

DNA-Analyseergebnisse

**Uma Turman iz Serebryanogo Bora**

## Züchterpaket 2

Besitzer  
Sabine Sobotnik

Chipnummer  
643094100653493RUS

Probennummer  
200603-19840

Wurfstag  
24.05.2019

Geschlecht  
Hündin

Die Identität des Tieres wurde mittels Mikrochips oder Tätowierung durch den Tierarzt oder einer anderen autorisierten Person im Zuge der Probenentnahme bestätigt:

Nein

Hundenname  
Uma Turman iz Serebryanogo Bora

Probenmaterial  
Mundschleimhaut (Cytobrush)

Rasse  
Phalene

ZB Nummer  
RKF 5638095

## Mögliche Ergebnisse

### FREI (clear)

Das Testergebnis „frei“ bedeutet, dass der untersuchte Hund KEINE Mutation für eine bestimmte genetische Erkrankung trägt.

### TRÄGER (carrier)

Das Testergebnis „Träger“ bedeutet, dass der untersuchte Hund EINE Kopie der Mutation für eine bestimmte genetische Erkrankung trägt. Der untersuchte Hund muss aber keine klinischen Symptome aufgrund dieser Mutation entwickeln, da meist zwei Kopien einer Mutation für einen Ausbruch einer Erkrankung notwendig sind.

### TRÄGER (carrier) / GEFÄHRDET (at risk)

Das Testergebnis „Träger/gefährdet“ weist darauf hin, dass der untersuchte Hund EINE Kopie der Mutation trägt, die eine bestimmte genetische Erkrankung verursacht. Aufgrund der Art der Vererbung kann bereits EINE mutierte Kopie des Gens zu einem Ausbruch der Erkrankung führen. Hunde mit nur einer Kopie weisen möglicherweise weniger stark ausgeprägte Symptome auf, als Hunde die zwei veränderte Kopien des Gens tragen.

### GEFÄHRDET (at risk)

Das Testergebnis „gefährdet“ bedeutet, dass der untersuchte Hund EINE oder ZWEI Kopien der Mutation für eine bestimmte genetische Erkrankung trägt. Abhängig von der Art der Vererbung einer spezifischen genetischen Erkrankung sind eine oder zwei Mutationen für einen Ausbruch dieser Erkrankung notwendig.

## KEIN ERGEBNIS

Das Testergebnis „Kein Ergebnis“ deutet darauf hin, dass im Zuge der Analysen kein Ergebnis für eine spezifische Krankheit / Eigenschaft Ihres Hundes ermittelt werden konnte. Das bedeutet nicht, dass Ihr Hund ein Träger oder gefährdet für diese Erkrankung ist. Es gibt verschiedene Gründe, warum ein bestimmter Test fehlschlagen kann. Das können einzigartige Variationen in bestimmten Regionen in der DNA sein, die dazu führen, dass ein Test nicht erfolgreich abgeschlossen werden kann und somit kein Ergebnis liefert. Es kann auch sein, dass bei der Entnahme der Mundschleimhautprobe zu wenige Zellen haften blieben und so zu wenig Material für die Analyse vorhanden war. Auch Bakterien oder Pilze, die sich bei nicht ausreichender Trocknung der Bürstchen auf diesen vermehren können, können sich negativ auf die Analysequalität auswirken. Ergebnisse mit mindestens 90% erfolgreichen Analysen werden als akzeptabel angesehen. Sollte Ihr Hund eine nicht akzeptable Zahl von ausgefallenen Resultaten zeigen, werden wir Sie für die Zusendung von neuem Probenmaterial kontaktieren

## Rassespezifische Erkrankungen

Genetische Analyse	Genotyp	Interpretation
Degenerative Myelopathie - DM	N/N	frei (clear)
Degenerative Myelopathie (Klassische Variante)	0	
Degenerative Myelopathie (Berner Sennenhund Variante)	0	
Faktor VII Defizienz	N/N	frei (clear)
Hyperurikosurie - HUU	N/N	frei (clear)
Neuroaxonale Dystrophie - NAD (Papillon Typ)	N/N	frei (clear)
Osteochondrodysplasie - OCD	N/N	frei (clear)
Progressive Retinaatrophie - PAP-PRA1 (Papillon & Phalene Typ)	N/N	frei (clear)
Progressive Retinaatrophie - PRA-crd4/crd1 Cone-Rod Dystrophie 4	N/N	frei (clear)
Progressive Retinaatrophie - PRA-PRCD Progressive Rod-Cone Degeneration	N/N	frei (clear)
Von Willebrand Erkrankung I - VWDI	N/n	Träger (carrier)

## Rassespezifische Fellfarben und Fellbeschaffenheiten

Genetische Analyse	Genotyp	Interpretation
A Lokus - Agouti	at/at	Tricolor, Black & Tan
Em Lokus - Schwarze Maske	Em/N	Melanistische Maske
K Lokus - Dominantes Schwarz	ky/ky	Agouti-Expression möglich



Dr. rer. nat. A.M. Geretschläger

Die Genauigkeit und Präzision des Tests wurden vom Labor genauestens überprüft. Da alle durchgeführten Analysen DNA-basiert sind, können in seltenen Fällen seltene genomische Variationen die Analysen beeinflussen und zu abweichenden Ergebnissen führen. Sollten Sie der Meinung sein, dass bei den Ergebnissen ein Fehler vorliegt, wenden Sie sich bitte für eine weitere Evaluierung umgehend an unser Labor.