

LEISTUNGSVERZEICHNIS **25**
GENETIK **26**

Hund | Katze | Pferd



Vorwort

Liebe Kolleginnen und Kollegen,
liebe Tierzüchterinnen und Tierzüchter,
liebe Tierhalterinnen und Tierhalter,

anbei das aktuelle Leistungsverzeichnis Genetik von uns, das auch dieses Mal wieder neue Tests, neue Methoden, neue Dienstleistungen enthält.

Unser Leistungsspektrum:

- Gentests

Sie haben eine spezielle Frage – wollen Vorliegen oder Abwesenheit einer genetischen Variante oder eines genetisch bedingten Phänotyps abklären:

Hier bieten wir alle Einzeltests für einen günstigen Preis und mit einer großen Geschwindigkeit in der Abwicklung an. Wann macht das Sinn? Immer, wenn Sie eine spezifische Fragestellung haben, in der Praxis zum Beispiel aufgrund eines speziellen Erkrankungsmoments. Der Einzeltest ist auch dann sinnvoll, wenn für eine Rasse ein neuer Test entwickelt wurde und dieses spezielle Wissen bei einem Tier noch zusätzlich gewonnen werden soll.

- Rassespezifische Pakete

Wir kombinieren alle Tests, die für eine Rasse validiert sind, die also bekannt dafür sind, dass sie bei dieser Rasse eine Rolle spielen, in einem Paket. Das Paket ist billiger als die Summe der Einzeltests und auch billiger als der große LABO-Genetics XXL-Test. Auch hier bieten wir eine sehr kurze Bearbeitungszeit.

- LABOGenetics XXL-Pakete für Hund und Katze

Bei den XXL-Paketen erhalten Sie praktisch alles, was an genetischer Information bei der Tierart machbar ist. Wir teilen die Ergebnisse untergliedert in „für die Rasse validiert“ und „für die Rasse nicht validiert“ mit und stellen die auffälligen Ergebnisse markant dar, so dass diese auf einen Blick sichtbar sind. Das XXL-Paket braucht aufgrund der Testtechnologie (NGS) etwas mehr an Untersuchungszeit und ist insgesamt die pro Einzeltest billigste Testvariante, die aber in der Summe höher ist als ein Einzeltest oder das Rassepaket.

- Identität, Abstammung und mehr

Die etablierten DNA-Profiles nach den Empfehlungen der internationalen Gesellschaft für Tiergenetik (ISAG) sind die Basis für unsere Leistungen. Das DNA-Profil kann alleine gebucht werden oder zusammen mit dem XXL-Paket zu einem günstigen Kombipreis erworben werden. Ein Premium-DNA-Profil für den Hund oder die Katze gibt Ihnen zusätzlich und ohne Aufpreis Aussagen über genetische Diversität und Heterozygotie.

- DLA steht für dog leukocyte antigen –

hier sind Funktionen des Immunsystems genetisch verankert und für einige Konstellationen ist ein erhöhtes Risiko für bestimmte Erkrankungen beschrieben. Eine große Heterogenität wird von Züchtern bevorzugt. Laboklin hat deshalb diese Untersuchung mit ins Portfolio aufgenommen.

Was Laboklin ausmacht

Labogen ist als Genetikabteilung von Laboklin eine Einrichtung, die Genetik für Haus- und Nutztiere anbietet. Labogen ist gleichzeitig eingebettet in eine umfassende Labordiagnostik für Tiere, bei der auch alles an klassischer Labor-diagnostik von Blutuntersuchungen über Kot- und Harnuntersuchungen oder Pathologie durchgeführt und interpretiert werden kann. Das macht gerade auch bei Erkrankungen mit genetischer Ursache eine Beratung möglich, die rein auf Genetik ausgelegte Einrichtungen nur schwer leisten können. Und Beratung ist unser Steckenpferd.

Qualität ist eine Grundvoraussetzung: Wir sind mit allen Methoden DIN/ISO 17025:2018 akkreditiert, das höchste Qualitätssiegel, das man erlangen kann. Mit der Genetik sind wir gleichzeitig in der ISAG, der International Society for Animal Genetics aktiv.

Unsere Zusammenarbeit mit Ihnen

Die neue Webseite mit dem brandaktuellen Shop macht die Bestellung und auch die Archivierung der Befunde extrem einfach. Für Zuchtverbände sind besondere Ab-sprachen möglich und dann über spezielle Aufträge mit Konditionen hinterlegt.

Gleichzeitig informieren wir gerne: Bleiben Sie am Ball mit dem Abo unseres News-letters, der über neue Tests und Verfahren, über Webinare oder auch über allgemeine Themen der Tiergesundheit berichtet.

Die Züchtertage bieten kompakte Infos rund um die Tiergesundheit und sind spezifisch auf Fragen von Züchtern zuge-schnitten. Sie können live online dabei sein und auch Ihre Fragen platzieren oder – zum Beispiel bei Terminkollisionen – die Aufzeichnung anschauen.

zuechter.laboklin.com

Wir freuen uns auf die Zusammenarbeit!

