

Laboklin GmbH & Co. KG · Steubenstraße 4 · 97688 Bad Kissingen

Susanne Langhorst-de Haan
Club für Britische Hütehunde e.V.
Winnekendonker Str. 53
47627 Kevelaer
Deutschland

Untersuchungsbefund Nr.: 2310-W-18473
Probeneingang: 17.10.2023
Datum Befund: 03.11.2023
Untersuchungsbeginn: 17.10.2023
Untersuchungsende: 03.11.2023
Befundstatus: Endbefund

Tierart:	Hund
Rasse:	Welsh Corgi Cardigan
Geschlecht:	weiblich
Name:	Mounts of Pixies Ester
Zuchtbuchnummer:	WCC 2101
Chipnummer:	276095611204350
Geburtsdatum / Alter:	09.05.2022
Probenmaterial:	EDTA-Blut
Probenentnahme:	16.10.2023
Probennehmer:	Evidensia GmbH Reichenberg
Patientenbesitzer:	Bittkow, Bernd
Club:	CfBrH
EDV-Nummer / Befund-ID:	---

Brachyurie (Stummelrute) - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

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

Erbgang: autosomal-dominant

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 Patrjshond, Irish Setter, Irish Red and White Setter, Kerry Blue Terrier, Kromfohländer, Manchester Terrier, Papillon, Pembroke Welsh Corgi, Pudeln und Stabyhoun.

Progressive Retinaatrophie (rcd3-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 die rcd3-PRA im PDE6A-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Cardigan Welsh Corgi, Chinese Crested, Zwergspitz

X-chromosomale schwere kombinierte Immundefizienz (X-SCID) - PCR

Ergebnis: Genotyp weiblich X(N)/X(N), männlich X(N)/Y

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

Erbgang: X chromosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Basset, Welsh Corgi

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

B-Lokus (braun, chocolate, liver(nose))

Diese genetische Analyse des B-Lokus erfasst die bisher für alle Rassen beschriebenen drei Varianten bd, bc und bs, sowie den jeweiligen Wildtyp als Allel N.

Variante bd

Ergebnis für bd: Genotyp N/N (zuvor B/B)

Interpretation: Das untersuchte Tier besitzt kein bd-Allel

Variante bc

Ergebnis für bc: Genotyp N/N (zuvor B/B)

Interpretation: Das untersuchte Tier besitzt kein bc-Allel.

Variante bs

Ergebnis für bs: Genotyp N/N (zuvor B/B)

Interpretation: Das untersuchte Tier besitzt kein bs-Allel.

Liegt eine der Varianten reinerbig (homozygot) vor, so wird das dunkle Pigment (Eumelanin) entsprechend verändert. Liegen mehrere der Varianten am B-Lokus mischerbig (heterozygot) vor, kann man keinen direkten Rückschluss auf die Ausprägung des Eumelanin ziehen.

Der Gesamt-Genotyp des B-Lokus-Komplex kann nur unter Einbeziehung der Testergebnisse aller bisher bekannten Allele am B-Lokus (bd, bc, bs, b4 und be) eindeutig erstellt werden. Die Spezifität einiger Allele für bestimmte Rassen ist zu beachten.

Bitte beachten Sie: Die Nomenklatur der Ergebnisse wurde aus Gründen der Harmonisierung von Gentestergebnissen angepasst.

Haarlänge I (Kurzhaar/Langhaar) - PCR

Parameter	Ist-Wert
HIHd1 SNP G284T:	L/L

Interpretation:

Untersucht werden die Allele L (kurzhaarig) und I (langhaarig) im FGF5 Gen.
Allelische Reihe: L dominant über I

ausschließlich Genotyp L/L: Der untersuchte Hund ist reinerbig (homozygot) für das L-Allel für kurzhaarig.

genau einmal Genotyp L/I: Der untersuchte Hund ist mischerbig (heterozygot) für das L-Allel und das I-Allel, er gibt die Anlage für langhaarig an 50% seiner Nachkommen weiter.

mehr als einmal Genotyp L/I: Der untersuchte Hund ist an mehr als einem Genort mischerbig (heterozygot) für das L-Allel und das I-Allel, er kann die Anlage für langhaarig an seine Nachkommen weitergeben.

mindestens einmal Genotyp I/I: Der untersuchte Hund ist reinerbig (homozygot) für das I-Allel für langhaarig.

