12603332	TT	TT
rs8067378	GG	AA
rs6591255	AT	TT
rs1800896	TT	TT
rs3024492	TA	TT
rs3024496	AA	AA
rs3802780	CG	GG
rs1978331	GG	AA
rs11569562	AG	AA
rs1042713	GG	GG



rs1446495	AA	AA
rs3918396	CC	TT
rs689465	TT	CC
rs2407992	CC	CC
rs320995	AA	GG
rs2251746	TT	CC
rs2427837	GG	AA
rs8069176	AG	AA
rs2305480	AG	GG
rs4795400	CG	CC
rs3741240	AG	GG
rs12422149	GG	GG
rs3804100	TT	TT
rs11650680	CG	CC
rs8193036	TT	TT
rs1420101	CC	CC
rs7740529	CC	CC
rs10402876	CC	CC
rs366510	CG	GG
rs1334710	AA	AA
rs4959389	AA	AA
rs977785	AC	AA
rs11558538	TC	CC



Niveau de risque: moyenne

**rs1837253:** La variante rs1837253 du gène de la lymphopoïétine stromale thymique (TSLP) est associée de manière significative à la prévalence de l'asthme.

[ [PMID 19539984](#) ] [ [PMID 20560908](#) ] [ [PMID 31066119](#) ] [ [PMID 33879431](#) ]

**rs1800925:** La variation SNP rs1800925 de l'interleukine-13 associée à l'asthme et à la rhinite allergique.

[ [PMID 19796199](#) ] [ [PMID 20444268](#) ] [ [PMID 22750299](#) ]

**rs2280090:** Le polymorphisme du gène ADAM33 est associé à l'asthme et à la rhinite chez les adultes.



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

[ PMID 18778489 ] [ PMID 22851202 ] [ PMID 24141861 ]

**rs16947078:** Risque multiplié par 8 de développer un asthme allergique.  
[ PMID ]



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

# VIH

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs8321	AC	AA
rs2395029	TT	TT
rs10484554	CC	CC
rs3108919	TA	TT
rs1020064	TT	TT
rs1522232	TC	TT
rs4118325	GG	AA
rs10800098	GG	GG
rs1360517	CC	CC
rs1556032	CC	TT
rs1015164	CG	GG
rs11239930	AA	GG
rs6467710	CG	GG
rs11884476	CC	CC
rs7217319	TC	TT
rs6441975	AC	CC
rs477687	AG	GG
rs572880838	TA	TT
rs6076463	CG	CC
rs9264942	TT	TT
rs2572886	GG	GG
rs1799864	CG	GG
rs4418214	TT	TT
rs3131018	CC	AA
rs9261174	TA	TT
rs9368699	TT	TT
rs8069770	CG	GG
rs17762192	CG	CC
rs2234358	TT	TT



rs12483205	AA	AA
rs152363	CC	CC
rs1265112	TT	TT
rs1127888	CG	CC
rs667859	CG	GG
rs2306242	TA	TT
rs444772	GG	GG
rs3796375	GG	GG



Niveau de risque: moyenne

**rs8321:** Le polymorphisme HLA-C est associé à une augmentation de la charge virale chez les personnes infectées par le VIH-1.

[ [PMID 24240316](#) ] [ [PMID 28494720](#) ] [ [PMID 33252547](#) ]

**rs1799864:** Le risque de développer le sida est accru de 58 % au cours des quatre premières années suivant un test VIH positif.

[ [PMID 9252328](#) ] [ [PMID 9662369](#) ]

**rs17762192:** Le locus 1q41 associé au taux de progression de la maladie VIH-1 vers le sida clinique.

[ [PMID 20064070](#) ] [ [PMID 20149939](#) ] [ [PMID 24240316](#) ]



## Obésité

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs1421085	TC	TT
rs1558902	TA	TT
rs9930506	TA	AA
rs9939609	TT	TT
rs17817449	TG	TT
rs9940128	AG	GG
rs1121980	AG	GG
rs12149832	AG	GG
rs3751812	TG	GG
rs8044769	TC	CC
rs11642841	AC	CC
rs8050136	AC	CC
rs6499662	AA	AA
rs6499640	AG	GG
rs16953002	GG	GG
rs8043757	AT	AA
rs1861868	CC	CC
rs34114122	TA	TT
rs4994	AA	AA
rs11075990	AG	AA
rs5082	AG	AA
rs2229616	CC	CC
rs16964465	AA	AA
rs16964476	TA	AA
rs3764220	AA	AA
rs1528133	TT	TT
rs2272382	CG	GG
rs2272383	AG	AA
rs3865188	AT	AA





