

Laboklin GmbH & Co. KG, Steubenstraße 4, 97688 Bad Kissingen

Reproforpets SRL
Dott.ssa Michela Beccaglia
Via Beatrice D'Este 43
20122 Milano (MI)
Italia

Risultato-num.:	2606-W-228284
Data di arrivo:	10.06.2026
Data di refertazione:	24.06.2026
Inizio lavorazione:	10.06.2026
Fine lavorazione:	24.06.2026
Stato del referto:	Referto finale

Specie:	Cane
Razza:	Dalmatian
Sesso:	Femmina
Nome:	California Centouno Fata
LOI/Pedigree:	LO2540115
Microchip:	380260160811730
Età / Data di nascita:	21.02.2025
Materiale:	Sangue in EDTA
Data:	09.06.2026
Campione prelevato da:	Dott. Mariagloria Nequinio
Proprietario:	Merlo, Elisabetta
Codice paziente:	---

Iperuricosuria - PCR

Esito: Genotipo HUU/HUU

Interpretazione: L'animale esaminato è omozigote nei confronti della mutazione responsabile di HUU nel gene SLC2A9.

Ereditarietà: autosomica recessiva

Danno polmonare acuto (ARDS) - PCR

Esito: Genotipo N/N

Interpretazione: L'animale esaminato è omozigote nei confronti del gene sano. Non è portatore della mutazione responsabile della ARDS nel gene ANLN.

Ereditarietà: autosomica recessiva

Una correlazione tra questa mutazione e la malattia è stata ad oggi descritta nelle seguenti razze: Dalmata

Nanismo sproporzionato - PCR

Esito: Genotipo N/N

Interpretazione: L'animale esaminato è omozigote nei confronti dell'allele sano. Non è portatore della mutazione responsabile del nanismo nel gene PRKG2.

Ereditarietà: autosomica recessiva

Una correlazione tra questa mutazione e la malattia è stata ad oggi descritta nelle seguenti razze: Dalmata

Malattia da accumulo lisosomiale (LSD) - PCR

Esito: Genotipo N/N

Interpretazione: L'animale esaminato è omozigote nei confronti dell'allele sano. Non è portatore della mutazione responsabile della LSD nel gene CNP.

Ereditarietà: autosomica dominante a penetranza variabile

Una correlazione tra questa mutazione e la malattia è stata ad oggi descritta nelle seguenti razze: Dalmata

Locus B (marrone, chocolate, liver(nose))

L'analisi genetica del Locus B rileva le tre varianti bd, bc e bs fino ad ora conosciute in tutte le razze, oltre che il rispettivo allele sano N.

Locus B variante bd

Esito bd: Genotipo N/N (prima B/B)

Interpretazione: L'animale esaminato non porta l'allele bd.

Locus B variante bc

Esito bc: Genotipo N/N (prima B/B)

Interpretazione: L'animale esaminato non porta l'allele bc.

Locus B variante bs

Esito bs: Genotipo N/bs (prima B/bs)

Interpretazione: L'animale esaminato porta un allele bs ed è quindi portatore eterozigote di questa variante.

Nel caso uno delle varianti sia omozigote, il pigmento scuro (eumelanina) si modificherà conformemente. Se più varianti del Locus B si presentano in forma eterozigote, non è possibile determinare l'influenza diretta dell'eumelanina. Il genotipo complessivo del Locus B può essere dedotto solamente sulla base dell'analisi di tutte le varianti fino ad ora conosciute (bd, bc, bs, b4 e be).

Si ricorda che alcuni alleli sono presenti solo in specifiche razze.

Attenzione: la nomenclatura dei risultati è stata modificata per armonizzare i referti dei test genetici.

Locus E variante e1 - PCR

Esito e1: Genotipo N/N (prima E/E)

Interpretazione: L'animale esaminato non porta l'allele e1.

Il genotipo complessivo del complesso del Locus E può essere determinato solamente dopo aver tenuto conto dei risultati dei test su tutti gli alleli fino ad ora conosciuti relativi al Locus E (e1, e2, e3, eA, eg, eh, EM).

Si ricorda che alcuni alleli sono presenti solo in specifiche razze.

Attenzione: la nomenclatura dei risultati è stata modificata per armonizzare i referti dei test genetici.

Le scontistiche concesse agli appartenenti ai club di razza/all'ENCI sono state applicate agli esami aventi diritto!

