



O TESTE DE DNA
CHEGOU!

**DESCUBRA
TUDO SOBRE
SEU DOG**





TESTE DE DOENÇAS E TRAÇOS GENÉTICOS



NÚMERO DO TESTE : 23BOX00506

TUTOR : MARCELO NEMER XAVIER

PET : DIOR NEW KAISA CIA ROTT

SEXO : MACHO

DATA DE NASCIMENTO : 21-07-2021

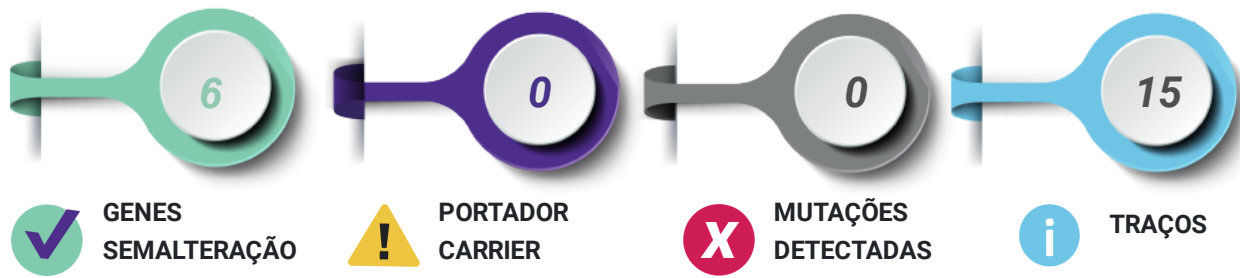
NÚMERO REGISTRO : RG/DFA/21/01956

ESPÉCIE : CANINO

DATA DO RELATÓRIO : 12-06-2023

RAÇA : ROTTWEILER

NÚMERO CHIP : 991001003112638



Veja quais foram as doenças genéticas avaliadas:

STATUS**DOENÇA**

DM ou MD - Mielopatia Degenerativa



Hiperqueratose dos Coxins (Tipo Rottweiler)



Leucoencefalomiopatia (LEMP)



Miopatia Miotubular Ligada ao X (Tipo Rottweiler)



Distrofia Neuroaxonal (Tipo Rottweiler)



JLPP - Polineuropatia juvenil e paralisia da laringe

RESULTADO DO TESTE DE DNA - DOENÇAS

DM ou MD - Mielopatia Degenerativa

Resultado: Negativo [variante não detectada]

Gene: SOD1A

Variante: Substituição da Base c.118G>A p.Glu40Lys

A Mielopatia Degenerativa é mais comumente vista no Pastor Alemão, embora outras raças também estejam predispostas, incluindo o Boxer, o Cardigan e o Pembroke Welsh Corgi, o Husky Siberiano e o Rhodesian Ridgeback. Esta doença é normalmente observada por volta da meia-idade e, em geral, o diagnóstico só pode ser confirmado no exame post-mortem. Pesquisas sobre algumas raças predispostas indicam uma taxa de ocorrência razoavelmente baixa, mas a maioria dos especialistas acha que essa taxa é realmente muito maior, devido a falta de acompanhamento post-mortem da maioria dos casos suspeitos. Os sinais são devido à destruição imunomediada de uma parte dos nervos da medula espinhal, levando à perda dessas fibras nervosas. O primeiro sinal é o nó das patas traseiras e a ataxia dos membros posteriores. Uma vez que o dano na medula espinhal progride além desse estágio inicial (denominado déficits proprioceptivos), a eficácia (se houver) do tratamento é diminuída, por isso, o diagnóstico precoce é vital. Após esse estágio inicial, os reflexos dos membros posteriores são afetados, e então a fraqueza nos membros posteriores se desenvolve, progredindo para a paralisia total. Quando um cão mostra esses sinais, quase sempre responde mal à terapia. Eventualmente, a destruição progride do meio da medula espinhal para o cordão superior e o tronco encefálico, levando à fraqueza do membro dianteiro e eventualmente à interferência com os músculos da respiração, causando a morte. A maioria dos cães é sacrificada por razões humanas antes que isso aconteça. O tratamento é feito com suplementos específicos e drogas que visam interferir na destruição do sistema imunológico na medula espinhal, para retardar os danos aos nervos. A eficácia deste tratamento é variável, mas só é benéfica se iniciada o mais cedo possível. Uma vez que os nervos são perdidos, eles não serão substituídos. A Mielopatia Degenerativa não pode ser curada, mas um teste de DNA está disponível para raças puras predispostas para realizar triagem de animais reprodutores.

RESULTADO DO TESTE DE DNA - DOENÇAS

Hiperqueratose dos Coxins (Tipo Rottweiler)

Resultado: Negativo [variante não detectada]

Gene: DSG1

Variante: c.2541_2545delGGGCT p.Gly848Trpfs*2

A pele é a maior barreira entre o meio e o corpo. Nos humanos, as solas dos pés e as palmas das mãos são cobertas pela epiderme palmoplantar especialmente estruturada, que deve suportar as forças mecânicas mais fortes de toda a pele, afinal são instrumentos de trabalho e marcha. O mesmo vale para os coxins dos animais. O gene DSG1 codifica a desmogleína 1, uma glicoproteína transmembrana de ligação ao cálcio da família das caderinas. A desmogleína 1 representa um componente importante dos desmossomos que medeiam a adesão célula-célula entre os queratinócitos nas camadas superiores da epiderme . Desmossomos intactos são essenciais para manter a função de barreira da pele. Ou seja, uma mutação no gene DSG1 descaracteriza a formação da barreira cutânea da pele, em especial dos coxins. Algumas alterações nas estruturas juncionais e funcionais das proteínas de regiões dermais específicas caracterizam um grupo de doenças denominado genodermatose. Dentre elas, a hiperqueratose de coxins. Histologicamente, o estrato córneo apresenta expansão de projeções vilosas de hiperqueratose ortoceratótica e a camada granular subentendida da epiderme é levemente hiperplásica. As amostras não caracterizam inflamação significativa nem invasão de microorganismos como fungos e bactérias. O tratamento varia da severidade da hiperqueratinização levando a tratamentos periódicos sob anestesia ou aumento da marcha em solo abrasivo.

RESULTADO DO TESTE DE DNA - DOENÇAS

Leucoencefalomielopatia (LEMP)

Resultado: Negativo [variante não detectada]

Gene: NAPEPLD

Variante: Insertion

Ela é uma doença degenerativa crônica do sistema nervoso central (SNC). Os sintomas da leucoencefalomielopatia em cães afetados incluem: incapacidade de controlar os movimentos corporais, incapacidade de avaliar a distância, fraqueza muscular generalizada, hipermetria e reflexos espinhais exagerados. O exame neuronal revelou colapso da mielina, seguido de inchaço dos axônios. Os sintomas geralmente aparecem ainda quando filhotes.

RESULTADO DO TESTE DE DNA - DOENÇAS

Miopatia Miotubular Ligada ao X (Tipo Rottweiler)

Resultado: Negativo [variante não detectada]

Gene: Miotubularina 1 (MTM1) no cromossomo X

Variante: Substituição de Base c.1151A> C p.Gln384Pro

A miopatia miotubular é uma doença genética congênita que afeta a musculatura esquelética e respiratória, causada por mutações no gene MTM2

RESULTADO DO TESTE DE DNA - DOENÇAS

Distrofia Neuroaxonal (Tipo Rottweiler)

Resultado: Negativo [variante não detectada]

Gene: VSP11

Variante: c.2504A>G

Distrofia Neuroaxonal é um distúrbio neurodegenerativo hereditário que afeta a raça dos cães. É um tipo de distúrbio de armazenamento lipídico que afeta principalmente o sistema nervoso.