rs6971091	GG	GG
rs4142322	TA	TT
rs17573102	AG	GG
rs9028	TC	CC
rs7149926	CC	CC
rs11753543	CG	GG
rs9736016	AA	TT
rs7635777	CG	CC
rs9384860	AA	AA
rs2470315	AT	TT
rs6093921	AG	GG
rs2283208	AA	GG
rs6928576	AA	TT
rs10945918	CG	CC
rs6902153	CG	CC
rs12925846	CC	CC
rs10954428	GG	GG
rs10797020	AG	GG
rs1578761	CA	AA
rs10489833	TA	TT
rs11264997	TA	AA
rs12540206	CG	GG
rs975118	TA	AA
rs7512592	AA	AA
rs1873511	TA	TT
rs6697656	CG	GG
rs6963221	TG	TT
rs6679056	AG	GG
rs6976491	TA	TT
rs7800006	AG	AA
rs1776012	CG	GG
rs2173676	AA	TT



rs2060457	CG	CC
rs2948300	TT	CC
rs2953802	CG	GG
rs435581	AG	GG
rs666595	AG	GG
rs2241005	AT	TT
rs750456	AA	TT
rs12295638	TT	TT
rs1435703	CG	GG
rs6726292	GG	GG
rs2274459	AG	GG
rs999943	AA	AA
rs9941349	TC	CC
rs10433903	TT	TT
rs6110577	TA	TT
rs7603514	GG	GG
rs12635698	TT	TT
rs10999409	CC	TT
rs7474896	CC	CC
rs374748	TA	AA
rs11624704	AC	AA
rs17126232	CC	CC
rs16867321	TC	CC
rs11680012	CG	GG
rs17773430	TT	TT
rs12463617	CC	CC
rs1993709	GG	GG
rs1957894	TG	GG
rs11208659	TT	TT
rs11109072	CC	CC
rs3101336	TC	TT
rs16923476	GG	GG



rs17025867	GG	GG
rs3782724	AA	AA
rs2275848	CG	GG
rs1631486	AG	GG
rs12408810	TC	TT
rs476828	TC	TT
rs564343	AG	GG
rs1048466	GG	AA
rs9328321	CG	GG
rs1704198	CG	GG
rs988712	GG	TT
rs2116830	TG	TT
rs17700144	AG	GG
rs4756846	TT	TT
rs297325	TT	TT
rs1424233	TC	CC
rs17782313	TC	TT
rs1805081	TC	CC
rs4712652	CG	GG
rs734597	GG	GG
rs699363	AA	AA
rs970843	GG	GG
rs10401969	TC	TT
rs4823173	CG	GG
rs12145833	TT	GG
rs11127485	TT	CC
rs17150703	GG	GG
rs10105606	CC	CC
rs651821	TT	TT
rs972317	TG	TT
rs1808579	TC	CC
rs2605100	AG	AA



rs987237	AA	AA
rs6429082	TC	TT
rs2943650	CG	CC
rs534870	CG	GG
rs9568856	GG	GG
rs9299	TC	CC
rs7132908	GG	GG
rs6567160	TC	TT
rs13130484	TC	CC
rs10182181	AA	AA
rs2030323	CC	AA
rs2112347	TG	GG
rs7498665	AA	AA
rs887912	CG	CC
rs2531995	TC	CC
rs9816226	TT	AA
rs7138803	GG	GG
rs7141420	CC	CC
rs1800437	GG	CC
rs10968576	AA	AA
rs7185735	AG	AA
rs2207139	AA	AA
rs10938397	AG	AA
rs10871777	AG	AA
rs2568958	AG	GG
rs13078807	AG	AA





Niveau de risque: moyenne

**rs1421085:** La variation du gène FTO contribue à l'obésité chez les enfants et à l'obésité sévère chez les adultes.

[ PMID 17496892 ] [ PMID 17658951 ] [ PMID 18159244 ] [ PMID 18379722 ] [ PMID 20381893 ] [ PMID 26440677 ]

**rs1558902:** Les variantes du gène FTO sont associées à une augmentation de l'indice de masse corporelle, à l'obésité et au diabète. Un régime riche en protéines a été plus bénéfique pour les personnes présentant l'allèle de risque A. Ces résultats suggèrent une hétérogénéité génétique significative dans la perte de poids en réponse à des interventions diététiques.

[ PMID 18379722 ] [ PMID 20075932 ] [ PMID 20430937 ] [ PMID 21357378 ] [ PMID 21466928 ] [ PMID 21976109 ] [ PMID 23316347 ] [ PMID 24992585 ]

**rs17817449:** La variante génétique FTO affecte l'obésité, la sensibilité à l'insuline, les niveaux de leptine et le taux métabolique au repos.

