
Silweschak, Gabriele (Minouche) Katze Maine Coon

Von: befund@laboklin.de
An: satansmeute@web.de
Datum: 15.03.2016 09:40:59

Lutz Richartz (1. Vorsitzender) LABOKLIN GmbH&CoKG
1. Felidae Cat Club e.V. Steubenstraße 4
Thomasstr. 8 DE-97688 Bad Kissingen
45661 Recklinghausen Fax-Nr.: +49 971-68546
Deutschland Tel-Nr.: +49 971-72020

Untersuchungsbefund
Nr.: 1508-W-25736
Datum Eingang: 20-08-2015
Datum Befund: 28-08-2015

Angaben zum Patienten: Katze weiblich * 06.06.14
Maine Coon
Patientenbesitzer: Silweschak, Gabriele (Minouche)
Probenmaterial: EDTA-Blut
Probenentnahme: 18-08-2015

Name: Minouche v. d. alten Schäferei
ZB-Nummer: 1 FCC MCO 261014008
Chip-Nummer: 276093400570630
Täto-Nummer: ---

Hypertrophe Kardiomyopathie 1 (HCM1) - 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 Hypertrophe Cardiomyopathie im MYBPC3-Gen (A31P).

Erbgang: autosomal-dominant

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

Pyruvatkinase-Defizienz - 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 Pyruvatkinase-Defizienz im PKLR-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Spinale Muskelatrophie (SMA) - 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 Spinale Muskelatrophie im LIX1-LNPEP-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

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

DNA-Profil - PCR

Club: 1. Felidae Cat Club (1FCC) e.V.

Name: Minouche v. d. alten Schäferei

ZB-Nr.: 1 FCC MCO 261014008

Täto-Nr.: ---

Chip-Nr.: 276093400570630

Microsatelliten-Systeme:

FCA 069 107/109

FCA 075 136/136

FCA 105 197/201

FCA 149 124/132

FCA 220 214/214

FCA 229 164/168

FCA 310 122/138

FCA 441 151/167

FCA 678 190/198

FCA 005 148/150

FCA 026 148/150

FCA 201 151/155

FCA 224 -/-

FCA 293 187/191

FCA 453 188/188

FCA 649 126/126

TZXY: X/X

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 können nicht übernommen werden. Schadensersatzverpflichtungen sind, soweit gesetzlich zulässig, auf den Rechnungswert der durchgeführten Untersuchung/en beschränkt.

Das Labor ist für die auf diesem Befund aufgeführten Untersuchungen akkreditiert nach DIN EN ISO 17025 (D-PL-13186-01).

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 können nicht übernommen werden. Schadensersatzverpflichtungen sind, soweit gesetzlich zulässig, auf den Rechnungswert der durchgeführten Untersuchung/en beschränkt.

Weitere Genveränderungen, die ebenfalls die Ausprägung der Erkrankung/Merkmale beeinflussen können, können nicht ausgeschlossen werden. Die Untersuchung/en erfolgte/n nach dem derzeitigen wissenschaftlichen Kenntnisstand.

Das Labor ist für die auf diesem Befund aufgeführten Untersuchungen akkreditiert nach DIN EN ISO/IEC 17025:2005 (ausgenommen Partnerlabor-Leistungen).

Zuchtverbandsrabatte wurden für rabattfähige Leistungen berücksichtigt!

*** ENDE des Befundes ***
Dipl.-Biol. Dominik Schumann
Molekularbiologie