

dnaoestrogen

optimale Gesundheit für Ihr Leben

Willkommen

Sample Report

zu Ihrem dna oestrogen Bericht

Geburtsdatum: 01 Jan 2001

Datum des Befundberichts: 03 Nov 2025

Probennummer: 12345678-New

Ihr Ansprechpartner: Private

Willkommen zu Ihrem DNA-Oestrogen-Bericht

Wir haben auf Ihre DNA-Probe ein Verfahren namens Polymerase-Kettenreaktion (PCR) angewendet, bei dem die DNA Ihrer Gene mehrfach kopiert wird, so dass wir ausreichende Mengen für die Analyse Ihres genetischen Materials erzeugen können. Daraus werden dann einzigartige DNA-Sequenzen in verschiedenen Genen identifiziert.

Insbesondere in Bereichen, die an der Codierung von biologischen Prozessen, die am Stoffwechsel von Karzinogenen, am Stoffwechsel von Steroidhormonen und an der Phase-I- und Phase-II-Entgiftung beteiligt sind, wurde eine beträchtliche interindividuelle Variabilität festgestellt. Variationen in Genen, die an diesen biologischen Prozessen beteiligt sind, helfen bei der Identifizierung einer Teilpopulation von Frauen und Männern mit einer höheren Exposition gegenüber Östrogenen, Östrogenmetaboliten und anderen Karzinogenen. Das Verständnis der genetischen Variabilität einer Person ermöglicht die Definition gezielter Maßnahmen in den Bereichen Ernährung, Lebensstil und Hormonbehandlung.

Genetik verstehen

Bevor Sie Ihren Report lesen, nehmen Sie sich bitte ein paar Minuten Zeit, um diese Hintergrundinformationen durchzulesen. Dies wird Sie dabei unterstützen, Ihre Ergebnisse besser zu verstehen und den Wert dieses personalisierten Berichts zu erhöhen.

Was sind Gene?

Gene sind DNA-Abschnitte, die die Anweisungen enthalten, die Ihr Körper benötigt, um jedes der vielen tausend Proteine herzustellen, die für das Leben notwendig sind. Jedes Gen besteht aus Tausenden von Buchstabenkombinationen, die Ihren genetischen Code bilden. Der Code enthält die Anweisungen für die Herstellung der Proteine, die für die Entwicklung und optimale biochemische Funktionen erforderlich sind.

Was sind Genvariationen?

Mit Ausnahme von eineiigen Zwillingen haben alle Menschen kleine Unterschiede (Variationen) in ihrem genetischen Code. Es sind diese Unterschiede, die jeden von uns einzigartig machen. Ein Beispiel für eine genetische Variation ist, dass ein "Buchstabe" durch einen anderen ersetzt werden kann. Diese Variationen können zu Veränderungen in den entstehenden Proteinen führen. Zum Beispiel kann ein "C" an einer Stelle des genetischen Codes durch ein "G" ersetzt werden. Wenn die Veränderung nur einen genetischen "Buchstaben" betrifft, spricht man von einem Einzelnukleotid-Polymorphismus oder SNP (ausgesprochen "snip"). Variationen können jedoch auch mehr als einen "Buchstaben" betreffen.

Sind Genvariationen "schlecht"?

Im Allgemeinen sollten Variationen nicht als gut oder schlecht angesehen werden. Vielmehr handelt es sich bei Genvariationen lediglich um leichte Unterschiede im genetischen Code. Entscheidend ist, dass Sie wissen, welche Form der Variation Sie in sich tragen, damit Sie die richtigen Entscheidungen für Ihren Lebensstil treffen können.

Wie Sie Ihre Ergebnisse lesen können

Ihre genetischen Ergebnisse finden Sie auf den folgenden Seiten. Auf der linken Seite finden Sie den Namen und die Beschreibung des Gens. Auf der rechten Seite finden Sie Ihr spezifisches Ergebnis sowie eine Erläuterung der Ergebnisse, der damit verbundenen Risiken und der Empfehlungen für Ernährung und Lebensstil. Die Auswirkungen sind an der Farbe des Kreises zu erkennen (siehe Schlüssel unten).