[ PMID 18316358 ] [ PMID 18599522 ] [ PMID 18719664 ] [ PMID 18833210 ] [ PMID 21651756 ] [ PMID 22187296 ] [ PMID 24392269 ]

**rs1121980:** Le SNP rs1121980 dans le gène FTO a montré l'association la plus forte avec le risque d'obésité (augmentation de 2,76 fois).

[ PMID 18159244 ] [ PMID 18379722 ] [ PMID 18454148 ] [ PMID 18487448 ]

**rs8050136:** Hétérogénéité liée à l'obésité dans les modèles de prédisposition au diabète de type 2.

[ PMID 17786212 ] [ PMID 17928989 ] [ PMID 18251005 ] [ PMID 18469204 ] [ PMID 18591388 ] [ PMID 19056611 ] [ PMID 20049090 ] [ PMID 20057365 ]

**rs2272382:** Les polymorphismes du gène TUB sont un candidat à l'obésité tardive chez les femmes.

[ PMID 17955208 ] [ PMID 18183286 ]

**rs17782313:** Les allèles rs17782313 (C) sont associés à un indice de masse corporelle (IMC) plus élevé, avec un effet encore plus important chez les enfants. L'augmentation moyenne de l'IMC est de 0,44 unité.

[ PMID 19880856 ] [ PMID 20181787 ] [ PMID 20725061 ] [ PMID 24139164 ] [ PMID 27213003 ] [ PMID 31954858 ]



# Psoriasis

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs2523454	GG	GG
rs3134792	TT	TT
rs12586317	TT	CC
rs240993	TC	CC
rs1076160	TC	CC
rs610604	TG	TT
rs4085613	TT	GG
rs17728338	CG	GG
rs280519	GG	GG
rs1265181	GG	CC
rs27524	GG	GG
rs4649203	AG	GG
rs8016947	TG	TT
rs458017	TC	TT
rs702873	TC	CC
rs3213094	CC	CC
rs10484554	CC	CC
rs33980500	CC	CC
rs12191877	CC	CC
rs842636	AG	AA
rs2546890	AG	GG
rs6809854	AG	AA
rs2082412	GG	AA
rs4112788	AA	AA
rs465969	AG	GG
rs12720356	AC	AA
rs12580100	AA	GG
rs2066808	AA	GG
rs10782001	AG	AA



rs495337	AG	GG
rs2201841	AG	AA
rs4795067	GG	AA
rs3212227	TT	TT
rs1265159	GG	GG
rs887466	AA	AA
rs12634229	TT	TT
rs6661961	TC	CC
rs13015714	TT	TT
rs479844	GG	AA
rs878860	CC	TT
rs10995251	CC	TT
rs4722404	TT	TT
rs593982	CC	TT
rs2164983	CC	CC
rs7927894	CG	CC
rs3853601	CC	CC
rs7613051	GG	GG
rs176095	AA	GG
rs3126085	GG	GG
rs1444418	AA	GG
rs7130588	AG	AA
rs4406273	GG	GG
rs144475004	CG	GG
rs387907240	TT	TT
rs281875215	GG	GG
rs587777763	GG	GG
rs281875214	AA	AA
rs281875212	CG	GG
rs281875213	AA	AA
rs4379333	TA	TT
rs734232	CG	GG



rs6887695	GC	CC
rs7993214	CC	CC
rs6701216	CC	CC
rs3803369	CC	CC



Niveau de risque: moyenne

**rs17728338:** Un marqueur génétique pour le développement ou la présence d'arthrite psoriasique chez les patients atteints de psoriasis.

[ [PMID 21623003](#) ] [ [PMID 25182136](#) ] [ [PMID 32398022](#) ] [ [PMID 34127053](#) ]

**rs144475004:** Une augmentation significative (6 fois) du risque de développer un psoriasis, au moins chez les Asiatiques.

[ [PMID](#) ]





# Susceptibilité aux régimes amaigrissants

## Régime céto et Ichf

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs814628	CG	GG
rs2306179	CG	CC
rs5883	CC	TT
rs694066	CG	GG
rs5950584	CG	GG
rs12204701	CA	AA
rs9943291	CG	GG
rs10060615	AC	CC
rs274555	TT	CC
rs2924679	N/A	AA
rs7938117	AG	GG
rs597539	CG	GG
rs11161521	TT	TT
rs2286963	TG	TT
rs1799958	AG	GG
rs3916	CG	CC
rs1522813	AA	AA
rs1801282	GG	CC
rs1440581	TC	CC
rs3764261	AC	CC
rs1799883	AA	AA
rs4994	AA	AA





## Efficacité du régime: moyenne

**rs5883:** La CETP régule le transport inverse du cholestérol, un processus par lequel l'excès de cholestérol est éliminé des tissus périphériques et renvoyé au foie. Le CETP pourrait être le médiateur des effets de réduction des triglycérides et de remodelage des LDL et des HDL observés avec les régimes pauvres en glucides.

