

Laboklin GmbH & Co. KG, Max Kämpf-Platz 1, 4058 Basel

Tierarztpraxis Arche
Dr.med.vet. Matthias Dirren
Kirchstrasse 7
3952 Susten
Schweiz

Untersuchungsbefund Nr.: 2102-C-03969
Probeneingang: 20.02.2021
Datum Befund: 03.03.2021
Untersuchungsbeginn: 20.02.2021
Untersuchungsende: 03.03.2021

Tierart:	Hund
Rasse:	Beagle
Geschlecht:	weiblich
Name:	Dappelree Bouncing Betty
Zuchtbuchnummer:	HSHB/LOS 773451
Chipnummer:	756098800008713
Geburtsdatum / Alter:	24.04.2020
Probenmaterial:	EDTA-Blut
Probenentnahme:	18.02.2021
Patientenbesitzer:	Matter, Corinne
EDV-Nummer / Befund-ID:	---

Faktor VII-Mangel - PCR

Ergebnis: Genotyp N/FVII

Interpretation: Das untersuchte Tier ist Anlageträger (heterozygot) für die ursächliche Mutation für FVII-Defizienz im FVII-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Airdale Terrier, Alaskan Klee Kai, Beagle, Riesenschnauzer, Scottish Deerhound

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: Beagle

Musladin-Lueke 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 MLS im ADAMTSL2-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

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

Neonatale Cerebelläre Abiotrophie (NCCD) - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für NCCD im SPTBN2-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

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

Glasknochenkrankheit - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für Glasknochenkrankheit im COL1A2-Gen.

Erbgang: autosomal-dominant

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

Primäres Weitwinkel-Glaukom (POAG) - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für POAG im ADAMTS10-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

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

Pyruvatkinase-Defizienz (PK) - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

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

Erbgang: autosomal-rezessiv

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

Akatalasämie - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

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

Erbgang: autosomal-rezessiv

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

Lafora-Epilepsie - PCR:

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für Lafora Epilepsie im NHLCR1 Gen.

Erbgang: autosomal rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Basset Hound, Beagle, Chihuahua, Dackel, Frz. Bulldogge, Pembroke Welsh Corgi, Neufundländer

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).

Zuchtverbandsrabatte wurden für rabattfähige Leistungen berücksichtigt!

Das Methoden-Abkürzungsverzeichnis finden Sie unter www.laboklin.com in der Rubrik "Leistungen".

Die Untersuchungsergebnisse beziehen sich auf das uns eingesandte Probenmaterial. Dieses war untersuchungsfähig, sofern nichts anderes angegeben ist. Die Richtigkeit der Angaben zu den Proben verantwortet der Einsender. Dieser Prüfbericht darf nur vollständig und unverändert weitergegeben werden. Abweichende Vorgehensweisen bedürfen der schriftlichen Genehmigung der Laboklin GmbH & Co. KG.

Fr. MSc Michelle Meißler
Abt. Molekularbiologie

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