Kein Einfluss



Niedriger Einfluss



Moderater Einfluss



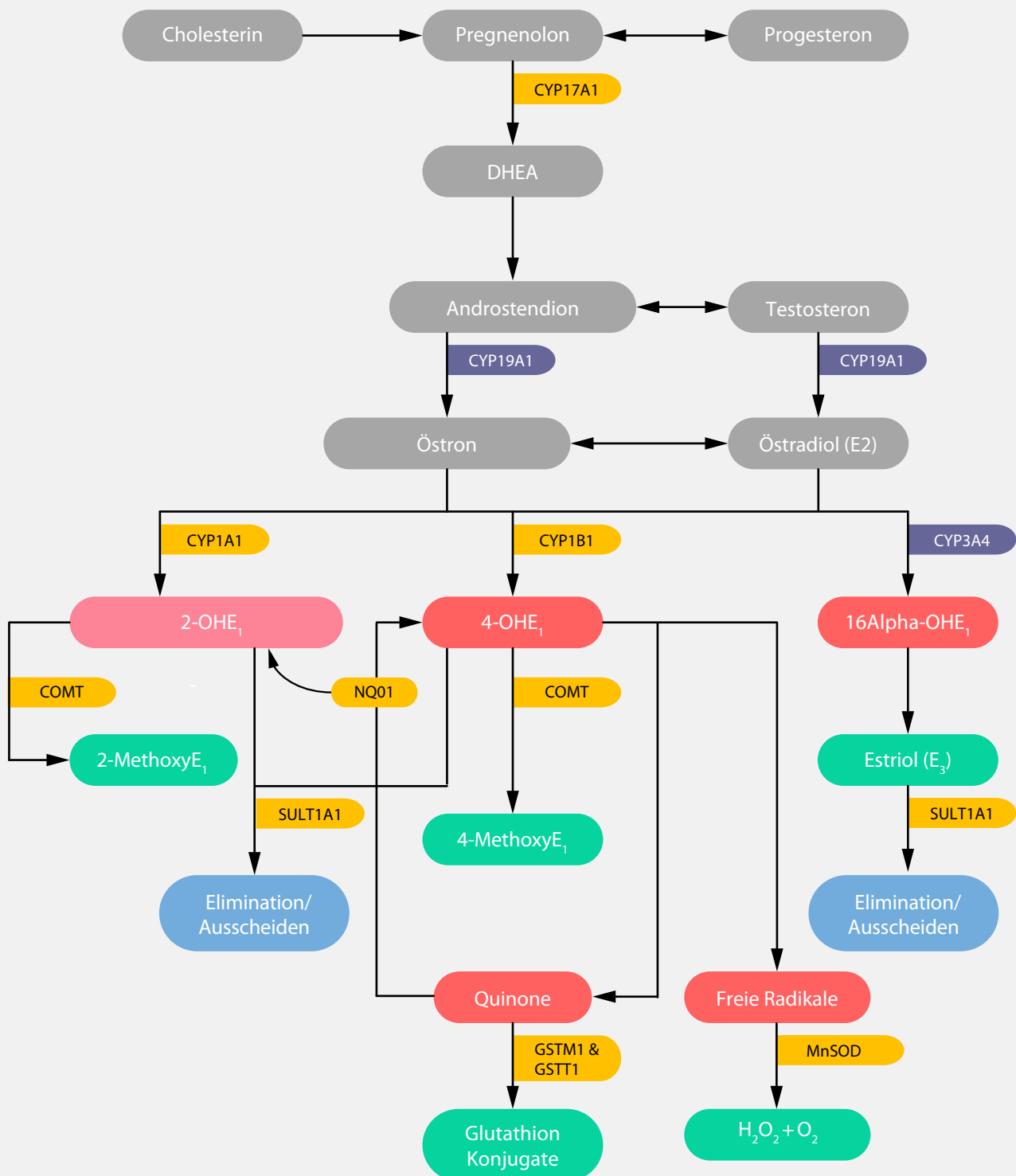
Hoher Einfluss

Übersicht der Ergebnisse

Gen-Name	Genetische Variante	Ihr Ergebnis	Genetischer Einfluss
CYP1A1	Msp1 T>C	TT	
CYP1A1	A>G Ile462Val	AA	
CYP1B1	A>G Asn453Ser	GG	
CYP17A	34 T>C	TT	
MnSOD/SOD2	47 T>C (Val16Ala)	TC	
GSTM1	Insertion/Deletion	Nicht vorhanden	
GSTT1	Insertion/Deletion	Vorhanden	
COMT	472 G>A (Val158Met)	AG	
MTHFR	677 C>T	CT	
SULT1A1	638 G>A Arg213His	GG	
NQ01	609 C>T	CC	
FACTOR V	G1691A	GG	

