

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

Badany próbka:

Próbka: 21-12345

Data otrzymania: 01.02.2021

Typ próbki: krew

Informacje dostarczone przez klienta

Nazwisko: Lassie DEMO

Rasa: Plemeno

Numer tatuażu: 1392013

Mikroczip: 123 456 789 012 345

Numer rejestracyjny: REGQ12345

Data urodzenia: 1.1.2020

Płeć: samica

Data pobrania: 01.02.2021

Tożsamość zwierzęcia została zweryfikowana.

Wynik: PREVIEW RESULT LINE

Wyjaśnienie wyników

Przeprowadzono badanie obecności lub braku wariantów genów PAN2 (g.627760G>A = locus A), MAP3K7CL (c.383_392ACTCCACAAA>GACT = locus B) oraz DRB1 (DLA-DRB1 002:01 = locus C), związanych z predyspozycją do dermatomyositis (DMS) u collie krótkowłosego i długowłosego, bearded collie, border collie oraz sheltie. Dermatomyositis jest wieloczynnikową chorobą autoimmunologiczną. Wystąpienie DMS może być uwarunkowane zarówno czynnikami genetycznymi, jak i środowiskowymi. U osobników dotkniętych chorobą dochodzi do zapalnej waskulopatii skóry i mięśni. Układ odpornościowy atakuje śródbłonek małych naczyń krwionośnych, w których rozwija się stan zapalny, prowadzący do szeregu procesów skutkujących niedokrwieniem. Powoduje to charakterystyczny zanik i martwicę naskórka oraz mieszków włosowych, a także degenerację włókien mięśniowych.

Kombinacje wyżej wymienionych loci tworzą haplotypy, których różne układy klasyfikują stopień ryzyka wystąpienia DMS. Haplotypy są, na podstawie końcowej kombinacji alleli, podzielone na trzy grupy: haplotypy wysokiego ryzyka wystąpienia DMS, haplotypy średniego ryzyka wystąpienia DMS oraz haplotypy niskiego ryzyka wystąpienia DMS. Każde locus może zawierać dominujący allel ryzyka (A, B, C) lub recesywny allel nierozwojowy (a, b, c).

- Haplotypy o wysokim ryzyku wystąpienia choroby (90–100%): AABbCC, AaBBCC, AABbCC, AABbCc.
- Haplotypy o średnim ryzyku wystąpienia DMS (33–50%): AAbbCC, AAbbCc, aaBBCC, AaBBcC, AABbCc.
- Haplotypy o niskim ryzyku wystąpienia DMS (0–5%): aabbCC, aabbCc, AabbCC, AabbCc, aaBbCC, aaBbCc, AaBbCC, AaBbCc, aaBBcC.

Kombinacje alleliczne aabbcc, aaBBcc, Aabbcc, AaBbcc, AaBBcc, AAbbcc, AABbcc oraz AABBcc nie mogą być obecnie przypisane do żadnej z trzech grup haplotypów, ponieważ ich znaczenie nie zostało jeszcze jednoznacznie potwierdzone naukowo.

Metoda: SOP188-MPS-canine, MPS

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

Kod do weryfikacji raportu to 12AB-CD34-GENO-MIAO-EFGH. Przejdź na www.genomia.cz, aby zweryfikować raport.

Raport z wyników badań nie może być reprodukowany w inny sposób niż w całości bez zgody laboratorium.

Wynik odnosi się tylko do przebadanej próbki w stanie, w jakim została przyjęta. Genomia nie odpowiada za prawidłowość danych przekazanych przez klienta.

Data wystawienia raportu: 06.02.2021

Data przeprowadzenia testu: 01.02.2021 - 06.02.2021

Approved by: Mgr. Martina Šafrová, Laboratory Manager

SAMPLE



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

Kod do weryfikacji raportu to 12AB-CD34-GENO-MIA0-EFGH. Przejdź na www.genomia.cz, aby zweryfikować raport.
Raport z wyników badań nie może być reprodukowany w inny sposób niż w całości bez zgody laboratorium.

Wynik odnosi się tylko do przebadanej próbki w stanie, w jakim została przyjęta. Genomia nie odpowiada za prawidłowość danych przekazanych przez klienta.