Con i test genetici analizziamo le varianti associate alle patologie genetiche oppure alle caratteristiche genetiche. I risultati dei test genetici mostrano sempre entrambi gli alleli presenti nell'animale riferiti alla variante analizzata. La lettera "N" indica l'allele sano, gli alleli alterati sono indicati in base alla sigla della patologia testata (negli esempi sotto indicati vengono riportati con "mut").

Possibili esiti:

- N/N: non è presente la variante genetica associata alla patologia analizzata.
- N/mut: l'animale esaminato porta una copia della variante analizzata.
- mut/mut: l'animale esaminato porta due copie della variante analizzata. Con queste sole informazioni genetiche non è tuttavia possibile fornire dati definitivi sulla comparsa o meno della patologia o sulla sua gravità. per alcune patologie la gravità della malattia dipende anche da altri fattori, alcune dei quali non rilevabili da test genetici. Anche le diverse penetranze, che comportano vari gradi di severità della patologia, giocano spesso un ruolo importante. In caso di una patologia ad ereditarietà recessiva, la patologia si manifesta generalmente solo se il soggetto possiede due copie della variante ricercata. Al contrario, in caso di patologie ad ereditarietà dominante la presenza di una singola copia della variante influisce già la probabilità di sviluppo della patologia. Le lettere annotate **r** (autosomica recessiva), **d** (autosomica dominante), e **Xr** (X cromosomica recessiva) indicano la rispettiva ereditarietà.

Non tutti i risultati alterati sono necessariamente associati a conseguenze sulla salute dell'animale o della sua prole. Soprattutto nel caso di malattie monogeniche autosomiche recessive eterozigoti (miste-zigoti), i risultati mostrati non hanno alcun significato per la salute dell'animale e, nel caso dell'accoppiamento con un animale libero, nemmeno per la prole. Da prendere in considerazione per risultati non specifici per la razza: Al momento non è stata ancora scientificamente dimostrata nella razza di questo soggetto alcuna correlazione tra la variante testata e i sintomi clinici associati ad essa.

Per ulteriori informazioni in riferimento alle specifiche malattie ereditarie, si prega di consultare la nostra pagina web.

VARIANTI SPECIFICHE DELLA RAZZA

Risultati anomali		Genotipo	Gene	Variante
Iperuricosuria ^r		HUU/HUU	SLC2A9	G-T
Risultati non preoccupanti		Genotipo	Gene	Variante
Atrofia retinica progressiva (prcd-PRA) ^r		N/N (A)	PRCD	C-T
Condrodistrofia (CDDY and IVDD risk) ^d		N/N	FGF4/ CFA12	COMPLEX
Danno polmonare acuto (ARDS) ^r		N/N	ANLN	C-T
Ipertermia maligna (MH) ^d		N/N	RYR1	A-G
Malattia di von Willebrand di tipo I (vWD1) ^{d,3}		N/N	VWF	G-A
Mielopatia degenerativa ^{r,2,4}		N/N (Esone 2)	SOD1	G-A
Non interpretabile				
Condrodisplasia (CDPA) ^d				

COLORI DEL MANTELLO E CARATTERISTICHE DEL MANTELLO

Test genetico	Genotipo	Sequenza allelica
Cocoa ^r	N/N	N>cocoa
Curly Coat variante C1 ^d	NC/NC	C1>NC
Curly2 ^d	NC/NC	C2>NC
Double Coat variante 1 ^d	D/D	A>D

