

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

Palmela Vet Center  
Joana Rosa Monteiro  
Av. Antoine Velge, Quinta da Gloria 3  
2950- 011 Palmela (Portugal)  
Portugal

<b>Resultado Nr.:</b>	<b>2505-M-11456</b>
Fecha de entrada:	21.05.2025
Fecha de informe:	28.05.2025
Inicio de análisis:	21.05.2025
Fin de análisis:	28.05.2025
Estatu del informe:	Informe final

Especie:	Perro
Raza:	Pastor alemán
Sexo:	Macho
Nombre:	L'KORUM VON SIL FROHN
Microchip:	620096310170355
Edad / Fecha de nacimiento:	02.03.2024
Material:	Sangre
Fecha:	19.05.2025
Muestra tomada por:	INES SALVADO
Propietario:	Silva, Joao
Código paciente:	---

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

Amelogenin:	<b>Y/X</b>
AHT 121:	<b>104/112</b>
AHT 137:	<b>133/147</b>
AHTH 130:	<b>125/127</b>
AHTH 171:	<b>225/225</b>
AHTH 260:	<b>238/242</b>
AHTK 211:	<b>87/89</b>
AHTK 253:	<b>288/288</b>
CXX 279:	<b>116/116</b>
FH 2054:	<b>156/168</b>
FH 2848:	<b>232/240</b>
INRA 21:	<b>97/99</b>
INU 005:	<b>110/126</b>
INU 030:	<b>150/150</b>
INU 055:	<b>218/218</b>
REN 105 L 03:	<b>231/241</b>
REN 162 C 04:	<b>202/212</b>
REN 169 D 01:	<b>216/216</b>
REN 169 O 18:	<b>162/164</b>
REN 247 M 23:	<b>270/270</b>
REN 54 P 11:	<b>234/238</b>
REN 64 E 19:	<b>153/155</b>

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 garantías 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 datos del animal y propietario son correctos. Los cambios en estos datos sólo pueden 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 podrán ser realizados pero supondrán 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:

**INES SALVADO**

### **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 bobero 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**

### **Longitud de capa variante G284T**

I/I

## **Interpretación:**

El test detecta los alelos L (pelo corto) y l (pelo largo). Serie alélica: L dominante sobre l Exclusivamente genotipo L/L: La muestra examinada es homocigota para el alelo L responsable de pelo corto.

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

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

## **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.

## **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 siguientes razas: Lobero checoslovaco, lobero de Saarloos, pastor alemán, pastor blanco suizo, perro cazador de osos de Carelia, perro reno de Laponia, terrier tibetano

## **B-Locus (marrón, chocolate, hígado)**

Este análisis genético del B- locus incluye las tres variantes bd, bc y bs descritas hasta ahora para todas las razas, así como el alelo salvaje N.

## **B-locus variante bd**

Resultado para bd: Genotipo N/N (anteriormente B/B) Interpretación: No se ha encontrado el alelo bd en esta muestra.

### **B-locus variante bc**

Resultado para bc: Genotipo N/N (anteriormente B/B) Interpretación: No se ha encontrado el alelo bc en esta muestra.

### **B-locus variante bs**

Resultado para bs: Genotipo N/N (anteriormente B/B) Interpretación: No se ha encontrado el alelo bs en esta muestra.

Cuando una de las variantes es homocigota, el pigmento oscuro (eumelanina) cambia de color en consecuencia. Cuando varias variantes del locus B se encuentran en estado heterocigoto, no es posible determinar directamente la influencia sobre la eumelanina.

El genotipo global del complejo del B-locus solo puede deducirse a partir todas las variantes conocidas del B-locus (bd, bc, bs, b4 y be). 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.

### **D-Locus variante d1 - PCR**

Resultado para d1: Genotipo N/d1 (anteriormente D/d1) Interpretación: Se ha encontrado un alelo d1 en esta muestra. El animal es heterocigoto para esta variante.

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.

### **E-locus variante e1 - PCR**

Resultado para e1: Genotipo N/e1 (anteriormente E/e) Interpretación: Se ha encontrado un alelo e1 en esta muestra. El animal es heterocigoto para esta variante.

El genotipo global del complejo del locus E solo puede deducirse si se analizan todas las variantes conocidas del locus E (e1, e2, e3, eA, eg, eh y EM).

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.

### **I-locus (Intensidad feomelanina) - 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.

### **K-Locus - PCR**

Resultados: Genotipo Kb/ky

Interpretación: El animal examinado es heterocigoto para el alelo Kb y ky. El test detecta únicamente los alelos Kb y ky. Serie alélica: Kb domina sobre ky.

Nota: Existe un análisis ampliado para este genotipo, que detecta de forma fiable el alelo kbr y, por tanto, proporciona la herencia de brindle (atigrado). Le invitamos a solicitarlo como K-locus (brindle) a partir del material de muestra disponible.

### **A-locus (Agouti) Análisis ASIP**

ASIP haplotype: Genotype AG/a

Interpretation: The genotype AG/a has been found for the submitted samples ASIP haplotypes. The corresponding dog is heterozygous for the AG allele for agouti wildtype and the a allele for recessive unicolor.

Los genotipos para las variantes VP y HCP determinan dos haplotipos ASIP (DY, SY, AG, BS, BB1-3) cada uno. Esto junto con la variante knockout a se pueden calcular los genotipos del A-locus. La serie alélica de los haplotipos ASIP pueden encontrarse en la tabla adjuntada o en el siguiente link: [www.labogen.com/en/asip](http://www.labogen.com/en/asip)

### **S-Locus**

Resultado: Genotipo N/N

Interpretación: El animal examinado es homocigoto para el alelo N.

El análisis detecta los alelos N y S. El color es heredado de manera semidominante.

Por favor, tenga en cuenta que existen mas variantes genéticas que dan lugar a Piebald y que no son analizadas por el momento.

### **K locus (brindle)**

Nota: LABOKLIN ofrece ahora un análisis adicional para brindle (atigrados), que puede solicitarse por separado. Este análisis detecta el genotipo exacto para el alelo kbr en perros con el genotipo KB/ky en la prueba clásica de K-locus.

Los resultados actuales sólo son válidos para la muestra enviada a nuestro laboratorio. La responsabilidad acerca de la veracidad de los datos aportados corresponde al remitente. No se ofrecen garantías 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).

**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