RESULTADO DO TESTE DE DNA - DOENÇAS

JLPP - Polineuropatia juvenil e paralisia da laringe

Resultado: Negativo [variante não detectada]

Gene: RAB3GAP1

Variante: Deleção do Nucleotídeo c.743delC p.Pro248Leufs4*

A Paralisia e Polineuropatia Laríngea Juvenil (JLPP) é um distúrbio neurológico que está presente nos Black Russian Terriers e no Rottweiler. Os primeiros sintomas da doença aparecem na laringe e na garganta. Em um cão saudável, um dos nervos mais longos do corpo supre os músculos da caixa vocal, chamada laringe. Enquanto o cachorro está latindo, o ar se move sobre as pregas vocais, que começam a vibrar. Por outro lado, quando o cão inspira, os músculos da laringe puxam as pregas vocais para o lado, de modo que o ar pode entrar facilmente nos pulmões.

RESULTADO DO TESTE DE DNA - TRAÇOS

Gene *LMBR1/SHH* – variante “PD” (polidactilia)

Resultado: pd/pd: não portador da variante “PD”, não transmitindo para nenhum filhote.

Gene: *LMBR1* ou *SHH*

Variante: chr 16: G/A / OMIA: 000810-9615

A polidactilia pré axial canina (PPD) está associada a uma variante herdada de modo autossômico dominante, de um gene envolvido no desenvolvimento dos membros. Assim, tanto cães com uma cópia desta variante como cães com duas cópias expressam o fenótipo de número extra de dedos, que costumam aparecer na parte interna das patas dianteiras.

Gene *E* – variante “e” diferentes tons de amarelado em pelagem

Resultado: E/E: não portador da variante e, não transmitirá para os filhotes.

Gene: *MC1R*

Variante: c.916C>T / OMIA: 001199-9615

Esta variante já foi identificada na grande maioria das raças, e também é conhecida como “e1”. A coloração pode variar desde creme até mesmo avermelhado, uma vez que a deposição de feomelanina é também determinada por outros genes. Para interpretação final, consulte os resultados das outras variantes do gene E, e veja explicação detalhada sobre este gene no texto anexo.

Gene *E* – variante “Em” máscara melânica

Resultado: E^m/E: portador da variante E^m, transmitindo para 50% dos filhotes.

Gene: *MC1R*

Variante: c.790A>G / OMIA: 001590-9615

Esta variante ocorre em diversas raças, sendo dominante sobre as outras variantes. As máscaras não são visíveis em cães pretos, marrons ou azuis. Algum outro pelo padrão como Merle, Harlequin e Spotting também podem “esconder” a máscara. Para interpretação final, consulte os resultados das outras variantes do gene E, e veja explicação detalhada sobre este gene no texto anexo.

RESULTADO DO TESTE DE DNA - TRAÇOS

Gene B – variante “bd” marrom/chocolate

Resultado: B/B: não portador da variante b^d, não transmitindo para nenhum filhote.

Gene: TYRP1

Variante: c.1033_1035del / OMIA: 001249-9615

Esta variante é uma causa genética comum do marrom/chocolate em várias raças. Para interpretação final, consulte os resultados das outras variantes do gene B, e veja explicação detalhada sobre este gene no texto anexo.

Gene B – variante “bs” marrom/chocolate

Resultado: B/B: não portador da variante b^s, não transmitindo para nenhum filhote.

Gene: TYRP1

Variante: c.991C>T / OMIA: 001249-9615

Esta variante é a mais comum como causa genética do marrom/chocolate, e ocorre em diversas raças, sendo recessiva com relação à variante “B”. Uma vez que é uma das variantes responsáveis pela produção de eumelanina de cor marrom (também chamada de chocolate ou fígado), só irá se manifestar em cães E₋ e K₋, pois são estes que possuem a capacidade de produzir algum tipo de eumelanina. Com eumelanina se deposita em pelo e pele, o cão terá cor marrom também na trufa e coxins. Para interpretação final, consulte os resultados das outras variantes do gene B, e veja explicação detalhada sobre este gene no texto anexo.

Gene B – variante “bc” marrom/chocolate

Resultado: B/B: não portador da variante b^c, não transmitindo para nenhum filhote.

Gene: TYRP1

Variante: c.121T>A / OMIA: 001249-9615

Esta variante é uma causa genética do marrom/chocolate, relativamente comum em diferentes raças. Para interpretação final, consulte os resultados das outras variantes do gene B, e veja explicação detalhada sobre este gene no texto anexo.

RESULTADO DO TESTE DE DNA - TRAÇOS

Gene B – variante “be” marrom/chocolate

Resultado: B/B: não portador da variante b^e, não transmitindo para nenhum filhote.

Gene: TYRP1

Variante: c.1025T>G / OMIA: 001249-9615

Esta variante é uma causa genética do marrom/chocolate específica da raça Lancashire Heeler. Para interpretação final, consulte os resultados das outras variantes do gene B, e veja explicação detalhada sobre este gene no texto anexo.

Gene D – variante “d” diluição

Resultado: D/D: não portador da variante “d”, não transmitindo para nenhum filhote.

Gene: MLPH

Variante: c.-22G>A / OMIA: 000031-9615

Esta variante, também chamada de “d1”, é a causa genética mais comum da diluição da eumelanina. O termo “diluição” se refere à presença do pigmento eumelanina em menor quantidade no pelo e também na pele. Desta forma, o cão que seria geneticamente preto, passa a ter pelo e pele (trufa e coxins) azuis (ou ‘blue’), enquanto o cão que seria geneticamente marrom, passa a ter pelo e pele isabela (ou ‘lilac’).

Gene K – variante “ky” preto dominante/outras cores

Resultado: ky/ky: portador da variante ky, transmitindo para 100% dos filhotes.

Gene: CBD103

Variante: c.231_233del / OMIA: 00141696-15

Esta variante ocorre em diversas raças, sendo recessiva com relação à variante “K” (também chamada de KB). Cães “kyky” são os únicos que expressam a variação no gene “A”, e sua pelagem é determinada por este gene. Até o momento, nenhum teste genético é capaz de diferenciar a variante “ky” da variante “kbr”, responsável por pelagem tigrada. Desta forma, um cão “kyky” pode possuir também pelagem tigrada.

RESULTADO DO TESTE DE DNA - TRAÇOS

Gene A – variantes “ay e a” - “aw e at” em readequação.

Resultado: aw/aw, aw/at ou at/at: não foi possível determinar se o animal é portador de uma ou duas variantes “aw” ou “at”. Aguarde confirmação.

Gene: ASIP

Variante: c.246G>C e c.286C>T (provisoriamente, outras variantes não estão sendo avaliadas) / OMIA: 000201-9615

O gene do peptídeo sinalizador agouti (ASIP) identificou quatro alelos diferentes que afetam a pigmentação da cor da pelagem em cães. Os cães que não carregam o gene preto dominante (ky/ky no Locus K) e não são "e/e" para o Locus E, o gene agouti pode se expressar e determinar a cor da pelagem do cão. Os quatro alelos funcionam como uma hierarquia, com o alelo mais dominante que o cão sempre expressou (assumindo n/n para o Locus K). O alelo mais dominante é "ay", seguido por "aw", depois "at" e depois "a".