Mit besten Grüßen



Dr. Elisabeth Müller
Geschäftsleitung

Inhalt

Vorwort	3	Cerebelläre Ataxie* (CA)	31
Inhalt	6	Cerebelläre Ataxie (CA1)	32
So erreichen Sie uns	14	Cerebelläre Degeneration mit Myositis (CDMC)	33
Genetische Untersuchungen - Probenentnahme	18	Cerebelläre Hypoplasie (CH)	33
Einelnachweise und Pakete	20	Cerebrale Dysfunktion (CDFS)	34
1. Erbgänge	21	Charcot-Marie-Tooth Neuropathie (CMT)	34
1.1 Autosomal-rezessiver Erbgang	21	Chondrodysplasie (Zwergwuchs)	35
1.2 Autosomal-dominanter Erbgang	22	Chondrodysplasie und -dystrophie (CDPA/CDDY) (IVDD-Risiko)	35
1.3 Gonosomaler Erbgang	22	Collie-Eye-Anomalie* (CEA)	36
1.4 Mutationen und phänotypische Ausprägung	23	Cone Degeneration (CD)	37
2. Hund	24	Congenitale Hypothyreose (CHG)	37
2.1 Erbkrankheiten beim Hund	24	Congenitaler Megaösophagus (CIM)	38
Achromatopsie (Tagblindheit) (ACHM)	24	Congenital Mirror Movement Disorder 1 (CMM1)	38
Adipositas (ADI)	24	Congenitales myasthenes Syndrom (CMS)	39
Afibrinogenämie (AFG)	25	Craniomandibuläre Osteopathie (CMO)	39
Akatalasämie	25	Cystinurie	39
Akrales Mutilationssyndrom (AMS)	25	Dandy-Walker-Like Malformation (DWLM)	40
Akutes Lungenversagen (ARDS)	26	Degenerative Myelopathie (DM) (Exon 1 und 2)	41
Alaskan-Husky-Enzephalopathie (AHE)	26	Degenerative Myelopathie Risikomodifikator (DMRM)	42
Alaskan-Malamute-Polyneuropathie (AMPN)	27	Dental-Skeletal-Retinal Anomaly (DSRA)	42
Alexander-Krankheit (AxD)	27	Dermatomyositis (DMS)	43
Amelogenesis imperfecta/Familiäre Zahnschmelz-hypoplasie (AI/FEH)	28	Dermoidsinus (DS)	44
Brachyurie (Stummelrute)	28	Digitale Hyperkeratose (DH/HFH)	44
C3-Defizienz	29	Dilatative Kardiomyopathie (DCM) beim Schnauzer	45
Canine Leukozyten-Adhäsionsdefizienz (CLAD)	29		
Canine multifokale Retinopathie (CMR1/2/3)	30		
Canine multiple System-degeneration (CMSD)	30		
Centronukleäre Myopathie (CNM)	31		

Dilatative Kardiomyopathie (DCM) beim English Toy Terrier, Manchester Terrier, Nova Scotia Duck Tolling Retriever, Welsh Springer Spaniel	45	Glaukom und Goniodysgenesie (GG)	60
Dilatative Kardiomyopathie (DCM1-4) beim Dobermann	46	Gliedergürteldystrophie (LGMD)	60
Disproportionierter Zwergwuchs	48	Globoidzellenleukodystrophie (Krabbe-Krankheit)	61
Dry Eye Curly Coat Syndrome (CCS)	49	Glykogenspeicherkrankheit Typ Ia (GSDIa)	61
Dyserythropoetische Anämie und Myopathie (DAMS)	49	Glykogenspeicherkrankheit Typ II (Pompe Disease) (GSDII)	62
Dystrophische Epidermolysis Bullousa (DEB)	50	Glykogenspeicherkrankheit Typ IIIa (GSDIIIa)	62
Ektodermale Dysplasie/Skin Fragility Syndrome (ED/SFS)	50	GM1-Gangliosidose	62
Entzündliche Lungenerkrankung (IPD)	51	GM2-Gangliosidose	63
Entzündliche Myopathie (IM)	51	Grey Collie Syndrome (Canine zyklische Neutropenie) (GCS)	63
Epidermolytische Hyperkeratose (EHK)	52	Hämophilie A (Faktor VIII- Defizienz)	64
Episodic Falling (EF)	52	Hämophilie B (Faktor IX-Defizienz)	64
Erbliche Taubheit (EOAD)	52	Hämorrhagische Diathese (Scott-Syndrom)	65
Erbliche Taubheit (DINGS1&2)	53	Hereditäre Ataxie (HA)	65
Exercise Induced Collapse (EIC)	53	Hereditäre Katarakt (HSF4)	66
Exfoliativer kutaner Lupus erythematoses (ECLE)	54	Hereditäre Katarakt* (HSF4)	66
Faktor VII-Defizienz (F7)	55	Hereditäre nasale Parakeratose (HNPK)	67
Faktor XI-Defizienz (F11)	55	Hereditäre Neuropathie (GHN)	68
Faltendoggen-Syndrom (Ichthyose)	55	Hyperurikosurie und Hyperurikämie (HUU/SLC)	68
Familiäre Nephropathie (FN)	56	Hypomyelinisierung/Shaking Puppy Syndrome (SPS)	69
Familiäres Schilddrüsenkarzinom (FTFC)	56	Hypophosphatasie (HPP)	69
Fanconi-Syndrom	57	Ichthyose bei der Deutschen Dogge	70
Farbverdünnung und neurologische Defekte (CDN)	57	Ichthyose beim American Bulldog	70
Finnish Hound Ataxie (FHA)	58	Ichthyose* beim Golden Retriever	70
Fukosidose	58	Ichthyose Typ 2 beim Golden Retriever	71
Gallenblasenmukozelen (GBM)	58	Imerslund-Gräsbeck- Syndrom (IGS)	71
Glanzmann- Thrombasthenie (GT)	59	Junctional epidermolysis bullosa (JEB)	71
Glasknochenkrankheit (Osteogenesis imperfecta)	59	Juvenile Enzephalopathie (JBD)	72
		Juvenile Epilepsie (JE)	72

