RESUMO

Fonseca, Polimar Ferreira, Universidade Federal de Viçosa, dezembro de 2025. **Escore genético, cronutrição e risco cardiometabólico em pessoas com excesso de peso e obesidade (Programa GenON)**. Orientador: Helen Hermana Miranda Hermsdorff. Coorientadora: Ana Claúdia Pelissari Kravchychyn.

O excesso de peso e a obesidade configuram importantes problemas de saúde pública em escala global, contribuindo para o aumento da carga de doenças crônicas não transmissíveis e do risco cardiometabólico. Dada a natureza multifatorial da obesidade, compreender a interação entre fatores genéticos e alimentares é essencial para o desenvolvimento de intervenções nutricionais mais eficazes e personalizadas. O objetivo desse estudo é investigar a interação entre SNPs (polimorfismos de nucleotídeo único) dos genes FTO (rs9939609 e rs1121980), MC4R (rs17782313), LEP (rs7799039) e CLOCK (rs1801260) e os comportamentos relacionados à crononutrição, analisando sua relação com o risco cardiometabólico em indivíduos com excesso de peso e obesidade. Trata-se de um estudo transversal que será realizado com os dados basais do Programa GenON. O projeto foi aprovado pelo Comitê de Ética em Pesquisas com Seres Humanos da Universidade Federal de Viçosa (parecer: 7.283.411) e registrado no Registro Brasileiro de Ensaios Clínicos (RBR-8csbc2g). Neste estudo, serão avaliadas variáveis de exposição (escore genético e comportamentos da crononutrição) e variáveis de desfecho cardiometabólico. A partir da genotipagem dos SNPs será calculado um escore genético não ponderado. Os genótipos de cada SNP serão agrupados em duas ou três categorias. Os comportamentos de crononutrição avaliados incluirão horário, frequência, regularidade, distribuição e proporção de macronutrientes. As medidas antropométricas incluirão perímetros de pescoço, braço, cintura, quadril, coxa e panturrilha, bem como as razões cintura/quadril e cintura/estatura. A pressão arterial será aferida, e as análises bioquímicas compreenderão dosagens de colesterol total, HDL-c, LDL-c, triglicerídeos, glicose, GGT, fosfatase alcalina, AST, ALT e insulina. O risco cardiometabólico será avaliado pela presença de síndrome metabólica, dislipidemia, hipertensão arterial sistêmica e diabetes mellitus tipo 2. As análises estatísticas serão conduzidas no software R (versão 4.3.2), adotando-se nível de significância de 5%. Serão verificados os pressupostos de normalidade e homogeneidade dos dados. Será avaliado o equilíbrio de Hardy-Weinberg, as frequências alélicas e genotípicas. As comparações entre genótipos serão realizadas por teste t de Student ou ANOVA one-way. Quando não atendido o pressuposto de normalidade será utilizado os teste de Mann-Whitney ou Kruskal-Wallis. O post-hoc de Bonferroni, de Games-Howell ou de Dunn será aplicado para comparações múltiplas, e, na ausência de homoscedasticidade, será utilizada a correção de Welch. As associações e interações entre variáveis genéticas, comportamentais e cardiometabólicas serão analisadas por modelos de regressão linear ou modelos lineares generalizados.

Palavras-chave: Cronobiologia, Interação Gene-Ambiente, Nutrição Personalizada, Polimorfismo de Nucleotídeo Único, Ritmo Circadiano.

ABSTRACT

Fonseca, Polimar Ferreira, Federal University of Viçosa, December 2025. **Genetic score, chrononutrition and cardiometabolic risk in people with overweight and obese (GenON Program)**. Advisor: Helen Hermana Miranda Hermsdorff. Co-advisor: Ana Claúdia Pelissari Kravchychyn.

Overweight and obesity represent major global public health issues, contributing to the burden of noncommunicable diseases and to increased cardiometabolic risk. Given the multifactorial nature of obesity, understanding the interaction between genetic and dietary factors is essential for developing more effective and personalized nutritional interventions. This study aims to investigate the interaction between SNPs (single nucleotide polymorphism) in the FTO (rs9939609 and rs1121980), MC4R (rs17782313), LEP (rs7799039), and CLOCK (rs1801260) genes and chrononutrition-related behaviors, analyzing their relationship with cardiometabolic risk in individuals with overweight and obesity. This is a cross-sectional study that will use baseline data from the GenON Program. The project was approved by the Human Research Ethics Committee of the Federal University of Viçosa (approval no. 7.283.411) and registered in the Brazilian Clinical Trials Registry (RBR-8csbc2g). The study will assess exposure variables (genetic score and chrononutrition behaviors) and cardiometabolic outcomes. An unweighted genetic risk score will be calculated based on the genotyping of selected SNPs. Genotypes of each of the SNPs will be grouped into two or three categories. Chrononutrition behaviors to be evaluated include meal timing, frequency, regularity, macronutrient distribution and proportion. Anthropometric assessments will include measurements of neck, arm, waist, hip, thigh, and calf circumferences, as well as waist-to-hip and waist-to-height ratios. Blood pressure will be measured, and biochemical analyses will include total cholesterol, HDL-c, LDL-c, triglycerides, glucose, GGT, alkaline phosphatase, AST, ALT, and insulin. Cardiometabolic risk will be determined based on the presence of metabolic syndrome, dyslipidemia, hypertension, and type 2 diabetes mellitus. Statistical analyses will be performed using R software (version 4.3.2), adopting a 5% significance level. Data normality and homogeneity assumptions will be verified. Hardy–Weinberg equilibrium, allele, and genotype frequencies will be assessed. Comparisons between genotypes will be performed using Student's t-test or one-way ANOVA. When the assumption of normality is not met, the Mann-Whitney or Kruskal-Wallis test will be used. Bonferroni, Games–Howell, or Dunn post-hoc test will be applied for multiple comparisons, and in the absence of homoscedasticity, the Welch correction will be used. Associations and

interactions between genetic, behavioral, and cardiometabolic variables will be analyzed using linear regression or generalized linear models.

Keywords: Circadian Rhythms, Chronobiology, Gene–Environment Interaction, Personalized Nutrition, Single Nucleotide Polymorphisms.