[ [PMID 16700901](#) ] [ [PMID 18254975](#) ]

**rs1801282:** Variation du gène du récepteur gamma activé par les proliférateurs de peroxysomes sur la progression du diabète de type 2 et de l'obésité. Risque également plus élevé de maladies cardiovasculaires en cas d'alimentation riche en graisses saturées.

[ [PMID 17213274](#) ] [ [PMID 18091023](#) ] [ [PMID 18598350](#) ] [ [PMID 18694974](#) ] [ [PMID 19020323](#) ]

**rs814628:** Un polymorphisme du gène LIPF contribue à réduire la dégradation des graisses dans l'estomac et favorise une perte de poids plus efficace en cas de régime riche en graisses.

[ [PMID 16700901](#) ] [ [PMID 18254975](#) ]

**rs2306179:** est responsable de la glycogène synthase hépatique, qui catalyse la formation de glycogène à partir du glucose dans le foie. Selon l'étude, les porteurs de l'allèle mineur C ont perdu plus de poids que les homozygotes de l'allèle majeur T en réponse à un régime céto (8-13 % de glucides, 60-63 % de lipides et 28-30 % de protéines) sur une période de 4 à 12 ans. Cela suggère que la réponse du glycogène hépatique à la restriction des glucides peut influencer la réponse à la perte de poids du régime céto.

[ [PMID 16700901](#) ] [ [PMID 18254975](#) ]

**rs5950584:** Dans l'étude, l'allèle mineur G a été associé à une plus grande réduction du pourcentage de graisse corporelle en réponse au régime céto, avec ~12% de l'énergie totale dérivée des hydrates de carbone. Étant donné que le gène AGTR2 est lié à l'X, son effet sur la perte de graisse en Colombie-Britannique pourrait être plus répandu et/ou plus fort chez les hommes que chez les femmes.

[ [PMID 18254975](#) ]

**rs12204701:** L'allèle A du gène CDY1L rs12204701 contribue à l'efficacité de la réduction des crises de plus de 50 % chez les patients atteints d'épilepsie pharmacorésistante en réponse à un régime céto.

[ [PMID](#) ]

**rs1440581:** Association de la variante rs1440581 du gène PPM1K avec une meilleure sensibilité à l'insuline chez les personnes ayant suivi un régime riche en graisses.

[ [PMID 23446828](#) ] [ [PMID 28768654](#) ]

**rs3764261:** Les personnes présentant le génotype CETP rs3764261 CC peuvent obtenir de meilleurs résultats en matière d'augmentation du cholestérol HDL et de réduction des taux de triglycérides en optant pour un régime amaigrissant pauvre en glucides et riche en graisses plutôt que pour un régime pauvre en graisses.

[ [PMID 16700901](#) ] [ [PMID 25548261](#) ]



## Régime hypocalorique

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs13200531	CG	GG
rs9344031	AA	GG
rs481777	AG	GG
rs1544241	TG	TT
rs10132280	AC	AA
rs1377985	AC	CC
rs11113832	CG	CC
rs7512601	TA	TT
rs11185098	TA	AA
rs2419621	TC	TT
rs17300539	AA	AA
rs1501299	TG	GG
rs1801260	AG	AA
rs179883	AG	GG
rs9939609	TT	TT
rs694066	CG	GG
rs41423247	CG	GG
rs659366	TC	AA
rs1799883	AA	AA
rs4994	AA	AA



Efficacité du régime: moyenne

**rs659366:** Réduction plus efficace de l'IMC et de la masse grasse chez les porteurs de l'allèle A.  
[ [PMID](#) ]

**rs11185098:** Les individus en surpoids et obèses porteurs du génotype AMY1-AMY2 rs11185098, associé à une activité amylasique plus élevée, peuvent présenter une perte d'adiposité plus importante au cours d'un régime hypocalorique.  
[ [PMID 28659346](#) ]

**rs2419621:** Perte de poids plus importante avec un régime hypocalorique chez les porteurs de l'allèle T.



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

[ PMID 32686444 ]

**rs1501299:** Aucune réduction du tour de taille chez les TT par rapport à une réduction de 5,9 cm chez les porteurs de l'allèle G soumis à un régime alimentaire.

[ PMID 22129377 ] [ PMID 29154912 ] [ PMID 29325772 ] [ PMID 31029921 ]

**rs9939609:** La variante commune rs9939609 du gène FTO, associée à la masse grasse et à l'obésité, est associée à la lipolyse des cellules adipeuses ainsi qu'à l'apparition précoce d'une obésité extrême. Des études montrent que les porteurs de l'allèle à risque A perdent beaucoup plus de poids en suivant un régime pauvre en graisses que les non-porteurs.