COLORI DEL MANTELLO E CARATTERISTICHE DEL MANTELLO

Test genetico	Genotipo	Sequenza allelica
Double Coat variante 2 ^d	D/D	A>D
Hairlessness/Cane nudo- Levriero ^r	N/N	N>H
Locus A (aplotipo ASIP)	BB1/BB1	DY>SY>AG>BS/ BB>a
Locus B variante b4 ^r	N/N (B/B)	N(B)>b4
Locus B variante bc ^r	N/N (B/B)	N(B)>bc
Locus B variante bd ^r	N/N (B/B)	N(B)>bd
Locus B variante be ^r	N/N (B/B)	N(B)>be
Locus B variante bh ^r	N/N (B/B)	N(B)>bh
Locus B variante bs ^r	N/bs (B/bs)	N(B)>bs
Locus C variante caL ^r	N/N (C/C)	N(C)>caL
Locus C variante OCA2 ^r	N/N (C/C)	N(C)>oca2
Locus C variante OCA4 (Bullmastif) ^r	N/N (C/C)	N(C)>oca4
Locus C variante OCA4 (Dobermann) ^r	N/N	N(C)>oca4
Locus D variante d1 ^r	N/N (D/D)	N(D)>d1
Locus D variante d2 ^r	N/N (D/D)	N(D)>d2
Locus E variante e1 ^r	N/N (E/E)	N(E)>e1
Locus E variante e3 ^r	N/N (E/E)	N(E)>e3
Locus E variante eA ^r	N/N (E/E)	N(E)>eA
Locus E variante eG ^r	N/N (E/E)	N(E)>eg
Locus E variante eH ^r	N/N (E/E)	N(E)>eh
Locus E variante EM ^d	N/EM (E/EM)	EM>N(E)
Locus H (arlecchino) ^d	h/h	H>h
Locus I (intensità della feomelanina) ^r	N/N (I/I)	N(I)>i
Locus K	Kb/Kb	Kb>ky
Locus S (macchie bianche, piebald)	S/S	
Locus T (ticking, roano, screziato, macchiato) ^d	TR/TR	TR>N
Lunghezza del pelo variante C587T ^r	L/L	L>l
Lunghezza del pelo variante del16 ^r	L/L	L>l
Lunghezza del pelo variante dupGG ^r	L/L	L>l
Lunghezza del pelo variante G284T ^r	L/L	L>l
Lunghezza del pelo variante T8193A ^r	L/L	L>l
Panda white spotting (Pastore Tedesco) ^d	N/N	P>N
Saddle Tan - Basset Hound, Welsh Corgi ^d	St/bt	St>bt

Non interpretabile

Furnishing^d

Improper Coat^r

Questi risultati sono validi solo per il campione giunto in laboratorio. Il mittente è responsabile per le corrette informazioni riguardanti il materiale inviato. Il laboratorio non ne è responsabile. Inoltre, ogni obbligo a risarcimenti è limitato, nella misura consentita dalla legge, al valore della fattura dell'esame o degli esami effettuati, per il resto siamo responsabili solo per dolo e colpa grave, per quanto legalmente possibile.

Non si possono escludere altre alterazioni genetiche che possono influenzare la gravità della malattia/le caratteristiche. L'analisi è stata eseguita secondo le ultime conoscenze e tecnologie. Il laboratorio è accreditato per l'esecuzione di questo test secondo DIN EN ISO/IEC 17025:2018 (fanno eccezione i test di laboratori partner)

In rari casi non si possono ottenere alcuni risultati, generalmente a causa dell'insufficiente qualità o quantità del DNA. Garantiamo i risultati per almeno il 95% degli esami.

Complesso sintomatologico:

- ♥ Cardiologico
- 👁 Oftalmico
- 👤 Dermatologico
- 🦋 Immunologico
- 🔄 Metabolico
- 🦷 Dentale
- 🧠 Neurologico
- 🍷 Gastrointestinale
- 👂 Uditivo
- 💪 Muscolare
- 🩸 ematologico
- 🧬 Neoplastico
- 🦴 Scheletrico
- 👉 Urologico
- 👤 Respiratorio
- 👤 Nefrologico
- 🔗 Sistemico
- 🧠 Neuromuscolare

Numeri delle note

Informazioni dettagliate sui numeri delle note possono essere trovate qui:

<https://shop.labogen.com/numeri-delle-note>



Spiegazione sulla genetica dei colori del mantello

Un aiuto sull'interpretazione delle varianti genetiche può essere trovata qui:

<https://shop.labogen.com/coat-colour-genetics-dog>



Questi risultati fanno riferimento al campione inviato al laboratorio. Il campione risulta adatto per l'analisi, ove non sia stato fornito altro materiale. Il mittente è responsabile della correttezza delle informazioni sui campioni inviati. Questo referto può essere trasmesso solamente completo e inalterato. Per procedere in modo diverso è necessaria l'autorizzazione scritta da parte di Laboklin GmbH & Co. KG.



Fr. Dr. Weimann
Dipl.-Ing. Molekularbiologie

***** FINE del referto *****



Laboklin App

***** Informazioni dal laboratorio *****

Come di consueto, i nostri nuovi prezzi e moduli di richiesta saranno validi a partire dal 1 luglio 2026. I nuovi moduli di richiesta sono già disponibili in formato PDF nell'area riservata ai veterinari del nostro sito web. In alternativa, è possibile ordinarli telefonicamente al numero 051-021.68.92 o via e-mail all'indirizzo italia@laboklin.com.