Gene FGF5 – variante “Lh1” (pelo longo)

Resultado: Sh/Sh: não portador da variante “Lh1” para pelo longo, não transmitindo para nenhum filhote.

Gene: FGF5

Variante: c.284G>T / OMIA: 000439-9615

Esta é a variante mais comum do gene para pelo longo, ocorrendo em muitas raças diferentes (Afghan Hound, Border Collie, Cocker Spaniel, Collie, Corgi, Dachshund, Pastor Alemão, dentre outras). Como é recessiva em relação à variante de pelo curto (Sh = short hair), cães com pelo curto podem ser portadores, não manifestando no fenótipo. Para muitas raças menos investigadas, ou em cães descendentes de misturas, o resultado final deve ser interpretado em conjunto com as outras variantes de pelo longo. Veja explicação detalhada sobre este gene no texto anexo.

Gene MC5R – variante “SD” (queda de pelo, ou “shedding”)

Resultado: SD/SD: portador da variante “SD” para alta queda de pelo, transmitindo para 100% dos filhotes.

Gene: MC5R

Variante: c.709G>A

A variante “SD” (de “shedding”, ou queda de pelo) é uma das variantes genéticas relacionadas com queda de pelo em caninos. Possui dominância incompleta em relação à variante normal “sd”. Desta forma, duas cópias da variante “SD” estão relacionadas com alta queda de pelo, somente uma cópia com queda de pelo moderada e nenhuma cópia, com baixa queda. No entanto, para a previsão do nível de queda, o resultado final deve ser interpretado em conjunto com o gene RSP02. Veja explicação detalhada sobre este gene no texto anexo.

RESULTADO DO TESTE DE DNA - TRAÇOS

Gene *ADRB1-AU1* – variante “A” (presença de sub pelo/ pelo duplo)

Resultado: a/a: não portador da variante “a”, não transmitindo para nenhum filho.

Gene: *ADRB1-AU1*

Variante: 24,866,296 T>C / OMIA: 002199-9615

A variante “A” do gene *ADRB1-AU1* possui dominância incompleta em relação à variante normal, uma vez que no heterozigoto determina pelagem dupla, e no homozigoto, pelagem dupla, densa e com textura lanosa. Cães sem esta variante terão pelagem simples, sem a presença de subpelo. Esta variante não interfere no comprimento ou coloração da pelagem. O gene também vem sendo denominado pela localização cromossômica, como CFA28.

Gene *KRT71* – variante “c1” pelo encaracolado

Resultado: C/C: não portador da variante “c1” para pelo encaracolado.

Gene: *KRT71*

Variante: c.451C>T / OMIA: 000245-9615

O gene *KRT71* produz uma forma de queratina, um componente estrutural importante do pelo. Variantes desse gene evitam que a queratina se una em um padrão regular, o que altera a estrutura do pelo e resulta em uma pelagem encaracolada. A variante “c1” (de “curly”, ou encaracolado) é uma das variantes genéticas relacionadas com a textura do pelo. Possui dominância incompleta em relação à variante “C”. Desta forma, duas cópias da variante “c1” estão relacionadas com pelo muito encaracolado, somente uma cópia com pelo menos encaracolado ou ondulado, e nenhuma cópia (ou “CC”), com pelo liso.

Gene *T* – variante “T” cauda curta natural/ “natural bobtail”

Resultado: t/t: não portador da variante “T” para cauda curta, não transmitindo para nenhum filhote.

Gene: *T*

Variante: c.189C>G / OMIA: 000975-9615

A cauda curta natural, ou “natural bobtail” pode ocorrer em várias raças, e em algumas o gene causador já foi identificado, sendo denominado de gene *T*. A variante “T” é herdada de forma dominante, e é letal quando em homozigose, uma vez que na presença de duas cópias da mesma o embrião não se desenvolve e é reabsorvido. Já a presença de somente uma cópia da variante “T” resulta em cauda encurtada, podendo estar completamente ausente (cão anuro), ou sendo uma cauda curta (cão braquiúro). Não é indicado o acasalamento de dois cães anuros ou braquiúros, uma vez que a ninhada nascida viva terá tamanho menor.

perfil de dna

Foram avaliados mais de 200 polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs). Esses marcadores de DNA são usados para criar um perfil de DNA único ou "impressão digital" para o cão, incluindo a confirmação do sexo do animal. O teste Canine SNP da Box4Dog inclui 288 dos principais marcadores sugeridos à International Society of Animal Genetics (ISAG) para adoção internacional. Um animal individual terá duas cópias de cada DNA, ou alelos, em cada local do marcador; um da mãe e outro do pai. Comparar os perfis da prole com a da mãe, bem como dos pais em potencial, permite a confirmação de que esses indivíduos "se qualificam" ou são "excluídos" como possíveis pais.

Z_P86 NR	Z_P87 GG	Z_P88 GG	Z_P9 AG	Z_P1 AA	Z_P10 AA	Z_P11 GG	Z_P12 AC
Z_P13 GG	Z_P14 AA	Z_P15 GG	Z_P16 AA	Z_P17 CC	Z_P18 AA	Z_P19 AA	Z_P2 TT
Z_P20 GG	Z_P21 AG	Z_P22 CG	Z_P23 AA	Z_P24 AC	Z_P25 GG	Z_P26 CC	Z_P27 GG
Z_P28 AG	Z_P29 TT	Z_P3 GG	Z_P30 AA	Z_P31 AA	Z_P32 AA	Z_P33 GG	Z_P34 NR
Z_P35 AC	Z_P36 GG	Z_P37 AA	Z_P38 AG	Z_P39 CC	Z_P4 CC	Z_P40 GG	Z_P41 CC
Z_P42 GG	Z_P43 GG	Z_P44 GG	Z_P45 AC	Z_P46 GG	Z_P47 CC	Z_P48 NR	Z_P49 AA
Z_P5 GG	Z_P50 AG	Z_P51 CC	Z_P52 GG	Z_P53 GG	Z_P54 AA	Z_P55 AA	Z_P56 AA
Z_P57 CC	Z_P58 AC	Z_P59 GG	Z_P6 GG	Z_P60 AA	Z_P61 AG	Z_P62 GG	Z_P63 GG
Z_P64 GG	Z_P65 AC	Z_P66 AT	Z_P67 AA	Z_P68 AA	Z_P69 GG	Z_P7 CC	Z_P70 GG
Z_P71 AC	Z_P72 AG	Z_P73 GG	Z_P74 AA	Z_P75 GG	Z_P76 AC	Z_P77 AA	Z_P78 GG
Z_P79 AA	Z_P8 AG	Z_P80 AA	Z_P81 CC	Z_P82 AA	Z_P83 AA	Z_P84 CC	Z_P85 NR