[ PMID 17942823 ] [ PMID 17959933 ] [ PMID 18048838 ] [ PMID 18159244 ] [ PMID 18249188 ] [ PMID 18325910 ] [ PMID 26888713 ]

**rs1799883:** Ce génotype est associé à une sensibilité accrue aux graisses saturées et aux glucides raffinés. Ainsi, l'allèle A nuit à l'efficacité des régimes pauvres en glucides et en lipides.

[ PMID ]

**rs4994:** Une mutation du récepteur bêta-3-adrénérgique est associée à l'obésité viscérale mais réduit les taux de triglycérides sériques. Les porteurs de l'allèle G ont nécessairement besoin d'un entraînement musculaire pour perdre du poids et maintenir leur corps en bonne forme.

[ PMID 7609752 ] [ PMID 9112025 ] [ PMID 9892244 ]



## Régime méditerranéen

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs9939609	TT	TT
rs1800795	GG	CC
rs16147	TC	AA
rs1501299	TG	GG
rs1801260	AG	AA
rs13702	TC	CC
rs3812316	GC	GG
rs1801282	GG	CC
rs4343	AG	AA
rs8061518	AA	AA
rs1130864	GG	GG
rs659366	TC	AA
rs6131	TC	CC
rs12535708	CG	CC
rs708272	AA	AA
rs2241766	AA	TT
rs1799883	AA	AA
rs4994	AA	AA



Efficacité du régime: moyenne

**rs16147:** L'allèle A du variant rs16147 entraîne une meilleure réponse métabolique en termes de résistance à l'insuline et d'insuline basale secondaire à la perte de poids dans le cadre de deux régimes hypocaloriques différents chez des sujets obèses, l'amélioration étant plus importante dans le cadre du régime méditerranéen.

[ [PMID 22966009](#) ] [ [PMID 28787737](#) ] [ [PMID 32686440](#) ] [ [PMID 34480216](#) ]

**rs1801282:** Variation du gène du récepteur gamma activé par les proliférateurs de peroxysomes sur la progression du diabète de type 2 et de l'obésité. Risque également plus élevé de maladies cardiovasculaires en cas d'alimentation riche en graisses saturées.

[ [PMID 17213274](#) ] [ [PMID 18091023](#) ] [ [PMID 18598350](#) ] [ [PMID 18694974](#) ] [ [PMID 19020323](#) ]

**rs659366:** Réduction plus efficace de l'IMC et de la masse grasse chez les porteurs de l'allèle A.

[ [PMID](#) ]



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

**rs1501299:** Aucune réduction du tour de taille chez les TT par rapport à une réduction de 5,9 cm chez les porteurs de l'allèle G soumis à un régime alimentaire.

[ [PMID 22129377](#) ] [ [PMID 29154912](#) ] [ [PMID 29325772](#) ] [ [PMID 31029921](#) ]

**rs13702:** Réduction du risque d'accident vasculaire cérébral grâce à un régime méditerranéen riche en graisses insaturées.

[ [PMID 27089360](#) ] [ [PMID 35387194](#) ]

**rs3812316:** La baisse des taux de triglycérides et la réduction du risque de maladie cardiovasculaire dépendent du niveau d'adhésion au régime méditerranéen dans l'étude PREDIMED.

[ [PMID 24448738](#) ]

**rs4343:** Le génotype GG du polymorphisme ACE rs4343 représente un marqueur nutriginétique fiable d'une réponse défavorable à un régime riche en graisses saturées.

[ [PMID 28096099](#) ] [ [PMID 32398726](#) ]

**rs9939609:** La variante commune rs9939609 du gène FTO, associée à la masse grasse et à l'obésité, est associée à la lipolyse des cellules adipeuses ainsi qu'à l'apparition précoce d'une obésité extrême. Des études montrent que les porteurs de l'allèle à risque A perdent beaucoup plus de poids en suivant un régime pauvre en graisses que les non-porteurs.

