

LABOKLIN S.L., Avenida de la Industria 4, 28108 Alcodendas

Veterinario Paulo Borges Rua Oceano Indico 11 R/C Esq 2655- 486 Ericeira Portugal Resultado Nr.:2311-M-25070Fecha de entrada:09.11.2023Fecha de informe:19.12.2023Inicio de análisis:09.11.2023Fin de análisis:

Informe parcial

Especie:
Raza:
Sexo:
Nombre:
LOE/Pedigree:
Microchip:

Edad / Fecha de nacimiento: Material: Fecha:

Muestra tomada por: Propietario: Código paciente: Perro
Altdeutscher Schaferhund
Hembra
Elavra Black&Sher-Can
PFK 2111436
616093901513069
06.08.2021
Sangre
11.10.2023
Paulo Borges

Quinta Silfrohn

Estato del informe:

## Mielopatía degenerativa - PCR

Resultado: Genotipo N/N (exón 2)

Interpretación: el animal examinado es homocigoto para el alelo salvaje. No presenta la mutación en el exón 2 del gen SOD1 considerada como factor de alto riesgo de DM.

Heredabilidad: autosómica-recesiva.

Nota: en el boyero de Berna está descrita otra mutación en el exón 1 del gen SOD1 relacionada también con DM.

# Hiperuricemia - PCR

Resultado: Genotipo N/N

Interpretación: el animal examinado es homocigoto para el alelo salvaje. No presenta la mutación en el gen SLC2A9 responsable de HUU.

Heredabilidad: autosómica-recesiva.

## Longitud del pelo I (pelo corto/largo) - PCR

HIHd1 SNP G284T: **1/1** 

Resultado-Nr: 2311-M-25070



#### Comentario:

Se ha encontrado otra mutación responsable del pelo largo en

las siguientes razas:

galgo afgano, Akita Inu, Alaskan Malamute, Chow Chow, Eurasian, French bulldog, Husky siberiano, Ratonero de Praga, Shar Pei, Samoyedo

Estas otras mutaciones pueden ser responsables del pelo largo en estas razas.

# Interpretación:

El test detecta los alelos L (pelo corto) y I (pelo largo). Serie alélica: L dominante sobre I Exclusivamente genotipo L/L: La muestra examinada es homocigota

para el alelo L responsable de pelo corto.

Sólo un genotipo L/I:

La muestra examinada es heterocigota para los alelos L y I. El alelo I responsable de pelo largo es transmitido al 50% de su descendencia. Múltiples genotipos L/I: La muestra analizadas es heterocigota para los alelos L y I en mas de un locus. El perro transmitirá el alelo I para pelo largo a su descendencia.

Al menos un genotipo I/I: La muestra examinada es homocigota para el alelo I responsable de pelo largo.

## Defecto genético MDR1 (Sensibilidad a ivermectina)

Resultado: Genotipo N/N (+/+)

Interpretación: el animal examinado es homocigoto para el alelo salvaje. No presenta la mutación en el gen ABCB1 responsable de MDR. Heredabilidad: autosómica-recesiva.

Estudios científicos han encontrado relación entre la mutación y los síntomas de la enfermedad en las siguientes razas: perro pastor australiano, Border Collie, Elo, pastor alemán, whippet de pelo largo, bobtail, collie, perro pastor de Shetland, Silken Windhound, Wäller, pastor blanco suizo.

Por favor, tenga en cuenta que, en algunos casos, los animales heterocigotos pueden mostrar signos clínicos.

La prueba genética se corresponde con lo publicado por Mealey et al. (2001) "La sensibilidad a la ivermectina en el Collie está asociada a una mutación por delección en el gen MDR1." La mutación ha sido identificada en el gen MDR1, nt230 (de14)

#### **Enanismo - PCR**

Resultado: Genotipo N/N

Interpretación: el animal examinado es homocigoto para el alelo salvaje. No presenta la mutación en el gen LHX3 responsable de enanismo.

Heredabilidad: autosómica-recesiva.

