

LABOKLIN GmbH & Co. KG, Steubenstraße 4, 97688 Bad Kissingen

Frau
Sabine Berndorfer
Neudorferstr. 91
2353 Guntramsdorf
Österreich

Untersuchungsbefund Nr.: 2203-W-83790
Probeneingang: 21.03.2022
Datum Befund: 11.04.2022
Untersuchungsbeginn: 21.03.2022
Untersuchungsende: 11.04.2022

Tierart:	Hund
Rasse:	Parson Russell Terrier
Geschlecht:	weiblich
Name:	Kings of Joy Good Vibrations
Zuchtbuchnummer:	PRT 3332/R
Chipnummer:	070097200019210
Geburtsdatum / Alter:	11.09.2021
Probenmaterial:	Abstrich
Probenentnahme:	17.03.2022
Probennehmer:	Tierarzt Franz Rongitis
Patientenbesitzer:	Berndorfer, Sabine
EDV-Nummer / Befund-ID:	---

Late onset Ataxie (LOA) - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für LOA im CAPN1-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Jack und Parson Russell Terrier

Spinocerebelläre Ataxie (SCA) - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für SCA im KCNJ10-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Fox Terrier, Jack Russell Terrier, Parson Russell Terrier, Tenterfield Terrier

Juvenile Enzephalopathie (JBD) - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für juvenile Enzephalopathie.

Erbgang: autosomal rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Jack Russell Terrier, Parson Russell Terrier

Primäre Linsen-Luxation (PLL) - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für PLL im ADAMTS17-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

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

American Eskimo Dog, American Hairless Terrier, Australian Cattle Dog, Chinese Crested, Danish-Swedish Farndog, Fox Terrier, Jagd Terrier, Jack Russell Terrier, Lakeland Terrier, Lancashire Heeler, Lucas Terrier, Miniature Bull Terrier, Mops, Norfolk Terrier, Norwich Terrier, Parson Russell Terrier, Patterdale Terrier, Rat Terrier, Sealyham Terrier, Teddy Roosevelt Terrier, Tenterfield Terrier, Tibet Terrier, Toy Fox Terrier, Volpino Italiano, Welsh Terrier, Westfalen Terrier, 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.

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).

Classic STR DNA-Profil (ISAG 2006) - PCR

Amelogenin:	x/x
AHT 121:	100/102
AHT 137:	145/147
AHTH 130:	127/129
AHTH 171:	-/-
AHTH 260:	244/244
AHTK 211:	91/95
AHTK 253:	284/288
CXX 279:	120/126
FH 2054:	152/176
FH 2848:	236/240
INRA 21:	95/99
INU 005:	126/126
INU 030:	150/152
INU 055:	218/218
REN 105 L 03:	233/235
REN 162 C 04:	202/206
REN 169 D 01:	216/216
REN 169 O 18:	168/170
REN 247 M 23:	272/278
REN 54 P 11:	236/236
REN 64 E 19:	145/147

Die Nomenklatur basiert auf dem Standard des ISAG Comparison Test 2006.

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 17025:2018.

In dem von Ihnen angeforderten DNA-Profil ist die Ausstellung eines Zertifikats enthalten (nicht bei Rassezuordnung), sofern die Probe durch einen Tierarzt oder offiziellen Probennehmer genommen wurde. Bitte prüfen Sie die angegebenen Daten zu Tier und Besitzer umgehend auf Richtigkeit. Änderungswünsche übernehmen wir ausschließlich nach vorheriger schriftlicher Bestätigung durch den Tierarzt. Beachten Sie, dass wir nachträgliche Änderungen bei einem bereits ausgestellten Zertifikat gesondert in Rechnung stellen müssen.

Zuchtverbandsrabatte wurden für rabattfähige Leistungen berücksichtigt!