

Besteller: Jan Novák, Dlouhá 1, 30000 Plzeň, Czech Republic

Probe:

Probenummer: 21-12345
Eingangsdatum: 01.02.2021
Probentyp: Blut

Angaben des Kunden

Name: Lassie DEMO

Rasse: Plemeno

Tätowier-Nummer: 1392013
Microchip: 123 456 789 012 345
Registriernummer: REGQ12345
Geburtsdatum: 1.1.2020
Geschlecht: Weibchen
Datum der Probenahme: 01.02.2021
Identität des Tieres bei der Probenentnahme überprüft.

Ergebnis: m/Mc (Mc ~ 38T)

Interpretierung der Ergebnisse

m – normales Allel ohne Merle

M – Merle-Allel, in Klammern ist ungefähre Zahl T in der polyT-Sequenz angeführt, je länger die Sequenz ist, desto mehr ist der Merle-Phänotyp ausgeprägt.

Der Grad der Merle-Ausprägung kann wie folgt beschrieben werden:

- Länge der polyT Sequenz < ca. 62 T – Cryptic/kryptisches Merle (Mc)
- Länge der polyT Sequenz ca. 63-73 T - Dilution Merle (Md)
- Länge der polyT Sequenz ca. 74-85 T - Merle (M)
- Länge der polyT Sequenz ca. 86 T und mehr – Harlekin Merle (Mh)

Ein Hund kann Merle-Mosaik sein, d.h. er kann mehrere Typen der Merle-Allele in seinen Zellen tragen. Im Ergebnis wird das längste gefundene Allel in der untersuchten Probe angeführt. Zwischen den Generationen kann es zur Kürzung oder Verlängerung des Merle-Alles kommen.

Allgemein ist es nicht geeignet Hunde mit Merle-Allele wegen gesundheitlichen Risiken zu verpaaren.

Methode: SOP176-merle, Fragmentierung Analyse

Berichtausgabedatum: 06.02.2021
Untersuchungsdatum: 01.02.2021 - 06.02.2021
Freigegeben: Mgr. Martina Šafrová, Laborleiterin



Genomia s.r.o, Republikánská 6, 31200 Plzeň, Czech Republic
www.genomia.cz, laborator@genomia.cz, tel: +420 373 749 999