Estudios científicos han encontrado relación entre esta mutación y los síntomas de la enfermedad en las siquientes razas: Lobero checoslovaco, lobero de Saarloos, pastor alemán, pastor blanco suizo, perro cazador de osos de Carelia, perro reno de Laponia, terrier tibetano

### I locus (Feomelanina - Intensidad) - PCR

Resultado para i: Genotipo N/N (anteriormente I/I)

Interpretación: No se ha encontrado el alelo i en esta muestra.

Nota: La nomenclatura de los resultados se ha modificado para estandarizarse junto al resto de pruebas genéticas.

Resultado-Nr: 2311-M-25070



# D-Locus (Dilución, Aclarados del color) - PCR

Resultado para d1: Genotipo N/N (anteriormente D/D)

Interpretación: No se encontró ningún alelo d1 en esta muestra.

El genotipo global del complejo del locus D solo puede deducirse si se analizan todas las variantes conocidas del locus D (d1, d2 y d3). Algunos de estos alelos solo existen en razas específicas.

Nota: La nomenclatura de los resultados se ha modificado para estandarizarse junto al resto de pruebas genéticas.

El resultado es válido sólo para el material recibido en el laboratorio. La responsabilidad acerca de la veracidad de los datos aportados corresponde al remitente. No se ofrecen garantias a este respecto. La garantía de compensación se limita legalmente al valor de la factura de los análisis realizados.

No se pueden excluir otras alteraciones genéticas que puedan influir en la expresión de la enfermedad o los criterios. Los análisis se realizan de acuerdo con los conocimientos científicos en ese momento.

El laboratorio está acreditado para realizar los análisis que corresponden a este resultado según la norma DIN EN ISO/IEC 17025:2018 (Excepto test realizados en laboratorios colaboradores).

# Classic STR DNA-perfil (ISAG 2006) - PCR

Amelogenin:	X/X
AHT 121:	80/102
AHT 137:	137/139
AHTH 130:	127/129
AHTH 171:	223/233
AHTH 260:	242/246
AHTK 211:	89/95
AHTK 253:	286/288
CXX 279:	116/126
FH 2054:	152/164
FH 2848:	240/240
INRA 21:	95/99
INU 005:	126/126
INU 030:	150/150
INU 055:	210/218
REN 105 L 03:	227/241
REN 162 C 04:	206/212
REN 169 D 01:	212/216
REN 169 O 18:	164/174
REN 247 M 23:	270/270
REN 54 P 11:	226/234
REN 64 E 19:	155/155

Resultado-Nr: 2311-M-25070



La nomenclatura está basada en los estándares de comparación ISAG 2006.

El resultado es válido sólo para el material recibido en el laboratorio. La responsabilidad acerca de la veracidad de los datos aportados corresponde al remitente. No se ofrecen garantias a este respecto. La garantía de compensación se limita legalmente al valor de la factura de los análisis realizados. No se pueden descartar modificaciones genéticas adicionales no descritas que influyan en el desarrollo de la enfermedad.

El laboratorio está acreditado para realizar los análisis que corresponden a este resultado según la norma DIN EN ISO 17025:2018.

En el perfil de ADN solicitado se incluye un certificado (no en clasificación racial) en el caso de que la muestra haya sido tomada por un veterinario. Por favor, compruebe que los dados del animal y propietario son correctos. Los cambios en estos datos sólo puden ser realizados hasta el final del mes siguiente a la recepción del resultado, y es necesario la confirmación previa por escrito por parte del veterinario. Cambios posteriores en certificados emitidos podráín ser realizados pero supondráín la nueva realización del mismo con los costes pertinentes.

## Toma de la muestra:

La siguiente persona imparcial (veterinario o persona autorizada) firma el formulario para la toma de muestras y comprueba la identidad del animal:

# **Paulo Borges**

Estos resultados se basan en el material de muestra enviado a nuestro laboratorio. Este material es adecuado salvo que se indique lo contrario. El remitente es responsable de la exactitud de la información relativa a la muestra. Este informe solo puede transmitirse íntegramente y sin cambios. Hacer lo contrario requiere el permiso por escrito de Laboratorio Veterinario Laboklin S.L.

Antonio Barrientos Soriano Veterinario

\*\*\* FIN del informe \*\*\*



Laboklin App