Juvenile Larynxparalyse und Polyneuropathie (JLPP)	73	Mikrophthalmie (RBP4)	88
Juvenile myoklonische Epilepsie (JME)	73	Mitochondriale Enzephalopathie (MFE)	89
Kardiomyopathie mit Welpensterblichkeit (CJM)	74	Mitralklappenendokardiose (MMVD)	90
Kupferspeicherkrankheit beim Bedlington Terrier (CT/COMMD1)	74	Mucopolysaccharidose Typ IIIa (MPS3a)	90
Kupferspeicherkrankheit* beim Labrador Retriever und Dobermann (CT)	75	Mucopolysaccharidose Typ IIIb (MPS3b)	90
L-2-Hydroxyglutaracidurie (L-2-HGA)	76	Mukopolysaccharidose Typ VI (MPS6)	91
Lafora-Epilepsie	76	Mucopolysaccharidose Typ VII (MPS7)	91
Lagotto Speicherkrankheit (LSD)	77	Multiple okuläre Defekte (MOD)	92
Larynxparalyse (LP)	77	Müller-Gang-Persistenz-Syndrom (PMDS)	92
Larynxparalyse mit Polyneuropathie Typ 3 (LPPN3)	78	Muskeldystrophie (MD)	93
Late onset Ataxie (LOA)	78	Musladin-Lueke-Syndrom (MLS)	93
Leonberger Polyneuropathie (LPN1 und LPN2)	79	Mycobacterium-avium-Komplex-Sensitivität (MAC)	94
Letale Akrodermatitis (LAD)	79	Myostatin-Mutation („Bully“-Gen)	95
Letale Lungenerkrankung (LAMP3)	80	Myotonia congenita	95
Leukoenzephalomyelopathie (LEMP)	80	Nachtblindheit (CSNB)	96
Leukoenzephalopathie (LEP)	81	Narkolepsie	96
Leukozyten-Adhäsionsdefizienz III (LAD3)	82	Nekrotisierende Meningoenzephalitis (NME/PDE)	96
Lippen-Kiefer-Gaumenspalte und Syndaktylie (CLPS, CP1)	82	Nekrotisierende Myelopathie (ENM)	97
Lundehundsyndrom (LHS)	83	Nemalin-Myopathie (NM)	97
Lysosomale Speicherkrankheit (LSD)	83	Neonatale cerebelläre Abiotrophie (NCCD)	98
Makrothrombozytopenie (MTC)	84	Neonatale Enzephalopathie (NEWS)	98
Makuläre Hornhautdystrophie (MCD)	85	Neuralröhredefekt (NTD)	98
Maligne Hyperthermie (MH)	85	Neuroaxonale Dystrophie (NAD)	99
Maxillary canine tooth mesioversion (MCM)	86	Neuronale Ceroidlipofuszinose (NCL)	100
May-Hegglin-Anomalie (MHA)	86	Neuronale Ceroidlipofuszinose* (NCL) beim American Staffordshire Terrier	101
MCAD-Defizienz	87	Nierendysplasie und Leberfibrose (RDHN)	101
MDR1-Genvariante (Ivermectin-Überempfindlichkeit)	87	Nierenzellkarzinom und noduläre Dermatofibrose (RCND)	101
Methämoglobinämie (MetHg)	88		

Oberes Luftweg-Syndrom (UAS)	102	Progressive Retinaatrophie (crd2-PRA)	113
Osteochondrodysplasie (OCD)	102	Progressive Retinaatrophie (crd3-PRA)	113
Paradoxe Pseudomyotonie (PP)	103	Progressive Retinaatrophie (dominante Form)	114
Paroxysmale Dyskinesie (PxD)	103	Progressive Retinaatrophie (eo-PRA)	114
Paroxysmale exercise-induced Dyskinesie (PED)	104	Progressive Retinaatrophie (generalisierte PRA)	115
Phosphofruktokinase-Defizienz (PFKD)	105	Progressive Retinaatrophie (GR-PRA1 und GR-PRA2)	115
Plattenepithelkarzinom (PEK) der Zehe – Risikoanalyse beim schwarzen Riesenschnauzer und schwarzen Pudel	105	Progressive Retinaatrophie (GUCY2D-PRA)	115
Polyzystische Nierenerkrankung (PKD)	105	Progressive Retinaatrophie (IFT122-PRA)	116
Postoperative Blutung (P2Y12)	106	Progressive Retinaatrophie (JPH2-PRA)	116
Postoperative Blutungsneigung (DEPOH)	106	Progressive Retinaatrophie (MERTK-PRA)	116
Präkallikrein-Defizienz (KLK)	106	Progressive Retinaatrophie (NECAP1-PRA)	117
Primäre ciliäre Dyskinesie (PCD)	107	Progressive Retinaatrophie (pap-PRA1)	117
Primäre Hyperoxalurie (PH)	107	Progressive Retinaatrophie (PRA3)	117
Primäre Immundefizienz Typ 2 (PIP2)	108	Progressive Retinaatrophie (PRA4)	118
Primäre Linsenluxation (PLL)	108	Progressive Retinaatrophie* (prcd-PRA)	118
Primäres Weitwinkel-Glaukom (POAG)	109	Progressive Retinaatrophie (rcd1-PRA)	119
Primäres Weitwinkel-Glaukom und Linsenluxation (POAG/PLL)	109	Progressive Retinaatrophie (rcd1a-PRA)	119
Progressive Retinaatrophie (PRA)	110	Progressive Retinaatrophie (rcd2-PRA)	119
Progressive Retinaatrophie (Bas-PRA1)	110	Progressive Retinaatrophie (rcd3-PRA)	120
Progressive Retinaatrophie (BBS2-PRA)	111	Progressive Retinaatrophie (rcd4-PRA)	120
Progressive Retinaatrophie (BBS4-PRA)	111	Progressive Retinaatrophie (Typ B1-PRA, HIVEP3)	121
Progressive Retinaatrophie (CNGA1-PRA)	112	Progressive Retinaatrophie (XL-PRA)	121
Progressive Retinaatrophie (cord1-PRA/crd4-PRA)	112		
Progressive Retinaatrophie (crd-PRA)	112		
Progressive Retinaatrophie (crd1-PRA)	113		