[ [PMID 17942823](#) ] [ [PMID 17959933](#) ] [ [PMID 18048838](#) ] [ [PMID 18159244](#) ] [ [PMID 18249188](#) ] [ [PMID 18325910](#) ] [ [PMID 26888713](#) ]



## Régime pauvre en graisses

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs2943641	CC	CC
rs964184	CC	CC
rs9939609	TT	TT
rs6795735	GG	GG
rs10182181	AA	AA
rs266729	CG	GG
rs987237	AA	AA
rs2287019	TT	TT
rs10830963	CC	CC
rs11150675	CG	GG
rs1799883	AA	AA
rs4994	AA	AA



Efficacité du régime: élevé

**rs266729:** Les porteurs du génotype GC (allèle mineur G) perdent plus de poids avec un régime pauvre en graisses que les porteurs du génotype CC.  
[ [PMID 16871334](#) ]

**rs11150675:** Les porteurs du génotype AA (allèle mineur A) ont perdu moins de poids avec un régime pauvre en graisses que les porteurs des génotypes AG et GG.  
[ [PMID 29693310](#) ]

**rs2943641:** Les personnes présentant l'allèle C peuvent perdre davantage de poids et bénéficier d'une meilleure résistance à l'insuline que les personnes ne présentant pas ce génotype en optant pour un régime riche en glucides et pauvre en graisses.  
[ [PMID 21747052](#) ] [ [PMID 24009303](#) ] [ [PMID 33170161](#) ]

**rs964184:** Intervient dans le métabolisme des lipides et de la vitamine E. Le génotype est un facteur de risque modéré de réduction des niveaux de vitamine E. Un régime pauvre en graisses convient aux personnes présentant cette anomalie. Dans le cadre d'un régime pauvre en graisses (20 % de l'énergie provient des graisses), les porteurs de l'allèle à risque (allèle G) présentent des réductions plus importantes des taux de cholestérol OX et LDL. Ces études ont montré une meilleure amélioration du profil lipidique avec un régime pauvre en graisses à long terme chez les porteurs de l'allèle à risque G.  
[ [PMID 21729881](#) ] [ [PMID 24623848](#) ] [ [PMID 26981194](#) ] [ [PMID 31505768](#) ]

**rs9939609:** La variante commune rs9939609 du gène FTO, associée à la masse grasse et à l'obésité, est associée à la lipolyse des cellules adipeuses ainsi qu'à l'apparition précoce d'une obésité extrême. Des études montrent que les porteurs de l'allèle à risque A perdent beaucoup plus de poids en suivant un régime pauvre en graisses que les non-porteurs.



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

[ PMID 17942823 ] [ PMID 17959933 ] [ PMID 18048838 ] [ PMID 18159244 ] [ PMID 18249188 ] [ PMID 18325910 ] [ PMID 26888713 ]

**rs6795735:** Les porteurs du génotype GG (allèle mineur G) perdent plus de poids avec un régime pauvre en graisses que les porteurs des génotypes AG ou AA.  
[ PMID ]

**rs987237:** Le génotype AA du gène TFAP2B a été associé à une perte de poids plus importante dans le cadre d'un régime pauvre en graisses et riche en protéines.  
[ PMID 22952648 ] [ PMID 24081236 ]

**rs2287019:** L'allèle T du gène GIPR est associé à une plus grande amélioration de l'homéostasie du glucose chez les personnes qui choisissent un régime pauvre en graisses, riche en glucides et en fibres.  
[ PMID 22237064 ]





## Régime végétarien

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs174547	TC	TT
rs602662	AG	AA
rs429358	TA	TT
rs7412	CC	CC
rs12325817	CG	CC
rs4646343	CG	GG
rs3760188	CG	CC
rs7946	TT	CC
rs1531100	GG	GG
rs4646365	AC	CC
rs601338	AG	GG
rs492602	AG	AA
rs572169	TT	CC
rs4684677	TT	TT
rs26747	CG	GG
rs7566605	CG	GG
rs509325	AT	TT
rs6545790	AA	AA
rs7560575	AT	TT
rs2196476	CG	GG
rs587056	CC	CC
rs1421085	TC	TT
rs35867081	CA	AA
rs60259426	CG	GG
rs6089240	GG	AA
rs12934922	AA	AA
rs7501331	CC	CC
rs1805087	AA	AA
rs1801394	GG	AA



rs1799883	AA	AA
rs4994	AA	AA



Efficacité du régime: moyenne

**rs7946:** Polymorphismes génétiques dans le métabolisme du groupe méthyle méthylation de l'ADN dans le sang périphérique. Affectent les besoins humains en choline (vitamine B4).

[ [PMID 18789905](#) ] [ [PMID 22371529](#) ] [ [PMID 16816108](#) ]

**rs1801394:** Le polymorphisme peut conduire à des niveaux élevés d'homocystéine indépendamment des niveaux d'acide folique, de vitamine B12 ou B6. Il s'agit d'un facteur de risque d'anomalies du tube neural et de syndrome de Down lorsque les taux d'homocystéine sont élevés.