Bitte beachten Sie:

Bei folgenden Rassen wurden weitere Mutationen nachgewiesen, die für die Ausprägung von Langhaar verantwortlich sind:

Afghane, Akita Inu, Alaskan Malamute, Chow Chow, Eurasier, Französische Bulldogge, Husky, Prager Rattler, Shar Pei, Samojede Es ist nicht auszuschließen, dass diese Mutationen in weiteren Rassen verbreitet sind.

M-Lokus (Allele: Mh, M, Ma+, Ma, Mc+, Mc, m und Mosaik) - PCR *

Ergebnis: Genotyp m/m

Ergebnis: Genotyp m/m

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das m-Allel für non-merle.

Der Test erfasst die Allele: Mh (harlekin Merle), M (Merle), Ma+ und Ma (atypic Merle), Mc+ und Mc (cryptic Merle) und m (non-merle).

Allelische Reihe: Mh, M, Ma+, Ma, Mc+, Mc > m

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).

Premium SNP DNA-Profil (ISAG 2020)

001_012:	GG_AG_AG_GG_AG_AA_GG_AG_AG_AC_AA_AG
013-024:	AG_GG_AG_AA_AG_AA_AA_AA_AA_AG_AG
025-036:	AG_AG_AG_AG_AG_AA_GG_GG_AA_AA_GG
037-048:	GG_AG_CC_CC_AA_GG_GG_AG_AA_AA_AG_AA
049-060:	AG_AC_AA_AC_GG_AG_AG_AC_GG_GG_AA_AA
061-072:	CC_AC_GG_GG_AG_AG_AA_GG_GG_AA_AA_AC
073-084:	AG_AC_AG_AA_AC_AA_GG_AG_AA_GG_AA_CC
085-096:	AG_AA_GG_AA_GG_AG_AC_AA_AG_AG_AA_AA
097-108:	AG_AG_AA_AG_GG_AA_GG_AA_AG_AG_GG_AG
109-120:	GG_AG_AA_AG_AA_AA_AA_AA_AA_AG_AG_AG
121-132:	AG_AA_.._AA_GG_AG_AA_AG_GG_AA_GG_GG
133-144:	GG_AG_GG_GG_GG_GG_AA_AG_AG_AA_AG_AG
145-156:	AA_AA_AG_AG_AG_AG_GG_AC_GG_GG_AA_AA
157-168:	AA_AG_AG_AA_AA_GG_AC_GG_GG_GG_CC_GG
169-180:	GG_GG_AC_AG_GG_AG_GG_AG_AG_GG_GG_GG
181-192:	AG_GG_GG_AG_AC_AG_AA_GG_GG_AA_AA_GG
193-204:	AA_AG_GG_AG_AG_AA_GG_AA_AG_AG_GG_AA
205-216:	AG_AA_GG_AG_AA_AA_AA_AA_AA_GG_AG_GG
217-228:	GG_GG_AG_AC_AA_CC_AG_AG_AG_AA_AA_AG
229-230:	CC_AA
sex:	X/X

Informationen zum Premium SNP DNA-Profil

Das Premium SNP DNA-Profil ist der genetische Fingerabdruck Ihres Tieres und erlaubt seine eindeutige Identifizierung. Es bleibt das ganze Leben lang gleich und kann nicht manipuliert werden. Jedes bei uns erstellte DNA-Profil wird in unserer DNA-Datenbank gespeichert und steht Ihnen so dauerhaft zur Verfügung. Das DNA-Profil beinhaltet keine Informationen zu Merkmalen oder zu Krankheiten Ihres Tieres. Das Premium SNP DNA-Profil begutachtet alle von der ISAG empfohlenen SNPs aus dem Kernpanel (1) und dem Zusatzpanel (2) (nummeriert von 001-230). Die folgende Tabelle zeigt die entsprechende international geltende ISAG Nomenklatur (Cfam_Chromosom:Position) der untersuchten SNPs.

