

FAX-Nummer: 0-0041/26/6255115

LABOKLIN GmbH&CoKG . Postfach . 4002 Basel

Cabinet Vétérinaire
Méd.vét. C. Guerry Jordan
Route de la Distillerie 1
1564 Domdidier
Schweiz

Untersuchungsbefund

Nr.: 1702-C-03642
Datum Eingang: 18-02-2017
Datum Befund: 24-02-2017

Angaben zum Patienten:	Hund	weiblich	* 25.01.16
	Australien Shepherd		
Patientenbesitzer:	Collaud, Daniela		
Probenmaterial:	EDTA-Blut		
Probenentnahme:	16-02-2017		

Name: **Soulwind Bonne Chance**
ZB-Nummer: **VDH/CASD 16/0020**
Chip-Nummer: **276094500163411**
Täto-Nummer: **---**

*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 Sheperd, 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 (del4) 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.

Hereditäre Katarakt (HC) - PCR

Ergebnis: Genotyp: N/N (HSF4 frei)

Interpretation: Der untersuchte Hund ist reinerbig (homozygot) für
das normale Gen. Dieser Hund trägt nicht die Mutation, die als
ursächlich für diese Form der Katarakt beschrieben wurde.

Es besteht kein Risiko, dass der Hund an dieser Form der
hereditären Katarakt (HC) erkrankt. Er gibt nur das normale Gen an
seine Nachkommen weiter.

Das Ergebnis gilt nur für die Rassen Australian Shepherd und Wäller.

***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

***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, 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.

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.

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 CLN8-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

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

Maligne Hyperthermie (MH) - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für MH im RYR1-Gen.

Erbgang: autosomal-dominant

Befund-Nr.: 1702-C-03642

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 können nicht übernommen werden. Schadensersatzverpflichtungen sind, soweit gesetzlich zulässig, auf den Rechnungswert der durchgeführten Untersuchung/en beschränkt.

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

*: Ausführung durch Partnerlabor


Fr. MSc Hanna Erhard
Abt. Molekularbiologie

Rechnung an /#52584 Madame Daniela Collaud