Progressive Retinaatrophe mit Neurodegeneration (PCYT2-Defizienz)	121	Von-Willebrand-Krankheit Typ 2 (vWD 2)	135
Protein-Losing-Nephropathie (PLN)	122	Von-Willebrand-Krankheit Typ 3 (vWD 3)	135
Pyruvatdehydrogenase-Phosphatase 1-Defizienz (PDP1)	122	Xanthinurie Typ II	135
Pyruvakinase-Defizienz (PK)	123	X-chromosomal retinale Dysplasie (XLRD)	136
Raine-Syndrom	123	X-chromosomal schwere kombinierte Immundefizienz (X-SCID)	136
Retinale Dysplasie* (RD/OSD)	123	X-linked Myopathie (XL-MTM)	137
Retinale Dysplasie (OSD)	124	ZNS-Atrophie mit cerebellärer Ataxie (CAC) Zwergwuchs (Skeletale Dysplasie 2) (SD2)	137
Robinow-like-Syndrom (DVL2)	124	Zwergwuchs (hypophysäre Form)	138
Schwere kombinierte Immundefizienz (SCID)	125	2.2 Fellfarbe und Haarstruktur beim Hund	139
Sensorische Neuropathie (SN)	125	Fellfarbe	139
Shar Pei autoinflammatory disease (SPAID)	126	A-Lokus (Agouti) (ASIP-Analyse)	140
Spinocerebelläre Ataxie (SCA)	127	B-Lokus (Allele: bd, bc, bs) (braun, chocolate, liver(nose))	143
Spondylo kostale Dysostose (Comma-Defekt)	127	B-Lokus b4, be, bh (seltene Varianten)	143
Spongiforme Leukoenzephalomyelopathie* (SLEM)	128	C-Lokus: Albino	143
Spongiöse Degeneration mit cerebellärer Ataxie (SDCA1 und SDCA2)	128	Cocoa	144
Stargardt-Syndrom (retinale Degeneration) (STGD)	129	D-Lokus d1 (Dilution, Farbverdünnung)	145
Startle Disease	130	D-Lokus d2, d3 (seltene Varianten)	148
Subakute nekrotisierende Enzephalopathie (SNE)	130	E-Lokus e1: gelb, lemon, rot, cream, apricot	148
Succinat-Semialdehyd-Dehydrogenase-Defizienz (SSADHD)	131	E-Lokus e2 (seltene Varianten)	148
Thrombozytopathie	131	E-Lokus (Sonderfarben): EG, EH, eA	148
Trapped Neutrophil Syndrome (TNS)	132	E-Lokus EM (Schwarzmaske)	149
Van den Ende-Gupta-Syndrom (VDEGS)	132	H-Lokus (Harlekin)	149
Ventrikuläre Arrhythmie (IVA)	132	I-Lokus (Phäomelanin-Intensität)	150
Verhaltensanomalie	133	K-Lokus (ausschließlich KB-Allel)	150
Vitamin D-abhängige Rachitis (VDR)	134	K-Lokus (brindle)	151
Von-Willebrand-Krankheit (vWD)	134		
Von-Willebrand-Krankheit Typ 1 (vWD 1)	135		

M-Lokus*: (Merle-Allele: Mh, M, Ma+, Ma, Mc+, Mc, m und Mosaike)	151	Epileptische	
Pandascheckung	152	Enzephalopathie (EE)	165
Saddle-Tan	152	Faktor XI-Defizienz (F11)	166
S-Lokus (Weißscheckung, Piebald)	153	Faktor XII-Defizienz (F12)	166
Ticking (Tüpfelung, Stichelung, Schimmelung)	153	Gangliosidose (GM1 und GM2)	167
Gentests zum Nachweis der Haarlänge und -struktur beim Hund	154	Glykogenspeicherkrankheit	
Haarlänge (Kurzhaar/Langhaar)	154	Typ IV (GSD4)	167
Furnishing (Langhaar/Rauhaar)	155	Head Defect	168
Double Coat	155	Hypertrophe	
Haaren (Shedding)	155	Kardiomyopathie (HCM)	168
Curly (Kraushaar: C1, C2)	156	Hypokaliämie	169
Haarlosigkeit (Powderpuff)	157	Hypotrichose und Kurzlebigkeit	170
Improper Coat	157	MDR1-Genvariante	170
2.3 DLA-Typisierung	158	Mucopolysaccharidose	
2.4 Paket LABOGenetics XXL	159	Typ VI (MPS6)	170
Hund		Mucopolysaccharidose	
2.5 DNA-Profil beim Hund	160	Typ VII (MPS7)	171
Classic STR DNA-Profil (ISAG 2006)	160	Myotonia congenita	171
Premium SNP DNA-Profil (ISAG 2020)	160	Osteochondrodysplasie (OCD)	172
Genetische Variabilität (Heterozygotie)	161	Polydaktylie	172
3. Katze	162	Polyzystische	
3.1 Erbkrankheiten bei der Katze	162	Nierenerkrankung (PKD)	173
α-Mannosidose (AMD)	162	Polyzystische	
Acrodermatitis enteropathica (AE)	162	Nierenerkrankung (PKD2)	173
Autoimmunes lymphoproliferatives Syndrom (ALPS)	163	Primäres erbliches	
Atherosklerose (ATH)	163	Glaukom (PCG)	174
Blauäugigkeit	163	Progressive Retinaatrophie (PRA)	174
Congenitale Hypothyreose (CH)	164	Progressive Retinaatrophie (b-PRA)	174
Congenitales myasthenes Syndrom (CMS)	164	Progressive Retinaatrophie (pd-PRA)	174
Cystinurie	165	Progressive Retinaatrophie (rdy-PRA)	176
		Pyruvakinase-Defizienz (PK)	176
		Skeletale Dysplasie (SD)	177
		Spinale Muskelatrophie (SMA)	177
3.2 Fellfarbe und Haarlänge	178		
bei der Katze			
Fellfarbe	178		
Agouti	178		
Farbvariante Agouti	178		
Farbvariante Charcoal	178		
Farbvariante Tabby (Mackerel, Blotched)	179		

Farbvariante Gold (Kupfer/Sunshine)	179	Erbliche Myotonie	193
Braun	180	Foal Immunodeficiency Syndrome (FIS)	193
Fellfarbe Chocolate und Cinnamon	180	Glycogen-Branching-Enzym- Defizienz (GBED)	193
Fellfarbe Rot	181	Hereditäre equine regionale dermale Asthenie (HERDA)	194
Colourpoint	181	Hoof Wall Separation Disease (HWS)	194
Farbvariante Siam und Burma	181	Hydrocephalus	195
Farbvariante Snow	182	Hyperkaliämische periodische Paralyse (HYPP)	195
Farbvariante Albino	182	Idiopathic hypocalcaemia	196
Dilution	182	Immune Mediated Myositis & MYH1 Myopathy (MYHM)	197
Farbverdünnung Dilution	182	Junctional Epidermolysis Bullosa (JEB1)	197
Extension	183	Junctional Epidermolysis Bullosa* (JEB2)	198
Fellfarbe Amber	183	Lavender Foal Syndrome (LFS)	198
Fellfarbe Russet	183	Nachtblindheit* (CSNB2)	198
Fellfarbe Copal	183	Naked Foal Syndrome (NFS)	199
White	184	Occipitoatlantoaxial Malformation* (OAAM)	199
White Spotting und Dominant White	184	Ocular Squamous Cell Carcinoma (SCC)	200
Haarlänge/Felltyp	184	Polysaccharid-Speicher- Myopathie Typ 1 (PSSM)	200
Haarlänge – Kurzhaar/Langhaar	184	Schwere kombinierte Immundefizienz (SCID)	201
Felltyp Sphynx/Devon Rex	185	Skeletttatavismus* (SA)	201
Felltyp Curly bei der Selkirk Rex	186	Tödlicher weißer Overodefekt (OLWS)	202
3.3 Genetische Blutgruppe	186	Warmblood Fragile Foal Syndrome (WFFS)	202
3.4 Paket LABOGenetics	187	Zwergwuchs	203
XXL Katze	187	Zwergwuchs (ACAN; Chondrodysplasie)	204
3.5 DNA-Profil bei der Katze	188	4.2 Fellfarbe und Haarstruktur beim Pferd	205
DNA-Profil (ISAG 2006) Katze	188	Fellfarbe	205
Premium SNP DNA-Profil (ISAG 2020)	189	Agouti (Braun/Rappe)	205
4. Pferd	190	Appaloosa Pattern 1 (PATN1)	205
4.1 Erbkrankheiten beim Pferd	190	Brindle 1	206
Androgeninsensitivitätssyndrom (AR1)	190	Camarillo White W4 *	206
Androgeninsensitivitätssyndrom*	190	Champagne	207
(AR2, AR3, AR4, AR5)	190		
Cerebelläre Abiotrophie (CA)	191		
Distichiasis*	191		
Equine juvenile spinozerebelläre Ataxie (EJSCA)	192		
Equine maligne Hyperthermie (EMH)	192		