Num Panel Chr:Pos

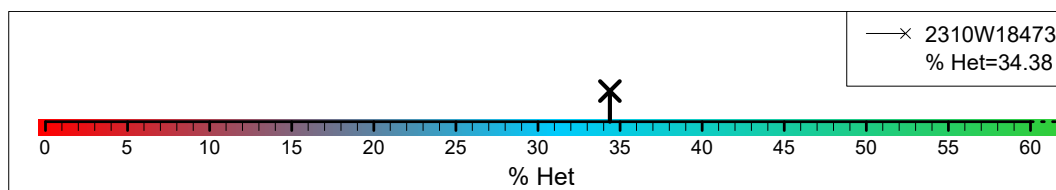
001	1	Cfam_1:3962719	002	1	Cfam_1:20842130	003	1	Cfam_1:70238933	004	1	Cfam_1:80971770	005	1	Cfam_1:106430955
006	1	Cfam_1:119414584	007	1	Cfam_2:2610859	008	1	Cfam_2:38293797	009	1	Cfam_2:77806065	010	1	Cfam_3:1252765
011	1	Cfam_3:24757939	012	1	Cfam_3:73570828	013	1	Cfam_4:31301072	014	1	Cfam_4:64121754	015	1	Cfam_4:75910211
016	1	Cfam_4:86049027	017	1	Cfam_5:5410890	018	1	Cfam_5:26320165	019	1	Cfam_5:85451804	020	1	Cfam_6:11553458
021	1	Cfam_6:33976751	022	1	Cfam_6:64006720	023	1	Cfam_7:76294	024	1	Cfam_7:15011628	025	1	Cfam_7:36555518
026	1	Cfam_8:5291824	027	1	Cfam_8:18121580	028	1	Cfam_8:45852939	029	1	Cfam_8:63196958	030	1	Cfam_9:22610227
031	1	Cfam_9:40096141	032	1	Cfam_9:52710991	033	1	Cfam_9:60437147	034	1	Cfam_10:10652659	035	1	Cfam_10:22409408
036	1	Cfam_10:30034450	037	1	Cfam_10:66922269	038	1	Cfam_11:5318488	039	1	Cfam_11:23907101	040	1	Cfam_11:65603333
041	1	Cfam_12:5579055	042	1	Cfam_12:35306641	043	1	Cfam_12:55201839	044	1	Cfam_12:68125319	045	1	Cfam_13:8704192
046	1	Cfam_13:59896033	047	1	Cfam_14:50063321	048	1	Cfam_14:58465266	049	1	Cfam_15:19299365	050	1	Cfam_15:22834903
051	1	Cfam_16:29634940	052	1	Cfam_16:46884446	053	1	Cfam_16:57958947	054	1	Cfam_17:10649078	055	1	Cfam_17:34462308
056	1	Cfam_17:39124697	057	1	Cfam_18:6745949	058	1	Cfam_18:54361347	059	1	Cfam_19:841347	060	1	Cfam_19:15926130
061	1	Cfam_19:27288167	062	1	Cfam_19:47470564	063	1	Cfam_20:13740894	064	1	Cfam_20:49900586	065	1	Cfam_20:57167714
066	1	Cfam_21:15558670	067	1	Cfam_21:25537675	068	1	Cfam_21:35719434	069	1	Cfam_22:641125	070	1	Cfam_22:26694580
071	1	Cfam_22:55308193	072	1	Cfam_23:42886681	073	1	Cfam_23:50772488	074	1	Cfam_24:23393510	075	1	Cfam_24:29909901
076	1	Cfam_24:47381908	077	1	Cfam_25:2073511	078	1	Cfam_25:33986348	079	1	Cfam_25:47708600	080	1	Cfam_26:20004896
081	1	Cfam_26:35071515	082	1	Cfam_27:2619058	083	1	Cfam_27:22599860	084	1	Cfam_27:41049333	085	1	Cfam_28:9877730
086	1	Cfam_28:18509221	087	1	Cfam_28:38885325	088	1	Cfam_29:251970	089	1	Cfam_29:9625359	090	1	Cfam_29:17561258
091	1	Cfam_29:36319325	092	1	Cfam_30:3896482	093	1	Cfam_30:15542105	094	1	Cfam_30:32852404	095	1	Cfam_31:21068798
096	1	Cfam_31:39391935	097	1	Cfam_32:679380	098	1	Cfam_32:17792284	099	1	Cfam_32:32382778	100	1	Cfam_33:15018500
101	1	Cfam_33:23742061	102	1	Cfam_34:195313	103	1	Cfam_34:24396298	104	1	Cfam_35:15345329	105	1	Cfam_36:3565500
106	1	Cfam_36:12714421	107	1	Cfam_36:23459390	108	1	Cfam_37:9398945	109	1	Cfam_37:15436615	110	1	Cfam_37:27667297
111	1	Cfam_38:9224942	112	1	Cfam_38:17657161	113	1	Cfam_38:20441216	114	2	Cfam_1:72613047	115	2	Cfam_1:74450772
