

LABOKlin GmbH, Paul-Hahn-Str. 3, 4020 Linz

Tierarzt
Dr. Horst Wagner
Stattersdorfer Hauptstr. 150
3100 St. Pölten
Österreich

Untersuchungsbefund Nr.: 2508-A-88374
Probeneingang: 25.08.2025
Datum Befund: 28.08.2025
Untersuchungsbeginn: 25.08.2025
Untersuchungsende: 27.08.2025
Befundstatus: Endbefund

Tierart:	Hund
Rasse:	Deutscher Schäferhund
Geschlecht:	Unbekannt
Name:	Cleopatra vom Kronberg
Chipnummer:	040098100689550
Geburtsdatum / Alter:	26.04.2024
Probenmaterial:	Abstriche
Probenentnahme:	15.06.2024
Probennehmer:	Dr.Horst Wagner, 3100 St.Pölten
Behandelnder Tierarzt:	Dr.Horst Wagner, 31
Patientenbesitzer:	Höllri, J. Sigrun
EDV-Nummer / Befund-ID:	XXXXXXXXXX

Nachbestellung vom 25-08-2025 zu XXXXXXXXXXXX **Originalprobe eingegangen am:**
18-06-2024

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.

Hyperurikosurie - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für HUU im SLC2A9-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Haarlänge I (Kurzhaar/Langhaar) - PCR

Haarlänge Variante 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.

MDR1-Genvariante - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N (+/+)

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für MDR im ABCB1-Gen. Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Australian Shepherd, Bobtail, Border Collie, Deutscher Schäferhund, Elo, Kurzhaar- und Langhaar-Collie, Langhaar Whippet, Mc Nab, Shetland Sheepdog, Silken Windhound, Wäller, Weißer Schweizer Schäferhund

Bitte beachten Sie, dass in Einzelfällen auch Trägartiere eine klinische Symptomatik ausprägen können.

Der Gentest wird entsprechend der Veröffentlichung von Mealey et al. (2001) "Ivermectin sensitivity in collies is associated with a deletion mutation of the mdr1 gene." durchgeführt und weist die Mutation MDR1 nt230 (del4) nach.

Zwergenwuchs - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für Zwergenwuchs im LHX3-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Deutscher Schäferhund, Saarloos Wolfshund, Tschechoslowakischer Wolfshund, Tibet Terrier, Weißer Schweizer Schäferhund

Die Ergebnisse gelten 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).

Probenentnahme:

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

Dr.Horst Wagner, 3100 St.Pölten

Fr. Eva Kahnt
Laborleitung, Tierärztin

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



Laboklin App

***** Neues aus dem Labor *****

Wie gewohnt, gelten ab 01.07.2025 unsere neuen Preise und Anträge. Im geschützten Tierarzt-Bereich unserer Website sind die neuen Anträge jederzeit als PDF abrufbar, können aber auch gerne telefonisch unter 0732 / 717 24 20 oder via E-Mail an buero.linz@laboklin.com bestellt werden.