[ [PMID 10444342](#) ] [ [PMID 10930360](#) ]

**rs174547:** Variantes génétiques qui affectent les taux de lipides circulants et le risque de maladie cardiovasculaire. Les personnes présentant la variante du gène C ont des niveaux plus faibles de formes longues d'acides gras tels que l'AA. Les végétariens et les végétaliens présentant la variante du gène C ont des concentrations plasmatiques d'EPA, de DHA et d'AA inférieures à celles des omnivores. Il a été démontré que les végétariens présentant la variante du gène C ont intérêt à prendre des suppléments d'oméga-3 ou à consommer des aliments riches en oméga-3 tels que les graines de chia, les graines de lin et l'huile de canola.

[ [PMID 19750004](#) ] [ [PMID 20864672](#) ] [ [PMID 20972250](#) ] [ [PMID 29858861](#) ]

**rs602662:** Le polymorphisme est associé à des taux sanguins réduits de vitamine B12, cet effet peut être dû à une absorption réduite de la vitamine B12, ces personnes ont besoin d'une supplémentation en vitamine B12 sous forme d'injections.

[ [PMID 18776911](#) ]

**rs429358:** L'allèle APOE-E4 a une forte influence sur le risque de développer la maladie d'Alzheimer. Une méta-analyse a estimé que le rapport de cotes pour les individus homozygotes pour le rs429358 était 12 fois plus élevé pour la maladie d'Alzheimer à début tardif et 61 fois plus élevé pour la maladie à début précoce. Les personnes porteuses du génotype de l'allèle C de l'APOE4-4 devraient éviter de manger des animaux élevés avec des plantes/grains qui contiennent plus d'oméga-6 que d'oméga-3. Il est conseillé de pratiquer le végétarisme pour éviter toutes les graisses animales et de mesurer le rapport oméga-3/oméga-6 chez ces personnes. Par ailleurs, les personnes souffrant de l'APOE 4 peuvent obtenir de meilleurs résultats avec des formes non méthylées de B12.

[ [PMID 21263195](#) ] [ [PMID 30665447](#) ]

**rs601338:** Le fragment du gène FUT2 affecte la concentration sérique de vitamine B12 par l'intermédiaire de l'hologaptocorrine. Il réduit probablement l'absorption de la vitamine B12 à partir des aliments et des comprimés. L'administration de B12 sous forme d'injections est recommandée.

[ [PMID 29040465](#) ] [ [PMID 18776911](#) ]

**rs492602:** Les taux de B12 sont 1,5 fois plus élevés chez les femmes.

[ [PMID 18776911](#) ]

**rs7566605:** Effet de perte de poids durable chez les porteurs du polymorphisme de l'allèle de risque C du gène INSIG2 rs7566605 lorsqu'ils suivent un régime végétarien.

[ [PMID](#) ]



## Régime hyperprotéiné

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs987237	AA	AA
rs1558902	TA	TT
rs12785878	TT	GG
rs2970848	TA	AA
rs2970853	GG	GG
rs2932976	GG	GG
rs11629199	CG	GG
rs10507391	CA	AA
rs4076128	CG	GG
rs1058046	CC	CC
rs4998	CG	CC
rs838133	AG	AA
rs1229984	CC	CC
rs28712821	CA	AA
rs1603977	TA	AA
rs780094	TC	CC
rs6601299	CC	CC
rs579459	TT	TT
rs34050136	TA	AA
rs445551	CG	GG
rs12402440	CG	GG
rs59756727	TA	TT
rs7760212	AA	AA
rs2391333	CC	CC
rs9512706	TA	AA
rs668056	CC	CC
rs5755279	AA	AA
rs12405096	CC	CC
rs74565497	TA	AA



rs117301188	CG	CC
rs7833349	CG	CC
rs2391331	CC	TT
rs12715065	AA	AA
rs11940694	AG	GG
rs1799883	AA	AA
rs4994	AA	AA



Efficacité du régime: moyenne

**rs12785878:** Plusieurs études ont établi un lien avec les concentrations de vitamine D dans le sérum. L'allèle de risque T est associé à des réductions plus importantes des niveaux d'insuline et de HOMA-IR en réponse à un régime riche en protéines.

[ [PMID 23924835](#) ] [ [PMID 22801813](#) ]

**rs1558902:** Les variantes du gène FTO sont associées à une augmentation de l'indice de masse corporelle, à l'obésité et au diabète. Un régime riche en protéines a été plus bénéfique pour les personnes présentant l'allèle de risque A. Ces résultats suggèrent une hétérogénéité génétique significative dans la perte de poids en réponse à des interventions diététiques.

