

Detekcja mutacji  
g.85286582\_85286583insC w genie HSF4  
powodującej dziedziczną zaćmę u psów  
wielu ras

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

**Badany próbką:**

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:** Mutacja nie została wykryta (N/N)

**Legenda:** N/N = normalny genotyp. N/P = nosiciel mutacji. P/P = zmutowany genotyp (najprawdopodobniej będzie dotknięty tą chorobą). (N = negatywny; P = pozytywny)

**Wyjaśnienie wyników**

Zbadano obecność lub brak mutacji g.85286582\_85286583insC w genie HSF4 powodującej dziedziczną zaćmę (HC) u Staffordshire Bull Terrierów, Buldogów Francuskich oraz HC o wczesnym początku u Boston Terrierów.

Mutacja powodująca HC u wymienionych ras jest dziedziczona w sposób autosomalny recesywny. Oznacza to, że tylko osobniki P/P, które odziedziczą zmutowany gen od obojga rodziców, zachorują na tę chorobę. Nosiciele zmutowanego genu N/P są klinicznie zdrowi, ale przekazują chorobę swojemu potomstwu. Jeśli kojarzone są dwie osoby heterozygotyczne (N/P), teoretycznie 25% potomstwa będzie całkowicie zdrowe, 50% potomstwa nosicieli, a 25% odziedziczy zmutowany gen od obojga rodziców i będzie dotknięte HC (P/P).

**Metoda:** SOP171-HC, analiza fragmentacyjna

Data wystawienia raportu: 06.02.2021

Data przeprowadzenia testu: 01.02.2021 - 06.02.2021

Approved by: Mgr. Martina Šafrová, Laboratory Manager



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](http://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.