

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: m/Mc (Mc ~ 222A)

Wyjaśnienie wyników

Badano obecność lub brak insercji SINE w genie SILV, która prowadzi do niezdolności komórek do produkcji normalnej eumelaniny. Stopień ekspresji w fenotypie jest związany ze zmienną długością sekwencji insercyjnej polyA (ciąg powtarzających się par zasad, który jest jednym ze składników insercji SINE). Im dłuższa sekwencja insercyjna polyA, tym większy stopień ekspresji merle w fenotypie można zaobserwować.

Allele locus merle:

- m non-merle (oryginalny, bez obecnej insercji SINE)
- Mc cryptic merle (długość polyA 200-230 bp)
- Mc+ cryptic merle+ (długość polyA 231-246 bp)
- Ma atypical merle (długość polyA 247-254 bp)
- Ma+ atypical merle+ (długość polyA 255-264 bp)
- M merle (długość polyA 265-268 bp)
- Mh harlequin merle (długość polyA 269-280 bp)

Istnieje 28 możliwych genotypów merle: m/m, m/Mc, Mc/Mc, Mc/Mc+, m/Mc+, Mc+ Mc+, m/Ma, Mc/Ma, Mc+/Ma, Ma/Ma, m/Ma+, Mc/Ma+, Mc+/Ma+, Ma/Ma+, Ma+/Ma+, m M M, Mc/M, Mc+/M, Ma/M, Ma+/M, M/M, m/Mh, Mc/Mh, Mc+/Mh, Ma/Mh, Ma+/Mh, M/Mh, M/Mh, Mh/Mh.

Łącznie 14 kombinacji allelicznych powoduje delecję pigmentu do białego: Mc+/Ma+, Ma/Ma+, Ma+/Ma+ Mc+/M, Ma/M, Ma+/M, M/M, m/Mh, Mc/Mh, Mc+/Mh, Ma/Mh, Ma+/Mh, M/Mh, Mh/Mh.

8 kombinacji alleli jest zagrożonych niepełnosprawnością: M/M, m/Mh, Mc/Mh, Mc+/Mh, Ma/Mh, Ma+/Mh, M/Mh, Mh/Mh.

Pies może być również mozaiką merle, tj. może nosić kilka rodzajów alleli merle w swoich komórkach. Wynik pokazuje wszystkie wykryte allele główne i podrzędne w badanej próbce. W nawiasach podano allele mniejszościowe.

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.

Metoda: SOP176-merle, analiza fragmentacyjna

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.