116	2	Cfam_1:119306331	117	2	Cfam_3:10255068	118	2	Cfam_3:37849557	119	2	Cfam_3:43055696	120	2	Cfam_3:43063677
121	2	Cfam_3:64084413	122	2	Cfam_3:90291255	123	2	Cfam_3:91626907	124	2	Cfam_4:42104780	125	2	Cfam_4:67040898
126	2	Cfam_4:70217695	127	2	Cfam_5:13080303	128	2	Cfam_5:36642434	129	2	Cfam_5:44650576	130	2	Cfam_5:55349573
131	2	Cfam_5:64611038	132	2	Cfam_7:3318809	133	2	Cfam_7:6423299	134	2	Cfam_7:15017979	135	2	Cfam_7:76487265
136	2	Cfam_8:6188937	137	2	Cfam_8:19076567	138	2	Cfam_8:24614720	139	2	Cfam_8:52381322	140	2	Cfam_8:67183794
141	2	Cfam_9:20867959	142	2	Cfam_9:32506288	143	2	Cfam_9:50114927	144	2	Cfam_9:56021221	145	2	Cfam_10:8085469
146	2	Cfam_10:14685262	147	2	Cfam_10:39548483	148	2	Cfam_10:47923623	149	2	Cfam_10:57954366	150	2	Cfam_11:1161870
151	2	Cfam_11:62157625	152	2	Cfam_11:70698603	153	2	Cfam_12:6337286	154	2	Cfam_12:8532712	155	2	Cfam_12:23059939
156	2	Cfam_12:40681020	157	2	Cfam_12:70657733	158	2	Cfam_13:40616856	159	2	Cfam_14:55735620	160	2	Cfam_16:29675662
161	2	Cfam_16:58093031	162	2	Cfam_17:9407683	163	2	Cfam_17:12787849	164	2	Cfam_17:57371669	165	2	Cfam_18:10189759
166	2	Cfam_18:16385020	167	2	Cfam_18:16388978	168	2	Cfam_18:31579269	169	2	Cfam_18:47325586	170	2	Cfam_19:30246414
171	2	Cfam_19:40189405	172	2	Cfam_19:42756283	173	2	Cfam_20:6046176	174	2	Cfam_20:45777531	175	2	Cfam_20:48602465
176	2	Cfam_21:22581321	177	2	Cfam_21:29796784	178	2	Cfam_21:31751817	179	2	Cfam_22:20498421	180	2	Cfam_22:33934047
181	2	Cfam_22:37522364	182	2	Cfam_22:39647748	183	2	Cfam_22:61153661	184	2	Cfam_23:44497217	185	2	Cfam_23:48055836
186	2	Cfam_24:18599997	187	2	Cfam_24:27925354	188	2	Cfam_24:30954773	189	2	Cfam_24:43589304	190	2	Cfam_24:45191477
191	2	Cfam_25:4614777	192	2	Cfam_27:20948372	193	2	Cfam_27:34444177	194	2	Cfam_27:42526114	195	2	Cfam_28:9703418
196	2	Cfam_28:12804225	197	2	Cfam_28:34478533	198	2	Cfam_28:35104850	199	2	Cfam_29:4020192	200	2	Cfam_29:4022252
201	2	Cfam_29:19681270	202	2	Cfam_29:22992304	203	2	Cfam_30:10012939	204	2	Cfam_30:11735245	205	2	Cfam_30:27619023
206	2	Cfam_31:20912553	207	2	Cfam_32:13183511	208	2	Cfam_33:15233992	209	2	Cfam_33:22070526	210	2	Cfam_33:22472901
211	2	Cfam_33:22648231	212	2	Cfam_34:24351570	213	2	Cfam_34:34993916	214	2	Cfam_34:37323213	215	2	Cfam_34:41703614
216	2	Cfam_35:15283717	217	2	Cfam_36:288045	218	2	Cfam_36:9241262	219	2	Cfam_36:10084888	220	2	Cfam_36:12723744
221	2	Cfam_36:18627936	222	2	Cfam_37:18338930	223	2	Cfam_37:26611359	224	2	Cfam_37:28611801	225	2	Cfam_37:30110473
226	2	Cfam_37:30902202	227	2	Cfam_38:13098194	228	2	Cfam_38:15271384	229	2	Cfam_38:19172567	230	2	Cfam_38:20930997