Die Kombination der Genvarianten, die im Rahmen dieser Analyse betrachtet wurden, weisen darauf hin, dass Sie möglicherweise über einen ineffizienten Östrogenstoffwechsel verfügen und zusätzliche Unterstützung dieses Stoffwechselweges sinnvoll ist.

Östrogenstoffwechsel & Entgiftungsweg



	Neutrale Metaboliten
	Schädliche Metaboliten
	Neutrale/möglicherweise schädliche Metaboliten
	Im Rahmen des DNA Oestrogen getestete SNPs

Testergebnisse

CYP1A1 Msp1 T>C

CYP1A1 kodiert für ein Phase-I-Cytochrom-P450-Enzym, das Umweltprokarzinogene wie PAK und aromatische Amine in reaktive Zwischenprodukte mit krebserregender Wirkung umwandelt. Darüber hinaus ist CYP1A1 am oxidativen Metabolismus von Östrogenen beteiligt, der bei der Entstehung von Brust- und Prostatakrebs eine entscheidende Rolle spielen kann. Das CYP1A1-Enzym katalysiert die 2-Hydroxylierung von Östradiol (E1 und E2) in verschiedenen extrahepatischen Geweben, einschließlich des Brustgewebes. Es ist auch an der Entgiftung (Aktivierung) von Zigarettenrauch, Nahrungs- und Umweltschadstoffen sowie an der Produktion von Karzinogenen beteiligt.

IHR ERGEBNIS: TT

Am Msp1 T>C-Locus wurde keine Variante festgestellt.

CYP1A1 Ile462Val A>G

Das CYP1A1-Gen kodiert für ein Phase-I-Cytochrom-P-450-Enzym, das Umweltprokarzinogene wie PAK und aromatische Amine in reaktive Zwischenprodukte mit karzinogener Wirkung umwandelt. Darüber hinaus ist CYP1A1 am oxidativen Metabolismus von Östrogenen beteiligt, die bei der Entstehung von Brust- und Prostatakrebs eine entscheidende Rolle spielen können.

IHR ERGEBNIS: AA

Es wurde keine Variante festgestellt.

CYP1B1 A>G Asn453Ser

Das Enzym CYP1B1 katalysiert die 4-Hydroxylierung von Estron (E1) und Estradiol (E2) und bildet dadurch den Metaboliten 4-OH-E1/E2. Dieser Metabolit kann weiter zu reaktiven Chinonen umgewandelt werden, die mit DNA reagieren und potenziell DNA-Schäden verursachen können.

Darüber hinaus spielt CYP1B1 eine wichtige Rolle bei der Aktivierung von Prokarzinogenen wie polyzyklischen aromatischen Kohlenwasserstoffen (PAHs), heterozyklischen und aromatischen Aminen. Diese werden durch CYP1B1 in reaktive Zwischenprodukte umgewandelt, die als direkte Quelle für DNA-Schäden wirken können.

IHR ERGEBNIS: GG

Im Vergleich zum AA-Genotyp zeigten Frauen mit dem GG-Genotyp tendenziell niedrigere 2-OH- und 16-OH-E2-Spiegel. Das G-Allel wurde zudem mit einem früheren Eintritt der Menopause sowie einer höheren Häufigkeit und Intensität von Hitzewallungen in Verbindung gebracht. Exposition gegenüber Prokarzinogenen vermeiden, nicht rauchen, und besonderes Augenmerk auf Gewichtsmanagement und Entzündungsreduktion legen. Eine pflanzenreiche Ernährung mit einer Vielzahl an Gemüse- und Obstsorten, die Flavonoide wie Luteolin (z. B. in Sellerie und Zitronen) enthalten, wirkt schützend. Genistein und Daidzein zeigen eine hemmende Wirkung auf die CYP1B1-vermittelte 4-Hydroxylierung von Estrogenen. Ergänzend kann eine Supplementierung mit DIM und/oder Sulforaphan sinnvoll sein.