Cream	207	6. Rassezuordnung bei Hund und Katze	223
Dominant White W5, W10, W13, W20, W22*	207	6.1 Möglichkeiten und Grenzen der genetischen Rassezuordnung	223
Dun	208	6.2 Hund	224
Fuchsfarben	209	6.3 Katze	224
Graying*	209	6.4 Material	225
Incontinentia pigmenti (Hyperpigmentierung)	210	6.5 Durchführung	225
Leopard complex (Tigerschecken-Komplex)	210	7. Tierartendifferenzierung	226
Mushroom	211	Anwendungsbeispiele	226
Pearl	211	Autounfall – zahlt die Versicherung?	226
Roan Zygosity*	212	Macht Nachbars Katze bei uns in den Garten?	226
Sabino-1	212	Wilddiebe am Werk?	227
Silver (Windfarbgen)	213	Echtes Fell oder Plastik?	227
Snowdrop	213	Etablierung der Methodik	227
Splashed White (SW 1-4)	213	Grenzen	228
Splashed White (SW 5-8)*	214	Rassenverzeichnis	229
Sunshine	215	Hund	229
Tiger Eye*	215	Katze	255
Tobiano	216	Pferd	260
Haarstruktur beim Pferd	216	Stichwortverzeichnis	264
Curly	216		
4.3 Performance	217		
Größentest	217		
Speed-Gen*	217		
SynchroGait (DMRT3)	218		
Tractability	219		
4.4 DNA-Profil (ISAG 2006) Pferd	220		
5. DNA-Profil und Abstammungsgutachten	221		
Material und Testdauer	221		
Abstammung – beide Elternteile vorhanden	221		
Abstammung – nur ein Elternteil vorhanden	222		
Abstammung – nur Geschwister vorhanden	222		

So erreichen Sie uns

Laborstandorte

LABOKLIN Deutschland

Steubenstraße 4
97688 Bad Kissingen

Tel.: +49 971 7 20 20
E-Mail: info@laboklin.com

LABOKLIN Österreich

Paul-Hahn-Straße 3
BT-D / 1. Stock
4020 Linz

Tel.: +43 732 717 24 20
E-Mail: labor.linz@laboklin.com

LABOKLIN Schweiz

Max-Kämpf-Platz 1
Postfach
4002 Basel

Tel.: +41 61 319 60 60
E-Mail: labor.basel@laboklin.ch

LABOKLIN Großbritannien

Labor: Batt Laboratories Ltd,
The Venture Centre,
University of Warwick Science Park
Sir William Lyons Road,
Coventry CV4 7EZ

Tel.: +44 024 7632 3275
E-Mail: admin@battlab.com

Büro: Laboklin (UK)

Dr Mansour Makki, MRSB
Unit 20 Wheel Forge Way
Trafford Park, Manchester
M17 1EH

Tel.: +44 161 282 3066
E-Mail: info@laboklin.co.uk

LABOKLIN Niederlande

Industriestraat 29
6433 JW Hoensbroek

Tel.: +31 85 48 90 580
E-Mail: service.nl@laboklin.com

LABOKLIN Polen

ul. Mehoffera 53A
03-131 Warszawa

Tel.: +48 22 691 93 10
E-Mail: lab.warszawa@laboklin.pl

LABOKLIN Slowakische Republik
Líšcie údolie 57
84231 Bratislava

Tel.: +421 232 339 020
E-Mail: labor.ba@laboklin.com

LABOKLIN Spanien
Polígono Industrial de Alcobendas
Avenida de la Industria 4, Edificio 3
Planta 1a Oficina A
28108 Alcobendas (Madrid)

Tel.: +34 914 671 531
Tel.: +34 644 030 557
E-Mail: contacto@laboklin.com

Büros

LABOKLIN Argentinien/Lateinamerika E-Mail: latam@laboklin.com

LABOKLIN Belgien Tel.: +32 13 48 05 05 (NL)
Tel.: +33 967 32 85 80 (FR)
E-Mail: belgique@laboklin.com

