

/\*05LABOKLIN GmbH&CoKG . Postfach . 4002 Basel/\*02

Tierklinik Sonnenhof AG  
Dres.med.vet. Baumgartner / Schneiter  
Luzernstr. 55 a  
4552 Derendingen  
Schweiz

/\*05Untersuchungsbefund/\*14  
Nr.: 1808-C-16693  
Datum Eingang: 25-08-2018  
Datum Befund: 31-08-2018

```
+-----+
| Angaben zum Patienten: Hund weiblich * 27.05.18 |
| Kleinpudel |
| Patientenbesitzer: Baumgartner, Denise |
| Probenmaterial: Backenabstriche |
| Probenentnahme: 24-08-2018 |
+-----+
```

Name: Elodi Gossllin v. Tilia Cordala  
ZB-Nummer: SHSB A12097  
Chip-Nummer: 756098000030572  
Tattoo-Nummer: ---

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.

von-Willebrand-Erkrankung Typ I (vWD1) - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

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

Erbgang: autosomal-dominant mit variabler Penetranz

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Berner Sennenhund, Coton de Tulear, Deutscher Pinscher, Dobermann, Drentse Patrjishond, Kerry Blue Terrier, Manchester Terrier, Papillon, Pembroke Welsh Corgi, Pudel und Stabyhoun.

Neonatale Enzephalopathie - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für NEWS im ATF2-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

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

\*prcd-PRA (Partnerlabor) - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N (A)

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

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung ist bisher bei folgenden Rassen beschrieben: American Cocker Spaniel, American Eskimo Dog, Australian Cattle Dog, Australian Shepherd, Australian Stumpy Tail Cattle Dog, Barbet, Bologneser, Bolonka Zwetna, Chesapeake Bay Retriever, Chihuahua, Chinese Crested, English Cocker Spaniel, English Shepherd, Entlebucher Sennenhund, Finnischer Lapphund, Golden Retriever, Karelischer Bärenhund, Kuvasz, Lappländischer Rentierhund, Labrador Retriever, Lagotto Romagnolo, Markiesje, Norwegischer Elchhund, Nova Scotia Duck Tolling Retriever, Portugiesischer Wasserhund, Pudel, Riesenschnauzer, Schipperke, Silky Terrier, Spanischer Wasserhund, Spitz, Schwedischer Lapphund, Wäller, Yorkshire Terrier.

Progressive Retinaatrophie (rcd4 PRA) - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für rcd4-PRA im C2orf71-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Australian Cattle Dog, English Setter, Gordon Setter, Irish Red&White Setter, Irish Setter, Kleiner Münsterländer, Polski Owczarek Nizinny, Pudel, Tibet Terrier

ACHTUNG: Es ist davon auszugehen, dass es weitere bisher unbekannte ursächliche Mutationen gibt, da etwa 10% der erkrankten Hunde der Rassen Irish und Gordon Setter und etwa 80% der kranken Hunde der Rasse Tibet Terrier diese Mutation nicht tragen.

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.

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. Er gibt aber die Anlage für diese Fellfarben mit einer Wahrscheinlichkeit von 50% an seine Nachkommen weiter. Untersucht wurde die bis zum heutigen Zeitpunkt bekannte Mutation, die für die Ausprägung dieser Fellfarben verantwortlich ist. Das Ergebnis gilt nur für das im Labor eingegangene Untersuchungsmaterial.

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 (Fellfarbe braun) - PCR

Ergebnis: Genotyp B/B

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

Der Test erfasst die Allele B und b (braun).  
Allelische Reihe: B dominant über b

A-Lokus (Agouti) - PCR

Ergebnis: Genotyp at/at

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das 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 ky/ky

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

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.

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 17025:2005 (ausgenommen Partnerlabor-Leistungen).

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

Fr.Dipl.-Biol. Bärbel Gunreben  
Abt. Molekularbiologie

\*: Ausführung durch Partnerlabor

Basisbetrag zzgl. MwSt. CHF 245.45  
Eine Rechnungserstellung erfolgt separat an Praxis