CYP17A 34T>C

CYP17 ist sowohl an der Steroid-17 α -Hydroxylase- als auch 17,20-Lyase-Aktivität beteiligt und katalysiert einen zentralen Schritt in der ovariellen und adrenalen Biosynthese, der zu der Vorstufe Dehydroepiandrosteron führt. Das C-Allel erhöht die Enzymaktivität, wodurch die Menge des bioverfügbaren Östrogens steigt.

IHR ERGEBNIS: TT

Am Locus 34 T>C wurde keine Variante festgestellt.

NQO1 609 C>T

NADP(H)-Chinon-Oxidoreduktase 1 (NQO1) bzw. die Chinon-Reduktase ist in erster Linie an der Entgiftung potenziell mutagener und karzinogener Chinone beteiligt, die aus Tabakrauch, Ernährung und Östrogenstoffwechsel stammen. NQO1 schützt die Zellen auch vor oxidativem Stress, indem es die antioxidativen Formen von Ubichinon und Vitamin E erhält.

IHR ERGEBNIS: CC

Die Analyse ergab keine genetische Variation am 609 C>T-Locus.

GSTM1 Insertion/Deletion

Die Glutathion-S-Transferase M1 ist das biologisch aktivste Mitglied der GST-Superfamilie und ist an der Phase-II-Entgiftung in der Leber beteiligt. Sie ist verantwortlich für die Beseitigung von Xenobiotika, Karzinogenen und freien Radikalen. Diese Enzyme sind an der Phase-2-Konjugation von Östrogenchinonen an Glutathion beteiligt.

IHR ERGEBNIS: Nicht vorhanden

Eine Deletion hat das Fehlen des Enzyms zur Folge, was zu einer verminderten hepatischen Entgiftungskapazität und einem verminderten Metabolismus von Chinonen führt. Die Aktivitäten der GST-Enzyme werden zum Teil durch die Produkte von Kreuzblütlern und Alliumgemüse induziert. Diese sollten in der Ernährung deutlich erhöht werden, um die Aktivität anderer GST-Enzyme zu steigern und die verringerte Aktivität auszugleichen. Eine tägliche Zufuhr wird empfohlen. Bei unzureichender Zufuhr über die Nahrung kann ein hochwertiges DIM-haltiges Ergänzungsmittel erforderlich sein. Wir empfehlen außerdem eine Ernährung, die reich an Antioxidantien ist, und die Vermeidung der Exposition gegenüber Nahrungs- und Umweltgiften.

GSTT1 Insertion/Deletion

Glutathion-S-Transferasen (GST) sind eine Familie multifunktioneller Enzyme, die am Abbau einer Vielzahl von xenobiotischen Verbindungen, einschließlich krebserregender Stoffe in der Brust, beteiligt sind. Diese Enzyme sind an der Konjugation von Östrogenchinonen an Glutathion beteiligt.

IHR ERGEBNIS: Vorhanden

Das GSTT1-Gen ist vorhanden.

COMT 472 G>A or Val158Met

Die Katechol-O-Methyltransferase (S-COMT) trägt zur Steuerung bestimmter Hormonspiegel bei und ist an der Methylierung und Inaktivierung von Katechol-Östrogenen beteiligt. Das Anhäufen von Östrogen-Metaboliten scheint über oxidative DNA-Schäden zu einem erhöhten Brustkrebsrisiko zu führen.

IHR ERGEBNIS: AG

Das A-Allel ist mit einer 3-4-fachen Verringerung der Methylierungsaktivität des COMT-Enzyms verbunden. Bei Trägern des A-Allels kann eine positive Modulation des Östrogenstoffwechsels durch Anpassung der Ernährungsweise und des Lebensstils erreicht werden. Zu den wichtigsten Maßnahmen gehören die Erhöhung des Anteils an unlöslichen Ballaststoffen, die Kontrolle der Qualität der aufgenommenen Fette, die Erhöhung der Phytoöstrogenzufuhr, Gewichtsabnahme und mehr Bewegung. Darüber hinaus können ausgewählte Nährstoffe und Mikronährstoffe die Östrogenbelastung wirksam reduzieren, indem sie die bevorzugten Östrogenstoffwechselwege unterstützen. Diese sind am Ende des Berichts aufgeführt.

