

Heike Kreuzsaler
Am Winterholz 17
65618 Niederselters

PRÜFBERICHT

Auftragsnummer: KE170080
Kundennummer: D104116
Eingang: 12.06.2017
Prüfdatum: 27.06.2017
Befunddatum: 29.06.2017
Druckdatum: 03.07.2017
Anzahl Seiten: 3

**Untersuchung der genetischen Veranlagung
bei Katzen (CombiBreed Erbkrankheiten)**

Tiername: Coonattack Mama Mia Made You Look
Rasse: Maine Coon
Labornr: KE201700105 Identifikation: 276093400463540
Geschlecht: weiblich Geburtsdatum: 16.03.2014

Veranlagung	Vererbung	Ergebnis
Blutgruppendifferenzierung (DNA-Test)	rezessiv	Inkonklusiv
Dihydropyrimidinase Defizienz	rezessiv	Normal
Gangliosidose, GM2, GM2A	rezessiv	Normal
Gangliosidose, GM2, Typ II - 1	rezessiv	Normal
Gangliosidose, GM2, Typ II - 2	rezessiv	Normal
Glykogenspeicherkrankheit GSD Typ IV	rezessiv	Normal
Hämophilie B - 1	X-chromosomal	Normal
Hämophilie B - 2	X-chromosomal	Normal
Hyperlipoproteinämie	rezessiv	Normal
Hypertrophe Kardiomyopathie 1 (HCM1)	dominant (s. Bemerkung)	Normal
Hypertrophe Kardiomyopathie 3 (HCM3)	dominant (s. Bemerkung)	Normal
Hypothyreose	rezessiv	Normal
Mukopolysaccharidose I	rezessiv	Normal
Mukopolysaccharidose VI	rezessiv	Normal
Mukopolysaccharidose VII	rezessiv	Normal
Niemann-Pick Typ C	rezessiv	Normal

Veranlagung	Vererbung	Ergebnis
Nierenhyperplasie	rezessiv	Normal
Periodische Paralyse (WNK4 - Hypokaliämie)	rezessiv	Normal
Polyzystische Nierenerkrankung (PKD)	dominant (s. Bemerkung)	Normal
Primäre Hyperoxalurie II	rezessiv	Normal
Progressive Retinaatrophie (rdAc-PRA)	rezessiv	Normal
Pyruvatkinase-Mangel (PKDef)	rezessiv	Normal
Spinale Muskelatrophie (SMA)	rezessiv	Normal
Vitamin D-abhängige Rachitis Typ I	rezessiv	Normal

Hinweis: Die Untersuchung wurde durch ein Partnerlabor durchgeführt.

Bemerkung: Hypertrophe Kardiomyopathie 1 (HCM1): Die Untersuchung beschränkt sich auf die Analyse der für HCM1 verantwortlichen Mutation im MYBPC3 Gen. Die Mutation tritt hauptsächlich, aber nicht ausschließlich, bei Maine Coon Katzen auf. Es ist nicht auszuschließen, dass Katzen mit "normalen" Erbanlagen auf Grund von anderen, nicht untersuchten Mutationen dennoch an HCM erkranken können.

Hypertrophe Kardiomyopathie 3 (HCM3): Die Untersuchung beschränkt sich auf die Analyse der für HCM3 verantwortlichen Mutation im MYBPC3 Gen. Die Mutation tritt hauptsächlich, aber nicht ausschließlich, bei Ragdoll Katzen auf. Es ist nicht auszuschließen, dass Katzen mit "normalen" Erbanlagen auf Grund von anderen, nicht untersuchten Mutationen dennoch an HCM erkranken können.

Polyzystische Nierenerkrankung (PKD): Die Untersuchung beschränkt sich auf die Analyse einer Mutation im ADPKD1 Gen. Es ist nicht auszuschließen, dass Katzen mit "normalen" Erbanlagen auf Grund von anderen, nicht untersuchten Mutationen dennoch an PKD erkranken können.