Freischaltcode:

008508890201C3F1

Der Freischaltcode dient zur online Anzeige des Labogen Diversity Check unter diversity.labogen.com. Der Labogen Diversity Check zeigt Ihnen immer die aktuellsten genetischen Rassedaten aus dem Premium SNP DNA-Profil (ISAG 2020) an.

Genetische Variabilität (Heterozygotie)



In dieser Grafik können Sie die genetische Variabilität (Heterozygotie) Ihres Tieres ablesen. Die Heterozygotie (% Het) beschreibt den Prozentsatz an genetischen Merkmalen (SNPs), bei denen Ihr Hund unterschiedliche Varianten von Mutter und Vater vererbt bekommen hat. Im Rassevergleich sind Tiere mit hoher Heterozygotie nach aktuellem wissenschaftlichem Stand weniger von Inzucht betroffen als Tiere niedriger Heterozygotie.

Für die Berechnung der Heterozygotie verwenden wir den genetischen Fingerabdruck (das Premium SNP DNA-Profil) sowie hunderte weiterer genetischer Merkmale in der DNA Ihres Hundes. Ihr Hund ist in der Grafik mit einem Kreuz und einer schwarzen durchgezogenen Linie markiert.

Sobald eine genügend große Referenzpopulation Ihrer Rasse bei LABOKLIN untersucht wurde, sehen Sie die genetische Variabilität der gesamten Rassepopulation als orange schraffierten Bereich. Der Mittelwert der Rasse ist als graue gestrichelte Linie gekennzeichnet.

Kleine Populationsgrößen und Inzucht können die Heterozygotie einer Rasse verringern. Tiere mit hoher Heterozygotie im Rassevergleich können daher in der Zucht zum Erhalt der genetischen Vielfalt einer Rasse beitragen. Bitte beachten Sie jedoch, dass durch die Heterozygotie keine Rückschlüsse auf einzelne Faktoren wie Erbkrankheiten oder äußerliche Merkmale wie der Fellfarbe gezogen werden können. Der Erhalt von genetischer Variabilität kann ein Baustein in der verantwortungsvollen Hundezucht sein, darf aber nicht für sich allein betrachtet werden. Mehr Informationen finden Sie auf unserer Homepage:

<https://shop.labogen.com/hund-premium-snp-dna-profil-isag-2020>

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 ausschließlich nach vorheriger schriftlicher Bestätigung durch den Tierarzt. Beachten Sie, dass wir nachträgliche Änderungen bei einem bereits ausgestellten Zertifikat gesondert in Rechnung stellen müssen.

Probenentnahme:

Der folgende unabhängige Probennehmer (Tierarzt, Zuchtwart, o.ä.) hat durch seine Unterschrift die Probenentnahme und Überprüfung der Identität des Tieres bestätigt:

Evidensia GmbH Reichenberg

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. Hinweis: Wer die in diesem Dokument aufgeführten Daten absichtlich so speichert oder verändert, dass bei ihrer Wahrnehmung eine unechte/verfälschte Urkunde vorliegen würde, oder derart gespeicherte oder veränderte Daten gebraucht, macht sich strafbar und muss mit juristischen Konsequenzen rechnen.

LABOKLIN ist ein nach DIN EN ISO/IEC 17025:2018 akkreditiertes Labor, mit Nummern D-PL-13186-01-01 und D-PL-13186-01-02. Diese Akkreditierung bezieht sich auf alle in der Akkreditierungsurkunde aufgeführten Prüfverfahren.

*: Ausführung durch Partnerlabor

Gä N N.

Fr. Nadine Gaenstaller
Abt. Molekularbiologie

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



Laboklin App