MTHFR 677 C>T

Die Methylentetrahydrofolat-Reduktase (MTHFR) ist ein Schlüsselenzym des Folatstoffwechsels. Eine verminderte Aktivität beeinflusst das Gleichgewicht zwischen DNA-Synthese, Reparatur und Methylierungsprozessen.

IHR ERGEBNIS: CT

Das T-Allel verringert die Aktivität des MTHFR-Enzyms, was zu einem Anstieg des Homocysteinspiegels, einer verminderten DNA-Methylierung und einem Anstieg der DNA-Addukte führt. Bei Personen mit dem CT-Genotyp liegt die Enzymfunktion bei 70% des Optimums. Eine verringerte MTHFR-Enzymaktivität wurde mit einem erhöhten Brustkrebsrisiko bei prämenopausalen Frauen mit langer Östrogenexposition in Verbindung gebracht. Diese Personen haben einen erhöhten Bedarf an Folat, Vitamin B2, B6 und B12. Zusätzlich zu einer folatreichen Ernährung kann ein B-Vitamin-Präparat oder ein Multivitaminpräparat mit einem Folatgehalt von bis zu 800 µg empfohlen werden.

SULT1A1 638 G>A

Die Sulfotransferase 1A1 (SULT1A1) ist an der Inaktivierung von Östrogenen und der Bioaktivierung von heterozyklischen Aminen und polyzyklischen aromatischen Kohlenwasserstoffen beteiligt.

IHR ERGEBNIS: GG

Am Locus 638 G>A wurde keine Variante festgestellt.

MnSOD/SOD2 47 T>C (Val16Ala)

Das Enzym SOD2 neutralisiert freie Radikale, die in den Zellen entstehen und die biologischen Systeme schädigen. Das Enzym hat somit eine wichtige antioxidative Funktion innerhalb der Zelle, insbesondere in den Mitochondrien.

IHR ERGEBNIS: TC

Personen mit dem C-Allel sind möglicherweise prädisponiert für erhöhte Werte, die auf oxidativen Stress hinweisen. Dies gilt insbesondere bei hoher Schadstoffbelastung und geringem Verzehr von Obst und Gemüse. Der Effekt scheint jedoch bei CC-Trägern stärker zu sein als bei CT-Trägern. Für Personen mit dem C-Allel ist es wichtig, auf ausreichenden Konsum von Obst und Gemüse zu achten. Eine Supplementierung mit antioxidativen Nährstoffen kann die Oxidation von Catechinen verringern und eine verstärkte Ausscheidung dieser Metaboliten über den Methylierungsweg fördern.

FAKTOR V G1691A

Faktor V fungiert als Kofaktor, der es dem Faktor Xa ermöglicht, das Enzym Thrombin zu aktivieren, das seinerseits Fibrinogen spaltet, um Fibrin zu bilden, das zu dem dichten Geflecht polymerisiert, das den größten Teil eines Gerinnsels ausmacht. Aktiviertes Protein C (APC) ist ein natürliches Antikoagulans, das das Ausmaß der Gerinnung durch Spaltung und Abbau von Faktor V begrenzt. Die Faktor-V-Leiden-Genmutation ist durch eine schlechte gerinnungshemmende Reaktion auf APC und ein erhöhtes Risiko für venöse Thromboembolien (VTE) gekennzeichnet. Die tiefe Venenthrombose (TVT) ist die häufigste VTE, wobei die Beine die häufigste Stelle des Auftretens sind. VTE können jedoch auch in anderen Teilen des Körpers auftreten, einschließlich des Gehirns, der Augen, der Leber und der Nieren.

IHR ERGEBNIS: GG

Am Locus 1691 G>A wurde keine Variante festgestellt.