[ [PMID 18379722](#) ] [ [PMID 20075932](#) ] [ [PMID 20430937](#) ] [ [PMID 21357378](#) ] [ [PMID 21466928](#) ] [ [PMID 21976109](#) ] [ [PMID 23316347](#) ] [ [PMID 24992585](#) ]

**rs838133:** Le FGF21 est une hormone inductible par le sucre, associée à la consommation et à la préférence pour les sucreries chez l'homme. Pour les porteurs de l'allèle de risque A, un régime riche en protéines et limitant les hydrates de carbone constitue une réponse efficace.

[ [PMID 23372041](#) ] [ [PMID 28467924](#) ] [ [PMID 29641994](#) ] [ [PMID 34836209](#) ]

**rs780094:** Le polymorphisme GCKR rs780094 est associé à une augmentation du triacylglycérol sérique à jeun, à une diminution de l'insulinémie à jeun et à une réduction du risque de diabète de type 2. Un régime alimentaire limitant les glucides et augmentant les protéines est particulièrement efficace pour les porteurs de l'allèle à risque T.

[ [PMID 18008060](#) ]

**rs987237:** Le génotype AA du gène TFAP2B a été associé à une perte de poids plus importante dans le cadre d'un régime pauvre en graisses et riche en protéines.

[ [PMID 22952648](#) ] [ [PMID 24081236](#) ]

**rs1058046:** Selon la recherche, un régime riche en protéines est plus efficace.

[ [PMID 18254975](#) ]

**rs1799883:** Ce génotype est associé à une sensibilité accrue aux graisses saturées et aux glucides raffinés. Ainsi, l'allèle A nuit à l'efficacité des régimes pauvres en glucides et en lipides.

[ [PMID](#) ]

**rs4994:** Une mutation du récepteur bêta-3-adrénérgique est associée à l'obésité viscérale mais réduit les taux de triglycérides sériques. Les porteurs de l'allèle G ont nécessairement besoin d'un entraînement musculaire pour perdre du poids et maintenir leur corps en bonne forme.

[ [PMID 7609752](#) ] [ [PMID 9112025](#) ] [ [PMID 9892244](#) ]



## Régime sans gluten

SNP Id	Vos allèles	Norme de l'allèle
rs2187668	CC	CC
rs2858331	GG	AA
rs6441961	CC	TT
rs6822844	TG	GG
rs2395182	TT	TT
rs9851967	TT	CC
rs7775228	TT	TT
rs4713586	AA	AA
rs3184504	TC	CC
rs231775	AA	AA
rs2816316	TA	AA
rs4994	AA	AA



Efficacité du régime: moyenne

**rs2858331:** Avec la cassure du gène rs4988889, il s'agit d'un critère de diagnostic de la maladie cœliaque.

**rs6441961:** Risque accru de maladie du gluten.  
[ PMID 19693089 ] [ PMID 19542083 ] [ PMID 22087237 ]

**rs9851967:** Risque génétique de maladie cœliaque associé à la réponse immunitaire.  
[ PMID 18311140 ]

**rs6822844:** Combinée à la cassure rs13119723, l'étude a montré l'association la plus forte avec la maladie cœliaque chez les patients caucasiens.  
[ PMID 17558408 ]

**rs3184504:** Variante du risque génétique de la maladie cœliaque associée à la réponse immunitaire. Le diabète de type 1 est également associé à un porteur.  
[ PMID 18311140 ] [ PMID 18978792 ] [ PMID 19073967 ] [ PMID 20546165 ] [ PMID 20854658 ] [ PMID 21873553 ] [ PMID 24936253 ]

**rs2816316:** Risque de variante génétique pour le diabète de type 1 et la maladie du gluten.  
[ PMID 18311140 ] [ PMID 19073967 ] [ PMID 19622889 ] [ PMID 20854658 ] [ PMID 21980299 ] [ PMID 27015091 ]

**rs2187668:** Risque de maladies auto-immunes (lupus, maladie du gluten).  
[ PMID 17997607 ] [ PMID 18509540 ]



Ceci est un exemple de rapport.  
Pour former la version étendue, veuillez suivre ce lien:  
<https://tendna.com/pm0>

**rs2395182:** Les gènes HLA DQ2.2 jouent un rôle important dans de nombreuses maladies auto-immunes telles que la maladie cœliaque, le diabète de type 1, la polyarthrite rhumatoïde, la sclérose en plaques, le psoriasis et d'autres.

[ [PMID 18509540](#) ]

Merci d'avoir utilisé notre service.

La dernière version du rapport peut être téléchargée en cliquant sur le lien suivant:

<https://tendna.com/download/report-tendna.pdf>

Accès à des services supplémentaires dans le panneau de contrôle: <https://tendna.com/admin/>

Recommandez-nous à vos amis et recevez une commission d'affiliation de 25%..

Pour toute question ou suggestion, veuillez nous contacter à l'adresse suivante email:

[support@tendna.com](mailto:support@tendna.com)

