

Untersuchungsbefund Nr.:

Probeneingang:	11.02.2023
Datum Befund:	22.02.2023
Untersuchungsbeginn:	11.02.2023
Untersuchungsende:	22.02.2023
Befundstatus:	Endbefund

Tierart:	Hund
Rasse:	Border Collie
Geschlecht:	weiblich
Name:	Lovely Genius Miss Marple
Chipnummer:	██████████
Geburtsdatum / Alter:	15.07.2021
Probenmaterial:	EDTA-Blut
Probenentnahme:	10.02.2023
Probennehmer:	Dr. Barbara Venzin
Patientenbesitzer:	Van der Lem, Yvonne
EDV-Nummer / Befund-ID:	---

Imerslund-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) 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 Goniodysgenesie (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

MDR1-Genvariante - 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, Bobtail, Border Collie, Deutscher Schäferhund, Elo, Kurzhaar- und Langhaar-Collie, Langhaar Whippet, Mc Nab, Shetland Sheepdog, Silken Windhound, Wäller, Weißer Schweizer Schäferhund

Bitte beachten Sie, dass in Einzelfällen auch Trägartiere eine klinische Symptomatik ausprägen können.

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 (del4) nach.

Raine Syndrom - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für Raine Syndrom im FAM20C-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

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 Kelpie, und Shepherd, Bearded Collie, Border Collie, Boykin Spaniel, Hokkaido, Kurzhaar-, Langhaar-Collie, Lancashire Heeler, Langhaar Whippet, Scotia Duck Tolling Retriever, Shetland Sheepdog, Silken Windhound

M-Lokus (Allele: Mh, M, Ma+, Ma, Mc+, Mc, m und Mosaik) - PCR

Ergebnis: Genotyp M(267)/m

Ergebnis: Genotyp M/m

Interpretation: Das untersuchte Tier ist heterozygot für das M- und m-Allel.

Der Test erfasst die Allele: Mh (harlekin Merle), M (Merle), Ma+ und Ma (atypic Merle), Mc+ und Mc (cryptic Merle) und m (non-merle).

Allelische Reihe: Mh, M, Ma+, Ma, Mc+, Mc > m

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 akkreditiert nach DIN EN ISO/IEC 17025:2018 (ausgenommen Partnerlabor-Leistungen).

Kurierkosten

Probenentnahme:

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

Dr. Barbara Venzin



Frau Dr.med.vet. Nadine Idalan
Tierärztin

***** ENDE des Befundes *****