Rheinbach, 03.07.2017

() Dr. Jansen, Geschäftsführer
() Dr. van Haeringen, Geschäftsführer
() Dr. Weber, Prokurist

Bitte beachten Sie folgende Hinweise:

Die Probennahme und der Versand erfolgten durch den Kunden. Alle in dieser Untersuchung verwendeten Angaben zu den Proben stammen vom Auftraggeber und können von Certagen nicht überprüft werden.

Ein per Fax oder E-Mail versandter Prüfbericht hat keine rechtliche Relevanz. Gültig ist alleine der unterschriebene Originalbericht.

Eine Vervielfältigung (auch auszugsweise) bedarf der schriftlichen Genehmigung der Certagen GmbH.

Legendenbeschreibung

Blutgruppendifferenzierung (DNA-Test)

N/N: Die Katze trägt kein rezessives b-Allel. Serologisch weist die Katze die Blutgruppe A oder AB auf.

N/b: Die Katze trägt eine Kopie des rezessiven b-Allels. Serologisch weist die Katze die Blutgruppe A oder AB auf. Die Katze vererbt die Mutation mit einer Wahrscheinlichkeit von 50%.

b/b: Die Katze trägt zwei Kopien des rezessiven b-Allels. Serologisch weist die Katze die Blutgruppe B auf.

Inkonklusiv: In seltenen Fällen kann das „b“ Allel nicht eindeutig bestimmt werden. Vermutlich ist hierfür eine oder mehrere noch nicht beschriebene Mutationen verantwortlich.

Rezessiv:

Normal: Das Tier hat zwei gesunde Erbanlagen. Wenn es zur Zucht eingesetzt wird, trägt es die untersuchte Veranlagung nicht in die Population.

Träger: Das Tier ist mischerbig für die untersuchte Veranlagung. Wenn es zur Zucht eingesetzt wird, erhalten durchschnittlich 50% der Nachkommen die mutierte (kranke) Erbanlage. Träger der Veranlagung erkranken nicht.

Betroffen: Das Tier trägt zwei mutierte (kranke) Erbanlagen und wird an der untersuchten Veranlagung erkranken. Wenn es zur Zucht eingesetzt wird, erhalten alle Nachkommen eine mutierte (kranke) Erbanlage.

Dominant:

Normal: Das Tier hat zwei gesunde Erbanlagen. Wenn es zur Zucht eingesetzt wird, trägt es die untersuchte Veranlagung nicht in die Population.

Träger: Das Tier ist mischerbig für die untersuchte Veranlagung. Wenn es zur Zucht eingesetzt wird, erhalten durchschnittlich 50% der Nachkommen die mutierte (kranke) Erbanlage. Träger der Veranlagung erkranken.

Betroffen: Das Tier trägt zwei mutierte (kranke) Erbanlagen und wird an der untersuchten Veranlagung erkranken. Wenn es zur Zucht eingesetzt wird, erhalten alle Nachkommen eine mutierte (kranke) Erbanlage.

X-chromosomal:

Normal: Das weibliche Tier hat auf beiden X-Chromosomen gesunde Erbanlagen. Männliche Tiere besitzen ein Y-Chromosom und ein gesundes X-Chromosom. Wenn die Tiere zur Zucht eingesetzt werden, tragen sie die untersuchte Veranlagung nicht in die Population.

Träger: Das weibliche Tier ist mischerbig für die untersuchte Veranlagung. Wenn es zur Zucht eingesetzt wird, erhalten durchschnittlich 50% der Nachkommen die mutierte (kranke) Erbanlage. Weibliche Träger der Veranlagung erkranken nicht.

Betroffen: Das weibliche Tier trägt zwei mutierte (kranke) Erbanlagen und wird an der untersuchten Veranlagung erkranken. Wenn es zur Zucht eingesetzt wird, erhalten alle Nachkommen eine mutierte (kranke) Erbanlage. Das männliche Tier trägt eine mutierte Erbanlage auf dem X-Chromosom und wird an der untersuchten Veranlagung erkranken. Wenn das Tier in der Zucht eingesetzt wird, erhalten alle weiblichen Nachkommen eine mutierte (kranke) Erbanlage.