LABOKLIN Dänemark Tel.: +45 66 22 20 20
E-Mail: danmark@laboklin.com

LABOKLIN Estland Tel.: +372 58 22 96 44
E-Mail: info@laboklin.ee

LABOKLIN Finnland Tel.: +358 50 505 2020
E-Mail: finland@laboklin.com

LABOKLIN Frankreich Tel.: +33 9 67 32 85 80
E-Mail: labo.france@laboklin.com

LABOKLIN Griechenland Tel.: +30 698 001 1206
E-Mail: greece@laboklin.com

LABOKLIN Irland	Tel.: +353 19 02 68 06 E-Mail: ireland@laboklin.com
LABOKLIN Island	E-Mail: island@laboklin.com
LABOKLIN Italien	Tel.: +39 051 021 68 92 Tel.: +39 392 033 45 86 E-Mail: italia@laboklin.com
LABOKLIN Kroatien	Tel.: +385 91 11 22 121 E-Mail: service.hr@laboklin.com
LABOKLIN Lettland	Tel.: +370 6122 2020 E-Mail: latvija@laboklin.com
LABOKLIN Litauen	Tel.: +370 6122 2020 E-Mail: lietuva@laboklin.com
LABOKLIN Luxemburg	Tel.: +49 971 7202 0 E-Mail: lux@laboklin.com
LABOKLIN Norwegen	Tel.: +47 9946 2020 E-Mail: norge@laboklin.com
LABOKLIN Portugal	E-Mail: contacto@laboklin.com
LABOKLIN Rumänien	Tel.: +40 750 714 982 E-Mail: romania@laboklin.com
LABOKLIN Schweden	Tel.: +46 723 73 2020 E-Mail: sverige@laboklin.com
LABOKLIN Slowenien	Tel.: +385 91 11 22 121 E-Mail: slovenia@laboklin.com
LABOKLIN Tschechische Republik	Tel.: +420 730 105 024 E-Mail: czech@laboklin.com
LABOKLIN Türkei	Tel.: +90 540 600 80 80 E-Mail: turkiye@laboklin.com

LABOKLIN Ukraine

Tel.: +380 63 607 70 50

Tel.: +380 67 757 50 55

E-Mail: laboklin@ukr.net

LABOKLIN Ungarn

E-Mail: magyar@laboklin.com

LABOKLIN Zypern

E-Mail: cyprus@laboklin.com

Andere Länder

E-Mail: info@laboklin.com

Genetische Untersuchungen – Probenentnahme

Als Probenmaterial für den molekulargenetischen Nachweis von Erbkrankheiten, für Abstammungsanalysen sowie für die genetische Bestimmung von Fellfarben und Blutgruppen eignen sich **EDTA-Vollblutproben (ca. 1 ml)**.



EDTA-Blut ist das am besten geeignete Probenmaterial. Es ist unbedingt erforderlich, dass als Gerinnungshemmer EDTA verwendet wird. Lithium-Heparin oder Citrat sind als Antikoagulantien ungeeignet, da sie die nachfolgende Polymerase-Kettenreaktion (PCR) inhibieren können. In sehr seltenen Fällen können auch transportbedingte Hämolyse oder extremer Stress bei der Probenentnahme dazu führen, dass kein Ergebnis erzielt werden kann. Der Anteil nicht auswertbarer Blutproben liegt mit < 1 % allerdings extrem niedrig.

Alternativ dazu können bei Hund und Katze Abstriche von der Maulschleimhaut, sog. **Backenabstriche**, verwendet werden. Hierfür eignen sich entweder Trocken-tupfer (ohne Transportmedium) oder Spezial-Abstrichtupfer. Pro Tier sollten zwei Backenabstriche (Trockentupfer) bzw. ein Backenabstrich (Spezial-Abstrichtupfer) entnommen werden. Für die Erstellung von DNA-Profilen bzw. Abstammungsgutachten bei Hund und Katze empfehlen wir aber immer die Einsendung einer **Blutprobe**. Für LABOGenetics XXL Hund und Katze eignen sich nur Blutproben oder Spezialabstriche (keine Trocken-tupfer). Beim Pferd sind für alle genetischen Untersuchungen auch ca. **20 Haarwurzeln** von Mähnen- oder Schweifhaaren zur DNA-Isolierung geeignet. Bitte Haarproben adäquat verpacken (zum Beispiel in einem Briefumschlag pro Pferd) und entsprechend beschriften, da diese sonst nicht händelbar sind.



Backenabstriche, häufig fälschlicherweise auch als Speichelproben bezeichnet, sind ein für Gtentests bei Hund und Katze gut geeignetes Probenmaterial, sofern eine korrekte Abnahme unter Einhaltung nachfolgender Regeln erfolgt:

1. Das Tier sollte ca. 1 – 2 Stunden vor Abstrichtentnahme nichts gefressen haben oder gesäugt worden sein. Außerdem empfiehlt es sich, das Tier in diesem Zeitraum von Artgenossen und anderen Tieren getrennt zu halten.
2. Tragen Sie bei der Probenentnahme entweder Handschuhe, die Sie nach jedem Tier wechseln, oder waschen Sie sich nach jedem Tier die Hände.
3. Die Röhrchen mit den Abstrichtupfern sollten längsseitig mit den mitgelieferten Barcodes beklebt und zusätzlich mit eindeutigen Angaben (z. B. Name des Tieres) beschriftet werden.
Der Barcode muss auch auf den Untersuchungsauftrag neben das entsprechende Tier geklebt werden. Überzählige Barcodes können verworfen werden.

4. Nehmen Sie den Tupfer und bürsten Sie kräftig an der Backeninnenseite, um genügend Zellen an den Tupfer zu bekommen.
5. **Trockentupfer:** Für jedes Tier sind **zwei** Abstrichtupfer vorgesehen. Tupfer je in das dazugehörige Röhrchen geben, Deckel aber erst nach 1 – 2 Stunden vollständig verschließen (Tupfer sollen trocknen).
Spezial-Abstrichtupfer: Für jedes Tier ist **ein** Spezial-Abstrichtupfer vorgesehen. Halten Sie das Röhrchen aufrecht und schrauben Sie die Kappe ab. Vermeiden Sie jeglichen Kontakt mit der Flüssigkeit. Bei Berührung mit der Haut sofort mit viel Wasser abspülen. Führen Sie den Tupfer nach der Probenahme in das Röhrchen. Brechen Sie ihn an der Sollbruchstelle ab, setzen Sie die Kappe wieder auf, verschließen Sie das Röhrchen fest und geben Sie es in die mitgelieferte Laboklin-Umverpackung.
6. Schicken Sie das Probenmaterial zusammen mit dem Untersuchungsauftrag so bald wie möglich zu uns. Bitte verwenden Sie Plastik- oder gepolsterte Umschläge.

Da bei den Schleimhautabstrichen weniger Zellmaterial zur Verfügung steht als bei Blutproben, gelingt es nicht immer, aus Backenabstrichen ausreichend DNA für eine genetische Untersuchung zu isolieren. Dies kann bei ca. 5 % der eingesendeten Backenabstriche vorkommen. In diesem Falle wäre die Neueinsendung von EDTA-Blut ratsam.