perfil de dna

BICF2G630103624	AA	BICF2G630111735	AG	BICF2G630122583	GG	BICF2G630133028	AG
BICF2G630133994	AA	BICF2G630149030	GG	BICF2G630200354	AG	BICF2G630209886	AG
BICF2G630220326	AA	BICF2G630221287	AA	BICF2G630264994	AA	BICF2G630276039	AA
BICF2G630276136	AA	BICF2G630306265	AA	BICF2G630326688	AA	BICF2G630328172	NR
BICF2G630328323	AG	BICF2G630367177	CC	BICF2G630409193	GG	BICF2G630453264	CC
BICF2G630474528	AG	BICF2G630499189	GG	BICF2G630539759	AG	BICF2G630552597	AA
BICF2G630653298	GG	BICF2G630666362	AA	BICF2G630691635	CC	BICF2G630704611	NR
BICF2G630708384	AG	BICF2G630762459	AC	BICF2G63078341	AG	BICF2G63088115	AG
BICF2P1010945	AG	BICF2P105070	AG	BICF2P1138733	AA	BICF2P1159837	GG
BICF2P1181787	GG	BICF2P1192522	AA	BICF2P1226745	AG	BICF2P1286728	GG
BICF2P1362405	GG	BICF2P1369088	NR	BICF2P1391407	AG	BICF2P164304	NR
BICF2P184963	AA	BICF2P251850	AC	BICF2P277987	GG	BICF2P345488	AG
BICF2P401677	AA	BICF2P414351	AA	BICF2P42825	AG	BICF2P452541	GG
BICF2P457665	GG	BICF2P464536	GG	BICF2P465276	AG	BICF2P46604	AA
BICF2P46672	AG	BICF2P496466	AG	BICF2P496837	AA	BICF2P567552	AA
BICF2P590440	AG	BICF2P600196	AG	BICF2P615597	AC	BICF2P635478	GG
BICF2P651575	GG	BICF2P651577	AA	BICF2P70891	AC	BICF2P725743	GG
BICF2P728698	GG	BICF2P789367	GG	BICF2P805553	GG	BICF2P840653	AG
BICF2P885380	GG	BICF2P923421	GG	BICF2P950116	AG	BICF2P963969	AA
BICF2P998036	AA	BICF2S22912385	AA	BICF2S22926284	GG	BICF2S22953709	CC
BICF2S23018785	AA	BICF2S23111132	AA	BICF2S23138418	AA	BICF2S23141330	AT
BICF2S23214514	AC	BICF2S23326150	NR	BICF2S23329382	AA	BICF2S23357186	CG
BICF2S2338108	GG	BICF2S23434277	CG	BICF2S23529290	AG	BICF2S23535154	AG
BICF2S23614068	CC	BICF2S2399705	AG	G1425f16S28	AA	TIGRP2P255960_rs9030578	AG
TIGRP2P283310_rs8881748	AG	TIGRP2P328303_rs8531882	AC	TIGRP2P354499_rs9162547	AG	TIGRP2P356245_rs8830240	AA
TIGRP2P362535_rs9130694	AG	TIGRP2P389035_rs9038546	AG				

perfil de dna

BICF2G630102146	A G	BICF2G630149581	G G	BICF2G630159183	A G	BICF2G630170631	A C
BICF2G630187649	A A	BICF2G630187658	G G	BICF2G630204463	G G	BICF2G630209373	A A
BICF2G630209508	N R	BICF2G630255439	A G	BICF2G630271966	G G	BICF2G630274628	A A
BICF2G630307199	A A	BICF2G630340940	A G	BICF2G630340944	A G	BICF2G630365778	A C
BICF2G630382763	A A	BICF2G630437783	A C	BICF2G630449851	A A	BICF2G630467607	A C
BICF2G630488267	G G	BICF2G630504410	A G	BICF2G630552598	A A	BICF2G630558437	A G
BICF2G630594648	A A	BICF2G630634836	A A	BICF2G630641678	A G	BICF2G630646431	G G
BICF2G630689403	A G	BICF2G630798972	A G	BICF2G630814422	A A	BICF2G63090019	A T
BICF2P1019402	G G	BICF2P103615	A A	BICF2P1060087	A A	BICF2P1104630	A G
BICF2P1141966	A G	BICF2P1173491	A G	BICF2P1183665	A G	BICF2P1193353	A G
BICF2P1216677	A A	BICF2P1226838	A G	BICF2P1232055	A A	BICF2P1271174	A A
BICF2P129347	G G	BICF2P129670	A G	BICF2P1308802	N R	BICF2P1310805	A A
BICF2P1344095	A G	BICF2P1346673	A G	BICF2P1357746	A G	BICF2P1454500	G G
BICF2P155421	A A	BICF2P157421	G G	BICF2P182473	A A	BICF2P224656	A A
BICF2P237994	A G	BICF2P246592	C C	BICF2P250787	A C	BICF2P25730	A A
BICF2P283440	A G	BICF2P285489	A G	BICF2P345056	A G	BICF2P347679	A G
BICF2P378969	A C	BICF2P382742	A G	BICF2P415783	A G	BICF2P422152	A A
BICF2P508740	G G	BICF2P516667	G G	BICF2P553317	G G	BICF2P554817	A A
BICF2P561057	A C	BICF2P585943	A A	BICF2P624936	A G	BICF2P635172	A G
BICF2P643134	G G	BICF2P65087	G G	BICF2P651576	A A	BICF2P717226	A C
BICF2P751654	G G	BICF2P774003	A C	BICF2P798404	G G	BICF2P842510	A G
BICF2P856893	G G	BICF2P878175	A G	BICF2P935470	G G	BICF2P990814	A G
BICF2S22910736	N R	BICF2S22913753	A G	BICF2S22928800	A A	BICF2S22943825	A A
BICF2S23028732	T T	BICF2S23031254	A C	BICF2S23049416	A G	BICF2S23057560	A G
BICF2S23124313	A A	BICF2S23126079	A G	BICF2S23246455	G G	BICF2S23250041	C C
BICF2S23333411	N R	BICF2S23356653	G G	BICF2S23429022	A A	BICF2S23449478	A G
BICF2S23519644	A A	BICF2S2351979	A G	BICF2S2359809	A A	BICF2S236196	A G
BICF2S23626625	C C	BICF2S23648905	A A	BICF2S23649947	A A	BICF2S23713161	A A
BICF2S23737033	A G	BICF2S24511913	A G	TIGRP2P106843_rs8858816	A G	TIGRP2P116826_rs8741680	A A
TIGRP2P164720_rs8839809	A G	TIGRP2P177606_rs8886563	G G	TIGRP2P215708_rs8686029	T T	TIGRP2P316532_rs8597522	A A
TIGRP2P372104_rs9153277	A A	TIGRP2P402042_rs9121006	G G	TIGRP2P406551_rs9235397	A G	TIGRP2P407751_rs8803124	A A

RESULTADOS REVISADOS E CONFIRMADOS POR:

Dr. Lucas Rodrigues, DVM, MS, PhD - CRMV-SP 15446
(assinado eletronicamente)

Dr. Noam Pik BVSc, BMVS, MBA, MACVS
(assinado eletronicamente)

Box4Pets - DNA- Orivet International - USA.
Av. Granadeiro Guimarães, 155.
Centro - Taubaté - SP - Brasil.
contato@box4pets.com.br
(12) 99211-1805

Acreditado por:



Membro de:



GLOSSÁRIO DE TERMOS GENÉTICOS

NORMAL NORMAL / CLEAR [NO VARIANT DETECTED]

Nenhuma variante (ou mutação) foi detectada. O animal está livre da doença e não transmitirá nenhuma doença causadora mutação.

PORTADOR CARRIER [ONE COPY OF THE VARIANT DETECTED]

Também conhecido como HETEROZIGOTO. Uma cópia do gene normal e uma cópia do gene afetado (mutante) foi detectado. O animal não apresentará sintomas de doença ou desenvolverá a doença se a doença tiver herança autossômica recessiva. Deve-se levar em consideração se a reprodução este animal - se cruzar com outro portador ou afetado ou desconhecido, pode produzir uma prole afetada.