Ernährung und Östrogen

Liegt eine mäßig oder stark belastende Genvariante für COMT, SULT1A1 oder CYP17A vor, wird folgende Unterstützung im Rahmen der Ernährung empfohlen, um die Östrogenbelastung durch Unterstützung der bevorzugten Östrogenstoffwechselwege wirksam zu reduzieren:

- Für den Abbau von Östrogen zum vorteilhaften 2-OH-Metaboliten sollte eine bioverfügbare Form von 3,3'-Diindolylmethan (DIM) eingenommen oder der Verzehr von Kreuzblütlern (Blumenkohl, Brokkoli, Kohl, Rosenkohl) deutlich erhöht werden.
- Integrieren Sie verstärkt Phytoöstrogene in die Ernährung, da sie einen positiven Einfluss auf die Östrogensynthese und den Östrogenstoffwechsel haben. Dazu gehören Isoflavone und Lignine. Isoflavone sind vor allem in Sojaprodukten enthalten, aber auch in Hülsenfrüchten, Alfalfasprossen, Klee, Süßholzwurzel und Kudzuwurzel, sowie in Genistein, Daidzein, Equol und Puerarin. Lignine sind unlösliche Ballaststoffe, die in Leinsamen, Vollkorngetreide, Bohnen und Samen enthalten sind.
- Achten Sie auf eine ausreichende Zufuhr von Magnesium und Vitamin E.
- Weitere nützliche Mikro- und Phyto-Nährstoffe, die den Östrogenstoffwechsel beeinflussen, sind Kalzium-D-Glucarat, Curcumin, Polyphenole aus grünem Tee und D-Limonen.

Ein Leben in optimaler Gesundheit steht Ihnen bevor

Ihre Gene verändern sich im Laufe Ihres Lebens nicht, was bedeutet, dass unser Labor in Ihrem Leben nur eine einzige Probe* von Ihnen benötigen wird. Wenn sich Ihre Gesundheitsziele und -prioritäten im Laufe Ihres Lebens ändern, können wir Ihnen mit dieser einen Probe* weitere wertvolle gesundheitliche Erkenntnisse zur Verfügung stellen, die Sie auf Ihrem einzigartigen Gesundheitsweg unterstützen.

*Es bedarf einer Fingerkuppenblut-Entnahme zur Durchführung Ihres Tests.

Unser Versprechen

DNALYSIS Biotechnology entwickelt fortlaufend neue Tests, welche dem höchsten Anspruch wissenschaftlicher Strenge genügen. Unser Engagement dafür, den ethisch-richtigen und angemessenen Umgang mit Gentests in der Praxis zu gewährleisten, drückt sich u.a. dadurch aus, dass wir nur diejenigen Genvarianten in unsere Panels aufnehmen, für die eine solide wissenschaftliche Basis für ihren klinischen Nutzen besteht und deren Bedeutung für das individuelle Gesundheitsergebnis nachgewiesen ist.

.....

ADVANCED | **ACTIONABLE** | **APPROPRIATE**
technology | interventions | use in practice

Aus den Labors von:

DNALYSIS
Biotechnology

Für weitere Informationen: 011 268 0268 | admin@dnalysis.co.za | www.dnalysis.co.za

Dieser Bericht wurde begutachtet und frei gegeben von:
Juha Matilainen (PhD)
Laboratory Director
Nordic Laboratories Oy

Büro in Dänemark: Nygade 6, 3.sal · 1164 Copenhagen K · Denmark | T: +45 33 75 10 00

Büro in Südafrika: North Block · Thrupps Centre · 204 Oxford Rd · Illovo 2196 · South Africa | T: +27 (0) 11 268 0268

Büro UK: 11 Old Factory Buildings · Battenhurst Road · Stonegate · E. Sussex · TN5 7DU · UK | T: +44 (0) 1580 201 687

Vermittelt durch:

 **dnalife**



info@dnalife.healthcare | www.dnalife.healthcare

Risiken und Beschränkungen:

Dieses Labor verwendet die sog. Echtzeit-PCR-Methode, um das aus dem Blutstropfen oder dem Mundschleimhautabstrich gewonnene genetische Material zu analysieren. Wir nutzen standardisierte und effektive Verfahren für die Handhabung der Proben und wirksame Protokolle zum Schutz vor technischen und betrieblichen Fehler. Wie in allen Laboren können jedoch Laborfehler auftreten, z. B. eine falsche Kennzeichnung oder Kontaminierung von Proben oder DNA, unzureichende Ergebnisse zur Erstellung eines interpretierbaren Reports oder andere betriebliche Laborfehler. Gelegentlich kommt es aufgrund von Vorfällen, die außerhalb unserer Kontrolle liegen, zu Situationen, in denen es nicht möglich ist, SNP-spezifische Ergebnisse zu erhalten.