+----------------------------------------------------------------+
| Angaben zum Patienten: Hund          männlich       \* 17.02.17 |
|                        Groβpudel                               |
| Patientenbesitzer:     Büttner-Loose, Regine                   |
| Probenmaterial:        EDTA-Blut                               |
| Probenentnahme:        20-02-2018                              |
+----------------------------------------------------------------+

Bitte beachten Sie: Bei Erbkrankheiten-Paketen müssen wir aufgrund
des vergünstigten Preises pro Test ein Zertifikat verrechnen (im Paket
insgesamt 5 Zertifikate). Bitte teilen Sie uns deshalb mit, für welche
Tests Sie ein Zertifikat anfordern möchten. Vielen Dank!

 Name:               **Altariels Emperor Titus**
 ZB-Nummer:          **174947**
 Chip-Nummer:        **276093400669938**
 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: Groβpudel

\*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.

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 Wahrschein-
 lichkeit 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 Unter-
 suchungsmaterial.

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 auszuschlieβen, dass diese Variante in weiteren
Rassen verbreitet ist.

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

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 auszuschlieβen, dass diese Mutation in weiteren Rassen
verbreitet ist.

K-Lokus - PCR
 Ergebnis: Genotyp Kb/Kb

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

Sie haben ein Zertifikat für Ihre bestellten Gentests angefordert.
Bitte prüfen Sie die angegebenen Daten zu Tier und Besitzer umgehend
auf Richtigkeit. Änderungswünsche übernehmen wir ausschlieβlich nach
vorheriger schriftlicher Bestätigung durch den Tierarzt. Beachten
Sie, dass wir nachträgliche Änderungen bei einem bereits ausgestellten
Zertifikat gesondert in Rechnung stellen müssen.

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 wissen-
schaftlichen Kenntnisstand.

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

Zuchtverbandsrabatte wurden für rabattfähige Leistungen berücksichtigt!

\*\*\* ENDE des Befundes \*\*\*
                                        Hr.Dr. Beitzinger
                                        Dipl.-Biol. Molekularbiologie
\*: Ausführung durch Partnerlabor