RISCO DE DOENÇA / AT RISK [TWO COPIES OF THE VARIANT DETECTED]

Duas cópias da variante do gene da doença (mutação) foram detectadas, também conhecidas como HOMOZIGOTO para a variante. O animal pode apresentar sintomas (afetados) associados à doença. O tratamento adequado deve ser buscado por meio de consulta ao Médico Veterinário.

RISCO DE DOENÇA - HETEROZIGOTO [ONE COPY OF THE DOMINANT VARIANT DETECTED]

Também conhecido como HETEROZIGOTO. Este resultado está associado a uma doença somente para as patologias que tenham herança dominante (e não autossômica recessiva). Uma cópia do gene normal (tipo selvagem/WT) e do gene afetado (mutante) está presente. Recomenda-se consultar o Médico Veterinário sobre o tratamento da doença. Este resultado ainda pode ser usado para produzir uma prole sem doença.

INDETERMINADO

A amostra enviada não deu um resultado conclusivo. Isto pode ocorrer devido a falha de coleta ou contaminação da amostra. Será necessário uma nova amostra e isto não acarretará em novos custos.

PERFIL DE DNA

Também conhecido como impressão digital de DNA, ou seja, cada animal tem um único perfil. Nenhum animal compartilha o mesmo perfil de DNA. O perfil de DNA de um indivíduo é herdado de ambos os pais e pode ser usado para verificar a ascendência (linhagem). Este perfil não contém doenças ou informações sobre traços e é simplesmente uma assinatura de DNA única para aquele animal.

TRAÇOS OU FENÓTIPO

Uma característica com a qual um animal nasce (uma característica determinada geneticamente). Traços são um fenótipo visual que varia de da cor ao comprimento do cabelo e também inclui certas características, como o comprimento da cauda. Se um indivíduo é AFETADO por uma característica, então irá mostrar que a característica, por exemplo, AFETADA para o Locus B (Marrom) ou bb será marrom / chocolate.

Importante:

Nos testes genéticos em que muitas mutações são avaliadas em uma mesma reação, pode ocorrer dropout. O dropout é um termo utilizado quando um gene apresenta baixa expressão, não sendo possível confirmar a presença da mutação. Essa é uma condição que reflete diretamente a qualidade da amostra. Quando isso acontece, nossa equipe técnica faz uma avaliação para determinar a relevância dos genes com dropout na raça do pet. Quando considerado essencial, solicitamos nova coleta. Se não-essencial uma nova coleta não precisará ser realizada a menos que você queria confirmar o resultado desses genes. Neste caso, entre em contato conosco para solicitar novo kit.

Em caso de dúvidas técnicas em relação aos resultados, nós disponibilizamos uma vídeo chamada com nossa equipe de veterinários e geneticistas.

Informações sobre os Testes Genéticos Box4Pets

O objetivo do teste genético da Box4Pets é fornecer aos tutores e criadores informações relevantes para prevenção de doenças e promover práticas para melhorias na saúde animal. No entanto, a herança genética não é um processo simples e apresenta alguns fatores complicantes. Abaixo estão algumas informações para ajudar a esclarecer esses fatores.

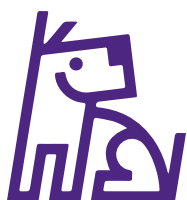
1) Algumas doenças podem apresentar sinais do que os geneticistas chamam de “heterogeneidade genética”. Este é um termo para descrever uma condição aparentemente única que pode ser causada por mais de uma mutação e/ou gene.

2) É possível que exista mais de uma doença que se apresenta de forma semelhante e segregada em uma única raça. Essas condições - embora fenotipicamente semelhantes - podem ser causadas por mutações e/ou genes separados.

3) É possível que a doença que afeta sua raça seja o que os geneticistas chamam de “doença oligogênica”. Este é um termo para descrever a existência de genes adicionais que podem modificar a ação de um gene dominante associado a uma doença. Esses genes modificadores podem, por exemplo, dar origem a uma idade variável de início para uma condição particular, ou afetar a penetrância de uma mutação particular, de modo que alguns animais podem nunca desenvolver a doença.

A gama de doenças hereditárias continua a aumentar e vemos algumas que são relativamente benignas e outras que podem causar doença grave e/ou fatal. O diagnóstico de qualquer doença deve ser baseado na história de pedigree, sinais clínicos, história (incidência) de a doença e o teste genético específico para a doença. A penetração de uma doença sempre variará não só de raça para raça mas dentro de uma raça, e irá variar com diferentes doenças. Fatores que influenciam a penetrância são genética, nutrição e meio ambiente. Embora o teste genético deva ser uma prioridade para os criadores, recomendamos fortemente que temperamento e o fenótipo também deve ser considerado durante a reprodução.

A Box4Pet parceira da Orivet Genetic Pet Care tem como objetivo atualizar frequentemente os criadores e tutores com as pesquisas mais recentes da literatura científica. Se criadores ou tutor tiver alguma dúvida sobre uma determinada condição, entre em contato conosco por email contato@box4pets.com.br e ficaremos felizes em responder a quaisquer perguntas.



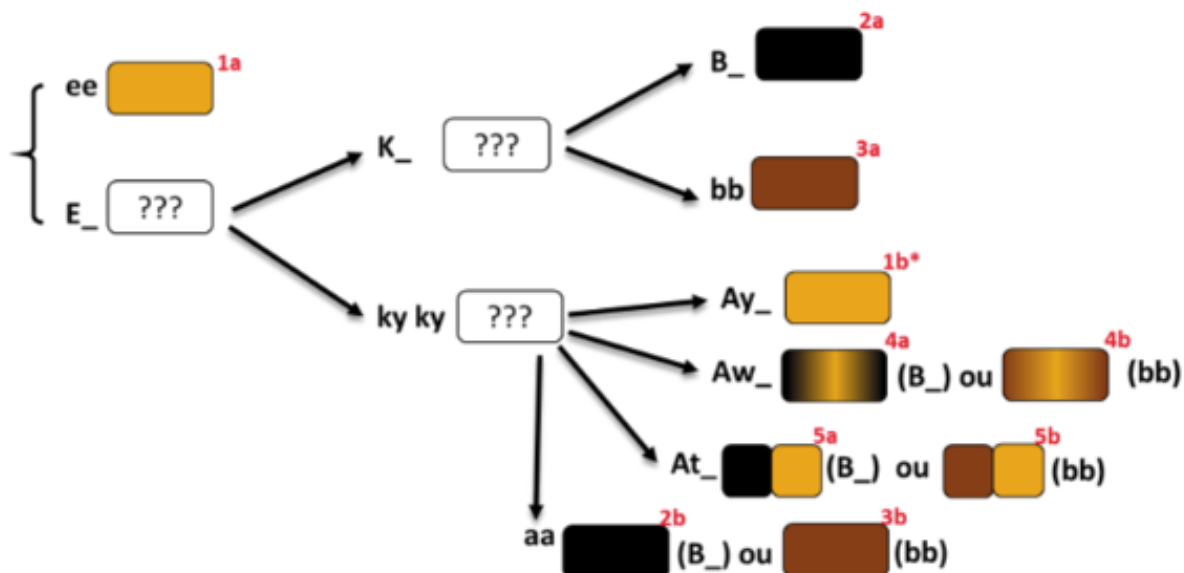
ENTENDENDO COMO A COR DA PELAGEM É FORMADA




Ao interpretar o resultado dos testes genéticos para cor da pelagem, é importante utilizar uma sequência de passos, demonstrada no organograma abaixo da esquerda para a direita. Isto porque a cor aparente em pelo e pele não é determinada por um gene somente, mas sim pela união de vários genes. A figura abaixo demonstra o primeiro raciocínio a ser utilizado para entender a relação entre os resultados dos testes genéticos de seu animal, e a cor que você consegue visualizar.