Haarwurzeln können beim Pferd für die Durchführung von genetischen Untersuchungen verwendet werden. Dafür werden ca. 20 ausgezogene Mähnen- oder Schweifhaare benötigt. Diese können z.B. in kleine Plastiktüten oder in Briefumschläge verpackt versendet werden. Dabei ist unbedingt darauf zu achten, dass die Haare in einem vom Auftragsformular getrennten Umschlag, der verschlossen ist, zur Einsendung kommen.

Falls die Durchführung von Gtentests aus anderen als den oben genannten Probenmaterialien gewünscht ist, setzen Sie sich bitte vor Probeneinsendung mit uns in Verbindung.

Durchführung

Bitte senden Sie uns die Probe immer zusammen mit einem Untersuchungsauftrag zu. Die Befundübermittlung erfolgt wahlweise per Post, Fax oder Email.

Zuchtverbandsrabatte können nur gegen Vorlage einer Kopie der Mitgliedsbescheinigung bei jeder Einsendung gewährt werden. Eine nachträgliche Rabattierung ist aus verwaltungstechnischen Gründen nicht möglich.

Einelnachweise und Pakete

Zusätzlich zu den Einelnachweisen bieten wir auch verschiedene rassespezifische Pakete zu Erbkrankheiten und Fellmerkmalen für Hunde, Katzen und Pferde an. Außerdem können Hunde anhand unserer Symptomkomplex-Pakete rasseunabhängig auf die bekannten Erbkrankheiten innerhalb eines speziellen Symptomkomplexes hin untersucht werden. Falls Sie einen umfassenden Überblick über den genetischen Status Ihres Hundes bzw. Ihrer Katze erhalten möchten, bieten unsere neuen Pakete LABOGenetics XXL ein umfangreiches, kostengünstiges Screening zu Erbkrankheiten, genetischen Risikofaktoren und Fellfarben/-merkmale.

Unsere Pakete bieten attraktive Preisvorteile und ermöglichen die kompakte Anforderung mehrerer Erkrankungen und genetischer Merkmale. Die Paketzusammstellungen werden kontinuierlich an neue Erkenntnisse angepasst. Auf unserer Webseite www.laboklin.com und im Labogen-Webshop www.labogen.com finden Sie stets die aktuellsten und am besten geeigneten Pakete.

1. Erbgänge

Erbkrankheiten sowie genetische Merkmale sind dadurch gekennzeichnet, dass die zugrunde liegenden veränderten Gene durch Vererbung an nachfolgende Generationen weitergegeben werden können, was die Ausprägung von Erbkrankheiten oder genetischen Merkmalen bei den Nachkommen bedingt.
Folgende Erbgänge werden dabei unterschieden:

1.1 Autosomal-rezessiver Erbgang

Für jedes Merkmal liegen im Genom 2 Genkopien vor. Je eine Kopie erhält das Tier von seinem Vater und von seiner Mutter. Wird eine Erkrankung (bzw. ein Merkmal) autosomal-rezessiv vererbt, kommt die entsprechende Erkrankung (bzw. das Merkmal) nur dann zur Ausprägung, wenn eine identische genetische Veränderung (Mutation) von beiden Elternteilen vererbt wurde, also beim Nachkommen in beiden Kopien eines bestimmten Gens auftritt. Die Elterntiere selbst müssen nicht zwangsläufig klinisch auffällig sein. Die autosomal-rezessiv vererbte Erkrankung tritt nicht unbedingt in jeder Generation auf und kann daher über Generationen hinweg unbemerkt weitergegeben werden.

Es existieren 3 Genotypen:

1. Genotyp N/N (frei):

Dieses Tier trägt die Mutation nicht und wird daher nicht an der mutationsbedingten Erbkrankheit erkranken. Es kann die Mutation nicht an seine Nachkommen weitergeben.

2. Genotyp N/mut (heterozygoter Träger):

Dieses Tier trägt eine Kopie des mutierten Gens. Da Träger die Erbanlage mit einer Wahrscheinlichkeit von 50 % an ihre Nachkommen weitergeben, sollte ein solches Tier nur mit einem mutationsfreien Tier verpaart werden. Bei der Verpaarung von 2 Trägern besteht die Gefahr, dass die Nachkommen von der Erkrankung betroffen sind (Wahrscheinlichkeit 25 %).

Aufgrund des autosomal-rezessiven Erbgangs erkranken Trägertiere in der Regel selbst nicht. Die Existenz von Trägern in einer gesunden Population erhöht die Variabilität des gesamten Genpools, weshalb diese nicht kategorisch von der Zucht ausgeschlossen werden sollten. Eine Verpaarung sollte jedoch immer nur mit mutationsfreien Tieren erfolgen, sodass keine homozygot betroffenen Tiere entstehen können.

3. Genotyp mut/mut (homozygot betroffen):

Dieses Tier trägt 2 Kopien des mutierten Gens und hat ein sehr hohes Risiko an der Erbkrankheit zu erkranken. Es gibt die Mutation zu 100 % an seine Nachkommen weiter und sollte, wenn überhaupt, nur mit einem mutationsfreien Tier verpaart werden.

1.2 Autosomal-dominanter Erbgang

Bei der autosomal-dominanten Vererbung kann bereits eine Kopie des veränderten Gens auf einem der homologen Chromosomen zum Auftreten der Erkrankung führen.

Es existieren drei Genotypen:

1. Genotyp n/n (frei):

Dieses Tier trägt die Mutation nicht und wird daher nicht an der mutationsbedingten Erbkrankheit erkranken. Es kann die Mutation nicht an seine Nachkommen weitergeben.

2. Genotyp n/Mut (heterozygot betroffen):

Dieses Tier trägt eine Kopie des mutierten Gens. Beim autosomal-dominanten Erbgang ist bereits eine Kopie des mutierten Gens ausreichend, um die betreffende Erbkrankheit oder ein Merkmal hervorzurufen. Bei allen (klinisch auffälligen) heterozygoten Tieren ist mindestens ein Elternteil auch Merkmalsträger.

Ein Merkmalsträger gibt die Mutation mit einer Wahrscheinlichkeit von 50 % an seine Nachkommen weiter.

