

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.

E-Lokus (Fellfarbe gelb) e1 - PCR

Ergebnis: Genotyp E/E
Interpretation: Der untersuchte Hund hat am E-Locus die Allelkombination E/E, d.h. das Fell des Hundes weist in den pigmentierten Bereichen nicht die vom E-Locus festgelegten Farben (je nach Rasse: gelb, lemon, rot, cream, apricot) auf.

Untersucht wurde die bis zum heutigen Zeitpunkt bekannte Mutation, die für die Ausprägung dieser Fellfarben verantwortlich ist.

Bitte beachten Sie:

bei der Rasse Australian Cattle Dog wurde eine weitere Mutation nachgewiesen (e2 genannt), die zu einer gelben Fellfarbe (Cream) führt.
Es ist nicht auszuschließen, dass diese Variante 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/B
Interpretation: Das untersuchte Tier besitzt kein bd-Allel.

Variante bc

Ergebnis bc: Genotyp B/B

LABOKLIN GmbH&CoKG, Postfach, 4002 Basel

Frau
Yvonne van der Lem
Dorfstr. 94 / zum Schloss
8218 Osterfingen
Schweiz

Untersuchungsbefund

Nr.: 1812-W-64186
Datum Eingang: 03-12-2018
Datum Befund: 14-12-2018

Angaben zum Patienten:	Hund	weiblich	* 19.10.16
	Border Collie		
Patientenbesitzer:	van der Lem, Yvonne		
Probenmaterial:	EDTA-Blut		
Probenentnahme:			

Name: "Money Penny" Kiri vom Rehgebirge
ZB-Nummer: VDH/ZBrH BOC 20513

Degenerative Myelopathie - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N (Exon 2)

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht 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.

D-Lokus D1 (Dilution, Verdünnung)

Ergebnis: Genotyp D/D

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

Befund-Nr.: 1812-W-64186



Interpretation: Das untersuchte Tier besitzt kein bc-Allel.

Variante bs

Ergebnis bs: Genotyp B/bs

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

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.

A-Lokus (Agouti) – PCR

Ergebnis: Genotyp Aw/at

Interpretation: Das untersuchte Tier ist heterozygot für das Aw- und at-Allel.

Der Test erfasst die Allele Ay, Aw, at und a.

Allelische Reihe: Ay dominant über Aw, Aw dominant über at, at dominant über a

K-Lokus – PCR

Ergebnis: Genotyp Kb/ky

Interpretation: Das untersuchte Tier ist heterozygot für das Kb- und ky-Allel.

Befund-Nr.: 1812-W-64186



Der Test erfasst die Allele Kb und ky.
Allelische Reihe: Kb dominant über ky

K-Lokus (brindle)

Bitte beachten Sie: ab sofort bietet LABOKLIN keinen Versand der Proben für den brindle-Gentest mehr an. Es gibt die Möglichkeit den Test auf K-Lokus bei uns im Haus durchzuführen, hierbei wird allerdings nur auf die Allele KB und ky getestet. Es kann von diesem Ergebnis keine Aussage über das Vorhandensein oder die Abwesenheit des kbr (brindle) Allels getroffen werden.

Imerlund-Gräsbeck-Syndrom (IGS) – PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

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

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Border Collie

Trapped Neutrophil Syndrome (TNS) – PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für TNS im VPS13B-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Border Collie

Neuronale Ceroid Lipofuszinose (NCL) – PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot)

Befund-Nr.: 1812-W-64186



für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für NCL im CL5-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Border Collie, Australian Cattle Dog

Glaukom und Goniodysgenese (GG) - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für Glaukom im OLFML3-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Border Collie

Sensorische Neuropathie (SN) - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für SN im FAM134B-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Border Collie

***MDR1-Gendefekt - PCR**

Ergebnis: Genotyp N/N (+/+)

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für MDR im ABCB1-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Australian Shepherd,

Befund-Nr.: 1812-W-64186



Bobtail, Border Collie, Deutscher Schäferhund, Elo, Kurzhaar- und Langhaar-Collie, Langhaar Whippet, Mc Nab, Shetland Sheepdog, Silken Windhound, Wäller, Weißer Schweizer Schäferhund

Der Gentest wird entsprechend der Veröffentlichung von Mealey et al. (2001) "Ivermectin sensitivity in collies is associated with a deletion mutation of the mdr1 gene." durchgeführt und weist die Mutation MDR1 nt230 (del14) nach.

Die Durchführung des MDR1-Gentests erfolgt nach den Vorgaben der DIN EN ISO/IEC 17025 im Partnerlabor. Die Verantwortung für die Richtigkeit der Angaben zu den eingesandten Proben liegt beim Einsender.

***Collie Eye Anomalie (CEA) - PCR**

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für CEA im NHEJ1-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Australian Shepherd, Bearded Collie, Border Collie, Boykin Spaniel, Hokkaido, Kurzhaar-, Langhaar-Collie, Lancashire Heeler, Langhaar Whippet, Nova Scotia Duck Tolling Retriever, Shetland Sheepdog, Silken Windhound

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 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

Befund-Nr.: 1812-W-64186



akkreditiert nach DIN EN ISO/IEC 17025:2005
(ausgenommen Partnerlabor-Leistungen).

*** ENDE des Befundes ***

Hr.Dr. Beitzinger
Dipl.-Biol. Molekularbiologie

*: Ausführung durch Partnerlabor