Antes de começar lembre-se que podem existir dois tipos de pigmento no pelo e pele de seu cão, denominados de **eumelanina e feomelanina**. No interior da célula da pele, a eumelanina é primeiramente produzida, e depois modificada para feomelanina, um processo chamado de “extensão”. Veja algumas diferenças entre os pigmentos:


- **eumelanina**: pode ter cores preta, marrom (chocolate ou fígado), azul (blue) ou isabela (lilac). Quando o cão só produz eumelanina, terá a mesma cor no pelo e na pele (trufa, coxins)


- **feomelanina**: pode ter qualquer intensidade do pigmento de cor amarelada, variando desde o mais forte, com cor quase avermelhado, até o mais fraco com cor creme, quase branca. Em alguns cães é fácil confundir o avermelhado com o marrom; porém uma dica para diferenciar é avaliar a cor da pele: quando trufa for igual à cor do pelo, será marrom, pois é eumelanina. Já quando o cão tiver pelo avermelhado, mas trufa de cor diferente (p. ex. preta), ele terá feomelanina no pelo. Os nomes para as cores destes cães são extremamente variáveis, dependendo da raça, e incluem: vermelho, dourado, amarelo, laranja, zibelina, sable, apricot, fulvo, etc...



1a e 1b* : diferentes formas de produção de **feomelanina**. Muitas vezes não é possível identificar o motivo genético de produção deste pigmento (se “ee” ou “Ay_”). Porém em cães com pelagem amarelada com máscara, esta pelagem será devido à variante “Ay” (1b). Em ambos os casos, a ação de alguns genes, incluindo o gene “I” fará com que a feomelanina seja mais “intensa” (II, avermelhada ) , “mediana” (Ii, amarelada ) ou “clara” (ii, creme ) . Estes cães terão pele de cor diferente, de forma que trufa e coxins terão a cor da eumelanina produzida pelo cão.

2: pelagem preta (dominante=2a; recessiva = 2b) devido à deposição de **eumelanina**. Pele de mesma cor, de forma que trufa e coxins serão também pretas. No caso da ação do gene “D”, cães “dd” terão eumelanina preta diluída (“dd”, azul ) , o que também ocorre na pele. Com o conhecimento do fenótipo apenas do cão, não é possível diferenciar o motivo genético da cor, embora o preto dominante seja muito mais comum que o recessivo. Este último é bastante característico de algumas raças, como o Pastor Alemão.

3: pelagem marrom (dominante=3a; recessiva = 3b) devido à deposição de **eumelanina**. Pele de mesma cor, de forma que trufa e coxins serão também marrons. No caso da ação do gene “D”, cães “dd” terão eumelanina marrom diluída (“dd”, isabela ) , o que também ocorre na pele. Com o conhecimento do fenótipo apenas do cão, não é possível diferenciar o motivo genético da cor, embora o marrom dominante seja muito mais comum que o recessivo.

4a e 4b: exemplos de pelagem do tipo “agouti”, na qual em um mesmo fio de pelo se depositam eumelanina mais próxima à raiz, feomelanina na parte do meio, e novamente eumelanina na ponta do pelo. Quando eumelanina é preta, e feomelanina é creme, o cão fica com aparência de cinza, denominado de “cinza lobo”() ; no entanto tanto a eumelanina pode ser também azul, marrom ou isabela, como a feomelanina pode ser avermelhada ou amarelada.

5a e 5b: exemplos de pelagem bicolors, onde e eumelanina se deposita uniformemente ao longo de todo o fio, mas em algumas áreas do corpo, e o mesmo ocorre com a feomelanina, porém em outras áreas do corpo. Em muitas raças, esta pelagem bicolor é denominada de “preto e canela” ou “black and tan” (5^a); em outras raças (devido à ação da variante no gene As), esta distribuição é chamada de “capa preta”. Como eumelanina também pode ser marrom, é possível que ocorra o “marrom e canela” (5b, ou “chocotan”), e qualquer tipo de eumelanina pode estar também diluída, formando cães bicolors “azul e canela” ou “isabela e canela”. Da mesma forma, a intensidade da feomelanina, responsável pelas regiões “tan”, também pode variar de avermelhado à creme.

* Existem colorações ligeiramente diferentes determinadas por diferentes variantes “Ay”, que ainda não são diferenciadas por testes genéticos comerciais. Esta variante pode determinar a deposição de feomelanina praticamente no pelo inteiro, com somente as extremidades do pelo com eumelanina (muitas vezes parecendo apenas uma “sombra” na pelagem, e outras vezes nem sendo visível); em outras vezes a mesma variante determina “sobreamentos” visíveis em cães com feomelanina. Isto ocorre porque esta variante determina que a feomelanina se deposite da raiz até a metade (ou mais) do pelo, enquanto a eumelanina se deposita na extremidade restante. Estes cães possuem uma ampla variação de nomes, que variam entre raças. Estão aqui incluídos os zibelinas, “sables”, apricots, fulvos, etc.

GENE E 5 VARIANTES

- O gene E recebeu esta sigla por causa da palavra “extensão”, que se refere à modificação de feomelanina em eumelanina. Quando normal, este gene é um dos responsáveis pela produção de eumelanina em pelo e pele. Suas variantes impedem a modificação para eumelanina em todo o corpo, somente em regiões da face, ou ainda mantem eumelanina somente na face (as chamadas “máscaras”). A tonalidade e distribuição da eumelanina depende do conjunto com outros genes.

- Cães **E/E ou E/e**, quando em combinação com outros genes, poderão ter o tipo de preto denominado de “preto dominante”.

- As tonalidades de creme/amarelado/dourado, claras ou intensas, produzidas pelas **variantes recessivas do gene E** (“e, e2 ou e3”) ocorrem somente em pelagem, enquanto a cor da pele irá depender da ação de outros genes. A pelagem do cachorro com duas variantes (homozigoto) terá inteiramente feomelanina, ou seja, vermelho / amarelo / dourado/ creme / damasco / branco / trigo. Note que em algumas raças o fenótipo pode variar de creme para branco em vez de amarelo para vermelho. Tons podem variar entre irmãos de ninhada.

- Cães **ee** (qualquer variante recessiva e, e2 ou e3), quando em combinação com outros genes, poderão ter a pelagem branca.

- O gene E possui uma variante dominante (**E^m**) que determina a localização de eumelanina somente na face, em torno da trufa. Esta característica é chamada máscara melânica, e por ser dominante, irá ocorrer mesmo quando em combinação com outras variantes.

