

Laboklin GmbH & Co. KG, Max Kämpf-Platz 1, 4058 Basel

Border Collie Club Schweiz  
Zuchtwartin Nathalie Raetzo  
Farnweid 2  
3089 Hinterfultigen  
Schweiz

**Untersuchungsbefund Nr.: 2206-C-14615**  
Probeneingang: 15.06.2022  
Datum Befund: 23.06.2022  
Untersuchungsbeginn: 15.06.2022  
Untersuchungsende: 23.06.2022  
Befundstatus: Endbefund

Tierart:	Hund
Rasse:	Border Collie
Geschlecht:	weiblich
Name:	Chanel Number Five des Rives de Haute-Sorne
Zuchtbuchnummer:	SHSB 778145
Chipnummer:	756098502041375
Geburtsdatum / Alter:	12.11.2020
Probenmaterial:	EDTA-Blut
Probenentnahme:	14.06.2022
Probennehmer:	Clinic Veterinaire Delemont
Patientenbesitzer:	Schaffner, Norbert & Christine
EDV-Nummer / Befund-ID:	---

## **Probenentnahme:**

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

## **Clinic Veterinaire Delemont**

### **Imerlund-Gräsbeck-Syndrom (IGS) - PCR**

Ergebnis: Genotyp N/N

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

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Border Collie

### **Trapped Neutrophil Syndrome (TNS) - PCR**

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für TNS im VPS13B-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Border Collie

### **Neuronale Ceroid Lipofuszinose (NCL) - PCR**

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für NCL im CL5-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Border Collie, Australian Cattle Dog

### **Glaukom und Goniodysgenese (GG) - PCR**

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für Glaukom im OLFML3 Gen.

Erbgang: autosomal rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Border Collie

### **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 MDR1 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 Trägertiere 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.

### **Raine Syndrom - PCR**

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für Raine Syndrom im FAM20C-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Border Collie

### **Sensorische Neuropathie (SN) - PCR**

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für SN im FAM134B-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Border Collie

### **Collie Eye Anomalie (CEA) - PCR**

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für CEA im NHEJ1-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Australian Kelpie, und Shepherd, Bearded Collie, Border Collie, Boykin Spaniel, Hokkaido, Kurzhaar-, Langhaar-Collie, Lancashire Heeler, Langhaar Whippet, Scotia Duck Tolling Retriever, Shetland Sheepdog, Silken Windhound

### **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/bs (zuvor B/bs)

Interpretation: Das untersuchte Tier besitzt ein bs-Allel. Es ist somit mischerbig (heterozygot) für diese Variante.

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.

### **D-Lokus D1 (Dilution, Verdünnung)**

Ergebnis für d1: Genotyp N/N (zuvor D/D)

Interpretation: Das untersuchte Tier besitzt kein d1-Allel.

Der Gesamt-Genotyp des D-Lokus-Komplex kann nur unter Einbeziehung der Testergebnisse aller bisher bekannten Allele am D-Lokus (d1, d2 und d3) 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.

### **E-Lokus e1 (gelb, lemon, rot, cream, apricot) - PCR**

Ergebnis für e1: Genotyp N/N (zuvor E/E)

Interpretation: Das untersuchte Tier besitzt kein e1-Allel.

Der Gesamt-Genotyp des E-Lokus-Komplex kann nur unter Einbeziehung der Testergebnisse aller bisher bekannten Allele am E-Lokus (e1, e2, e3, eA, eg, eh und EM) 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.

### **I-Lokus (Phäomelanin-Intensität) - PCR**

Ergebnis: Genotyp I/I

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das I Allel.

Der Test erfasst die Allele I und i.  
Allelische Reihe: I dominant über i

### **K-Lokus - PCR**

Ergebnis: Genotyp Kb/ky

Interpretation: Das untersuchte Tier ist heterozygot für das Kb- und ky-Allel.

Der Test erfasst die Allele Kb und ky.  
Allelische Reihe: Kb dominant über ky

### **A-Lokus (Agouti) - PCR**

Ergebnis: Genotyp Ay/at

Interpretation: Das untersuchte Tier ist heterozygot für das Ay- und at-Allel.

Der Test erfasst die Allele Ay, Aw, at und a. Allelische Reihe: Ay dominant über Aw, Aw dominant über at, at dominant über a

### **S-Lokus (Weißscheckung, Piebald)**

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das N Allel.  
Der Test erfasst die Allele N und S.  
Es handelt sich um einen semi dominanten Erbgang.

Bitte beachten Sie: Es existieren weitere genetische Varianten für eine Weißscheckung, die bisher noch nicht über einen Gentest erfasst werden können.

### **K-Lokus (brindle)**

Bitte beachten Sie: ab sofort bietet LABOKLIN keinen Versand der Proben für den brindle-Gentest mehr an. Es gibt die Möglichkeit den Test auf K-Lokus bei uns im Haus durchzuführen, hierbei wird allerdings nur auf die Allele KB und ky getestet. Es kann von diesem Ergebnis keine Aussage über das Vorhandensein oder die Abwesenheit des kbr (brindle) Allels getroffen werden.

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).

### **Zuchtverbandsrabatte wurden für rabattfähige Leistungen berücksichtigt!**

Das Methoden-Abkürzungsverzeichnis finden Sie unter [www.laboklin.com](http://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.**



Fr. MSc Michelle Meißler  
Abt. Molekularbiologie

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

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

Wie gewohnt, gelten ab 01.07.2022 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 0971 / 72020 oder via E-Mail an [info@laboklin.de](mailto:info@laboklin.de) bestellt werden.