

LABOKLIN GmbH&CoKG . Postfach 1810 . DE-97668 Bad Kissingen

c/o Sperl Juwel
Jasmine Hoppe
Kaiserstr. 70
79761 Waldshut
Deutschland

Untersuchungsbefund

Nr.: 1906-W-73295
Probeneingang: 14-06-2019
Untersuchungsbeginn: 14-06-2019
Datum Befund: 19-06-2019
Untersuchungsende: 18-06-2019

Angaben zum Patienten:	Hund	weiblich	* 17.04.19
	Rhodesian Ridgeback		
Patientenbesitzer:	Hoppe, Jasmin		
Probenmaterial:	EDTA-Blut		
Probenentnahme:	13-06-2019		

Name: Giant Flair's Destiny of Muna ya Kusini
ZB-Nummer: ---
Chip-Nummer: 756095310013580
Tattoo-Nummer: ---

Degenerative Myelopathie - PCR

Ergebnis: Genotyp N/DM (Exon 2)

Interpretation: Das untersuchte Tier ist Anlageträger (heterozygot) für den Hochrisikofaktor für DM im Exon 2 des SOD1-Gens.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Bitte beachten Sie: In der Rasse Berner Sennenhund tritt auch die Mutation im Exon 1 des SOD1-Gens im Zusammenhang mit DM auf.

Hämophilie B (Faktor IX) - PCR

Ergebnis: Genotyp weiblich X(N)/X(N), männlich X(N)/Y

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für Hämophilie B im FIX-Gen.

Erbgang: X chromosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Rhodesian Ridgeback

Juvenile Myoklonische Epilepsie (JME) - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für JME im DIRAS1-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Rhodesian Ridgeback

D-Lokus D1 (Dilution, Verdünnung)

Ergebnis: Genotyp D/D

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das D-Allel.

Der Test erfasst die Allele D und d.
Allelische Reihe: D dominant über d

Bitte beachten Sie:

Bei folgenden Rassen wurde eine weitere Mutation nachgewiesen, die für die Ausprägung von Dilution verantwortlich ist: Chow Chow, Sloughi und Thailand-Ridgeback
Es ist nicht auszuschließen, dass diese Mutation in weiteren Rassen verbreitet ist.

B-Lokus (braun, chocolate, liver(nose))

Die genetische Analyse des B-Lokus erfasst die bisher beschriebenen vier rezessiven, ursächlichen Varianten als Allele bd, bc, bs und b4, sowie die dazu dominante Grundform als Allel B.

Variante bd

Ergebnis bd: Genotyp B/bd

Interpretation: Das untersuchte Tier besitzt ein bd-Allel und ist

somit mischerbig (heterozygot) für diese ursächliche Variante.

Variante bc

Ergebnis bc: Genotyp B/bc

Interpretation: Das untersuchte Tier besitzt ein bc-Allel und ist somit mischerbig (heterozygot) für diese ursächliche Variante.

Variante bs

Ergebnis bs: Genotyp B/B

Interpretation: Das untersuchte Tier besitzt kein bs-Allel.

Variante b4

Ergebnis b4: Genotyp B/B

Interpretation: Das untersuchte Tier besitzt kein b4-Allel.

Allelische Reihe: B dominant über bd, bc, bs und b4

Liegt eine ursächliche Variante reinerbig (homozygot) vor, so wird schwarzes Pigment (Eumelanin) aufgehellt und das Tier erscheint in den ursprünglich schwarzen Bereichen nun braun. Liegen mehrere ursächliche Varianten mischerbig (heterozygot) vor, kann man keinen Schluss auf die Ausprägung des Eumelanin ziehen. Dunkle Bereiche können schwarz oder braun sein.

Vermutlich existieren weitere Varianten, welche bisher nicht näher bekannt und beschrieben sind, welche für braunes Fell bei Rassen wie der Französischen Bulldogge, dem Yorkshire Terrier und ähnlichen kleinen Hunderassen verantwortlich sind. Ein Gentest für diese Varianten ist leider noch nicht verfügbar.

Probenentnahme:

Der folgende unabhängige Probennehmer (Tierarzt, Zuchtwart, o.ä.) hat durch seine Unterschrift die Probenentnahme und Überprüfung der Identität des Tieres bestätigt:

Sebastian Schulze

Das Ergebnis gilt nur für das im Labor eingegangene Probenmaterial. Die Verantwortung für die Richtigkeit der Angaben zu den eingesandten Proben liegt beim Einsender. Gewährleistungsverpflichtungen dafür

Befund-Nr.: 1906-W-73295

LABOKLIN

LABOR FÜR KLINISCHE DIAGNOSTIK GMBH & CO. KG

können nicht übernommen werden. Schadensersatzverpflichtungen sind, soweit gesetzlich zulässig, auf den Rechnungswert der durchgeführten Untersuchung/en beschränkt, im Übrigen haften wir nur für Vorsatz und grobe Fahrlässigkeit, soweit gesetzlich möglich.

Weitere Genveränderungen, die ebenfalls die Ausprägung der Erkrankung/Merkmale beeinflussen können, können nicht ausgeschlossen werden. Die Untersuchung/en erfolgte/n nach dem derzeitigen allgemeinen wissenschaftlichen Kenntnisstand.

Das Labor ist für die auf diesem Befund aufgeführten Untersuchungen akkreditiert nach DIN EN ISO/IEC 17025:2005 (ausgenommen Partnerlabor-Leistungen).

*** ENDE des Befundes ***


Hr. Dr. Beitzinger
Dipl.-Biol. Molekularbiologie