- Para ter o resultado final da composição de seu cão para o gene, reúna os resultados de todas as variantes do gene E, e utilize a tabela abaixo, conforme exemplo. Lembre-se que sempre que aparecer somente a letra “E” simples, está indicando que ali não existe a variante testada. :

Exemplo 1 de resultados das variantes:

- variante ‘e’: EE

- variante ‘e2’: Ee2  variante e2 detectada

- variante ‘e3’: EE

- variante ‘E^G’: EE

- variante ‘E^m’ : Em E  variante E^m detectada



	E^m	E^G (*)	E	e	e2	e3
E^m	Máscara melânica	Máscara melânica	Máscara melânica	Máscara melânica	Máscara melânica	Máscara melânica
E^G (*)	Máscara melânica	Máscara grizzle/ domino	Máscara grizzle/ domino	Máscara grizzle/ domino	Máscara grizzle/ domino	Máscara grizzle/ domino
E	Máscara melânica	Máscara grizzle/ domino	Outra cor	Outra cor	Outra cor	Outra cor
e	Máscara melânica	Máscara grizzle/ domino	Outra cor	Creme/ amarelo/ dourado/ avermelhado	Creme/ amarelo/ dourado/ avermelhado	Creme/ amarelo/ dourado/ avermelhado
e2	Máscara melânica	Máscara grizzle/ domino	Outra cor	Creme/ amarelo/ dourado/ avermelhado	Creme/ amarelo/ dourado/ avermelhado	Creme/ amarelo/ dourado/ avermelhado
e3	Máscara melânica	Máscara grizzle/ domino	Outra cor	Creme/ amarelo/ dourado/ avermelhado	Creme/ amarelo/ dourado/ avermelhado	Creme/ amarelo/ dourado/ avermelhado



*a variante EG só se manifesta em cães kyky e ay_

Exemplo 2 de resultados das variantes:

- variante 'e': EE
- variante 'e2': EE
- variante 'e3': EeE ← variante e3 detectada
- variante 'E^G': EE
- variante 'E^m': EE



	E^m	E^G (*)	E	e	e2	e3
E^m	Mascara melanica	Mascara melanica	Mascara melanica	Mascara melanica	Mascara melanica	Mascara melanica
E^G (*)	Mascara melanica	Mascara grizzle/ domino	Mascara grizzle/ domino	Mascara grizzle/ domino	Mascara grizzle/ domino	Mascara grizzle/ domino
E	Mascara melanica	Mascara grizzle/ domino	Outra cor	Outra cor	Outra cor	Outra cor
e	Mascara melanica	Mascara grizzle/ domino	Outra cor	Creme/ amarelo/ dourado/ avermelhado	Creme/ amarelo/ dourado/ avermelhado	Creme/ amarelo/ dourado/ avermelhado
e2	Mascara melanica	Mascara grizzle/ domino	Outra cor	Creme/ amarelo/ dourado/ avermelhado	Creme/ amarelo/ dourado/ avermelhado	Creme/ amarelo/ dourado/ avermelhado
e3	Mascara melanica	Mascara grizzle/ domino	Outra cor	Creme/ amarelo/ dourado/ avermelhado	Creme/ amarelo/ dourado/ avermelhado	Creme/ amarelo/ dourado/ avermelhado



* E^G se manifestando somente em cães kyky e atat

GENE K 5 VARIANTES

- a atuação deste gene só é visível em cães que fizeram a extensão para eumelanina, ou seja, que possuem ao menos um “E” (E_) no gene E. Cães “ee” (qualquer variante recessiva) terão feomelanina em pelagem, e a ação do gene K não será percebida. Assim, o cão terá pelagem amarelada/avermelhada independente do resultado no gene K.

- cães com a variante dominante (K ou KB) não irão expressar o gene “A” na pelagem.

- existem três variantes no gene K com a seguinte hierarquia de dominância: K > Kbr > k. O primeiro (K) representa preto dominante (ou marrom), o segundo (Kbr) representa pelagem tigrada, e o terceiro (ky) possibilita a expressão do gene “A”

- em cães K_, E_ e B_, a pelagem será sólida e preta; já cães K_, E_ e bb, será sólida e marrom

- para interpretar a cor de animais com resultado kyky neste gene, é necessário avaliar em conjunto o resultado do gene “A”, uma vez que devido a variação neste segundo gene, o cão pode ser fulvo, apricot, zibelina (sable), cinza lobo (agouti), preto e canela, marrom e canela, ou ainda preto ou marrom recessivos. Na presença de áreas brancas, pode, ainda ser tricolor.

GENE B 6 VARIANTES

- O gene B é um dos genes com maior variação dentre os genes para cor de pelagem, e muitas variantes já foram descritas, cujos resultados estão demonstrados no seu laudo. Desta forma, para interpretar o resultado final da composição de seu cão para o gene, reúna os resultados de todas as variantes do gene B, e utilize a tabela abaixo, conforme exemplo. Lembre-se que sempre que aparecer somente a letra “B” simples e maiúscula, está indicando que ali não existe a variante testada.

Exemplo 1 de resultados das variantes:

- variante ‘b^s’: BB

- variante ‘b^d’: BB

- variante ‘b^c’: Bb^c ← variante b^c detectada

- variante ‘b^a’: BB

- variante ‘b^e’: BB

- variante ‘b^h’: Bb^h ← variante b^h detectada



	B	b ^s	b ^d	b ^c	b ^a	b ^e	b ^h
B	preto	preto	preto	preto	preto	preto	preto
b ^s	preto	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom
b ^d	preto	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom
b ^c	preto	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom
b ^a	preto	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom
b ^e	preto	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom
b ^h	preto	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom

*lembrando que dependendo do resultado do gene D, o pelo pode ser azul em vez de preto, ou isabela em vez de marrom.

Exemplo 2 de resultados das variantes:

- variante 'b^s': BB

- variante 'b^d': Bb^d ← variante b^d detectada

- variante 'b^c': BB

- variante 'b^a': BB

- variante 'b^e': BB

- variante 'b^h': BB



	B	b ^s	b ^d	b ^c	b ^a	b ^e	b ^h
B	preto	preto	preto	preto	preto	preto	preto
b ^s	preto	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom
b ^d	preto	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom
b ^c	preto	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom
b ^a	preto	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom
b ^e	preto	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom
b ^h	preto	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom	marrom

*lembrando que dependendo do resultado do gene D, o pelo pode ser azul em vez de preto, ou isabela em vez de marrom.

GENE FGF5 5 VARIANTES

- O gene FGF5 possui diversas variantes que causam o aumento do comprimento da pelagem em cães. Algumas, só foram descritas em raças específicas, porém outras estão presentes dentro da mesma raça. Especialmente neste segundo caso, é importante avaliar os resultados do gene FGF5 em conjunto. Desta forma, para interpretar o resultado final da composição de seu cão para o gene, reúna os resultados de todas as variantes do gene FGF5, e utilize a tabela abaixo, conforme exemplo. Lembre-se que sempre que aparecer somente as letras “Sh”, está indicando que ali não existe a variante testada, indicando o gene para pelo curto (short hair). Qualquer variante para pelo longo (Lh) é recessiva em relação ao pelo curto.

Exemplo 1 de resultados das variantes:

- variante ‘Lh1’: Sh Sh

- variante ‘Lh2’: Sh Sh

- variante ‘Lh3’: Sh Lh3 ← variante Lh3 detectada

- variante ‘Lh4’: Sh Sh

- variante ‘Lh5’: Sh Lh5 ← variante Lh5 detectada



	Sh	Lh1	Lh2	Lh3	Lh4	Lh5
Sh	curto	curto	curto	curto	curto	Curto
Lh1	curto	longo	longo	longo	longo	longo
Lh2	curto	longo	longo	longo	longo	longo
Lh3	curto	longo	longo	longo	longo	longo
Lh4	curto	longo	longo	longo	longo	longo
Lh5	curto	longo	longo	longo	longo	longo

Exemplo 2 de resultados das variantes:

- variante ‘Lh1’: Sh Sh

- variante ‘Lh2’: Sh Lh2 ← variante Lh2 detectada

- variante ‘Lh3’: Sh Lh3

- variante ‘Lh4’: Sh Sh

- variante ‘Lh5’: Sh Lh5



	Sh	Lh1	Lh2	Lh3	Lh4	Lh5
Sh	curto	curto	curto	curto	curto	Curto
Lh1	curto	longo	longo	longo	longo	longo
Lh2	curto	longo	longo	longo	longo	longo
Lh3	curto	longo	longo	longo	longo	longo
Lh4	curto	longo	longo	longo	longo	longo
Lh5	curto	longo	longo	longo	longo	longo

Interação entre os genes MC5R e RSPO2 determinando o grau de queda de pelo

Para interpretação do resultado do teste MC5R relacionado com grau de queda de pelo, utilize a tabela abaixo, que leva em conta também o resultado do gene RSPO2:

	F/F	F/f	f/f
SD/SD	2	3	4
SD/sd	1	2	3
sd/sd	0	1	2

0=baixa; 1 = média baixa; 2=média; 3=média alta; 4=alta

GENE KRT71 – 2 VARIANTES

A variância incompleta percebida nas variantes do gene KRT71 indica uma graduação de fenótipo entre o não portador da variante (CC), o portador de uma cópia (Cc) e o portador de duas cópias (cc), no sentido do pelo mais liso ao mais encaracolado. Ambas as variantes c1 e c2 possuem o mesmo efeito, e devem ser interpretadas em conjunto da seguinte forma:

Exemplo 1 de resultados das variantes:

- variante 'c1': C c1 ← variante c1 detectada

- variante 'c2': C c2 ← variante c2 detectada



	C	c1	c2
C	liso	ondulado	ondulado
c1	ondulado	encaracolado	encaracolado
c2	ondulado	encaracolado	encaracolado

Exemplo 2 de resultados das variantes:

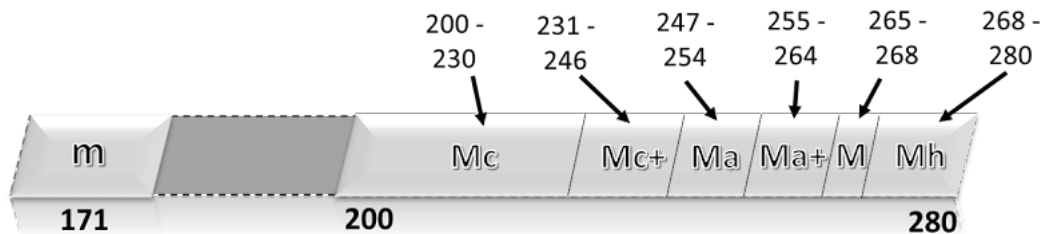
- variante 'c1': C c1 ← variante c1 detectada
- variante 'c2': C C

↓

	C	c1	c2
C	liso	ondulado	ondulado
c1	ondulado	encaracolado	encaracolado
c2	ondulado	encaracolado	encaracolado

GENE M – 7 VARIANTES

A figura abaixo demonstra de forma esquemática a correspondência entre o tamanho do gene M avaliado em laboratório, que varia devido ao polimorfismo do número de nucleotídeos “A” na região, também conhecido como “tamanho da cauda poli A”. De forma geral, quanto maior este tamanho, maiores e mais evidentes serão áreas com pouca pigmentação, chegando até a variante “Mh”, relacionada a grandes áreas brancas e a um padrão similar àquele determinado pela variante do gene “H” (arlequim), exclusiva do Dogue Alemão.



As sete variantes obedecem a uma hierarquia de dominância aproximada, de forma que é possível prever o fenótipo com base no resultado do teste genético, na maioria das vezes. A tabela abaixo indica esta correspondência, assim como descreve o fenótipo aproximado que é esperado para cada resultado. Os problemas de saúde relacionados incluem principalmente surdez e problemas oftálmicos, mas não estão restritos a estes. É de suma importância levar em conta a chance destes problemas, para direcionar acasalamentos, impedindo o nascimento de filhotes com altas chances de surdez, por exemplo.

Resultados do teste genético	Fenótipo esperado	Descrição do fenótipo	Problemas de saúde
Mh Mh e MhM	Duplo merle tipo arlequim	Áreas extensas com pelagem branca (podendo ser quase totalmente brancos); algumas regiões merle, e poucas regiões pigmentadas. Olhos azuis (um ou ambos)	Muito frequentes e graves
Mh_ *	Merle tipo arlequim	Muitas áreas com pelagem branca; algumas regiões merle e regiões pigmentadas. Olhos azuis (um ou ambos)	Possíveis, mas não tão graves
M M	Duplo merle	Áreas extensas com pelagem branca, em menor quantidade; algumas regiões merle, e poucas regiões pigmentadas. Olhos azuis (um ou ambos)	Frequentes e graves
M Ma e M Ma+	Merle	Merle com várias áreas brancas (mais do que somente no colar irlandês). Olhos azuis (um ou ambos)	Possíveis
M Mc e M Mc+	Merle	Merle clássico: padrão tweed pode ser expresso, podendo ou não ter áreas embranquecidas. Pode ou não ter olhos azuis.	Raros
Mm	Merle	Merle clássico	Ausentes
MaMa,	Merle (variável, e diferente do padrão clássico)	Pode ser referido como "patchwork/tweed": grandes áreas de pigmento sólido e outras com áreas merle; frequente algumas áreas embranquecidas. Pode ter um ou ambos olhos azuis	Possíveis, porém raros
MaMa+	Merle (variável, e diferente do padrão clássico)	Grandes áreas com padrão merle, e poucas e pequenas áreas de cor escura; sem área embranquecida; pode ter um ou ambos olhos azuis	Raros
Ma+Ma+	Merle (variável, e diferente do padrão clássico)	Grandes áreas com padrão merle, fundo diluído com pequenas e poucas áreas de manchas pigmentadas; pode ter manchas brancas; pode estar presente padrão tweed/patchwok; pode ter olhos azuis.	Raros
Ma+Mc+	Merle (variável, e diferente do padrão clássico)	Grandes áreas com padrão merle, fundo diluído com pequenas e poucas áreas de manchas pigmentadas; pode ter manchas brancas; pode estar presente padrão tweed/patchwok; pode ter olhos azuis.	Raros
Ma+Mc e Ma+m	Pode ser merle (variável, e diferente do padrão clássico)	Diluição da cor frequente, similar a merle diluído, sem marcações definidas; sem área embranquecida; pode ter olho azul;	Raros
Ma Mc	Sem padrão merle típico	Pode olho azul; cor sólida, ou sombreada; pode mostrar alguma diluição de cor; pode ocorrer subpelo mais claro, especialmente em pelagens longas; sem áreas embranquecidas	Raros
Ma m	Sem padrão merle típico	Pode mostrar alguma diluição de cor; pode ocorrer subpelo mais claro, especialmente em pelagens longas; áreas mais claras em orelhas, pescoço e cauda	Ausentes
McMc, McMc+, Mc+Mc+, Mc+m ou Mcm	Pelagem sólida	Nenhuma área embranquecida; algumas vezes uma pequena diluição para o marrom é vista, especialmente em pelagens longas	Ausentes
mm	Pelagem sólida		Ausentes

*Mh_ se refere a todas as possibilidades de genótipos que não tenham sido listados no caso anterior: Mh Ma+, Mh Ma, Mh Mc+, Mh Mc, Mh m



box4
pets
.com.br

**SIGA NOSSAS
REDES**

@BOX4PETS DNA