3. Genotyp Mut/Mut (homozygot betroffen):

Dieses Tier trägt 2 Kopien des mutierten Gens. Bei einigen Erbkrankheiten sind diese homozygot betroffenen Individuen gar nicht lebensfähig und sterben bereits nach der Geburt oder bereits als Embryo. Bei homozygot betroffenen Tieren waren beide Elterntiere (klinisch auffällige) Merkmalsträger, daher kommt dieser Phänotyp nur sehr selten vor. Wenn 2 homozygot betroffene Tiere verpaart werden, geben sie die betreffende Mutation zu 100 % an ihre Nachkommen weiter.

1.3 Gonosomaler Erbgang

Dem gonosomalen oder geschlechtsgebundenen Erbgang liegt eine Mutation auf einem der Geschlechtschromosomen zugrunde. In den meisten Fällen ist das X-Chromosom betroffen, da das Y-Chromosom nur sehr wenige Gene enthält.

Man unterscheidet:

X-chromosomal-dominanter Erbgang:

Männliche Tiere, die die betreffende Mutation auf dem X-Chromosom tragen, sind immer von der Erkrankung betroffen. Weibliche Tiere, die heterozygot sind, also eine dominant vererbte Mutation auf einem ihrer beiden X-Chromosomen besitzen, erkranken aufgrund des dominanten Erbgangs in der Regel ebenfalls.

X-chromosomal-rezessiver Erbgang:

Männliche Tiere, deren X-Chromosom die genetische Veränderung trägt, sind immer von der Erkrankung betroffen, da sie nur über ein X-Chromosom (von der Mutter stammend) verfügen. Weibliche Tiere können dagegen nur erkranken, wenn beide X-Chromosomen von der Mutation betroffen sind. Ist nur ein X-Chromosom betroffen, sind weibliche Tiere Überträgerinnen (Konduktorinnen) und geben die Mutation mit 50 % Wahrscheinlichkeit an ihre Nachkommen weiter, ohne selbst zu erkranken.

1.4 Mutationen und phänotypische Ausprägung

Folgende Faktoren beschreiben den Unterschied zwischen dem Vorliegen einer Mutation und dem Auftreten des korrespondierenden klinischen Bildes einer Erbkrankheit:

Penetranz

Der Begriff Penetranz gibt den Anteil der Träger der Mutation an, die auch tatsächlich den mit der Mutation assoziierten Phänotyp entwickeln. Man unterscheidet zwischen vollständiger Penetranz, bei der es immer zur Ausprägung bzw. Manifestation eines Merkmals kommt, und einer unvollständigen oder variablen Penetranz, bei der sich trotz des vorhandenen Genotyps die Merkmale des zugehörigen Phänotyps nicht in jedem Fall manifestieren.

Expressivität

Der Begriff Expressivität beschreibt den Grad der Ausprägung eines genetisch bedingten Merkmals beim einzelnen Individuum.

2. Hund

2.1 Erbkrankheiten beim Hund

Achromatopsie (Tagblindheit) (ACHM)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methoden	Sequenzierung
Rasse	Deutscher Schäferhund, Labrador Retriever
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Achromatopsie (ACHM) ist eine Erkrankung, bei der die für das Farbsehen verantwortlichen Zapfenzellen der Retina nicht richtig gebildet werden. Diese Zellen sind für das Sehen bei hellem Tageslicht wichtig, weshalb die Krankheit auch „Tagblindheit“ genannt wird. Erste Symptome zeigen betroffene Hunde bereits mit 8 – 10 Wochen.

Die Hunde sind nicht imstande, bei Tageslicht zu sehen. Sie vermeiden grelles Licht, da es Schmerzen verursachen kann. Bei schwachen Lichtverhältnissen ist das Sehvermögen nicht beeinträchtigt und vergleichbar mit dem gesunder Hunde.

Adipositas (ADI)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methoden	Fragmentlängenanalyse
Rasse	Flat Coated Retriever, Labrador Retriever
Erbgang	bisher unbekannt
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die Neigung zu Adipositas variiert zwischen verschiedenen Hunderassen, was neben zahlreichen Umwelteinflüssen wie mangelnder Bewegung und kalorienreicher Fütterung auf einen Einfluss genetischer Faktoren hindeutet. Beim Labrador Retriever und dem Flat Coated Retriever wurde eine POMC (Pro-Opiomelanocortin)-Mutation gefunden, welche die Produktion der Peptide β -MSH und β -Endorphin zum Erliegen bringt. β -MSH und β -Endorphin sind beide an der Energie-Homöostase beteiligt. Die POMC-Mutation geht mit einem höheren Körpergewicht, Adipositas und einer gesteigerten Motivation bei Belohnung mit Futter einher. Die Mutation wurde besonders häufig bei Assistenz- und Begleithunden gefunden. Neben dem Labrador Retriever und dem Flat Coated Retriever wurde die POMC-Mutation bislang in keiner weiteren Rasse gefunden.

Afibrinogenämie (AFG)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Dackel
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Verzögerte Blutgerinnung, Blutungen der Schleimhäute oder in den Gelenken sowie Hämatome sind typische Anzeichen einer Koagulopathie (Gerinnungsstörung). Diese kann bei Operationen, Verletzungen oder aber auch spontan zu unkontrollierten, schweren Blutungen führen.

Beim Dackel kann eine genetische Variante des Fibrinogen-Alpha-Kette-Gens (FGA) mit Afibrinogenämie assoziiert werden, einer schweren Form der Gerinnungsstörung. Afibrinogenämie ist durch die Abwesenheit des Gerinnungsfaktors I (Fibrinogen) charakterisiert; einem Glykoprotein, das eine wichtige Rolle beim finalen Schritt der Gerinnungskaskade spielt.

Betroffene Hunde zeigen bei verschiedenen Gerinnungstests (PT, PTT, TT) eine extrem verzögerte Gerinnung; die Aktivität der Faktoren II, V, VII und X sowie die Thrombozytenzahl sind jedoch normal.

Akatalasämie

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Beagle
Erbgang	wahrscheinlich autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Akatalasämie wird verursacht durch das Fehlen des Enzyms Katalase, das wichtig ist für die zelluläre Abwehr von oxidativem Stress. Betroffene Hunde leiden unter Gewebsnekrosen im Maul. Diese Erkrankung wurde in einer Laborkolonie von Beaglen entdeckt und dient als Tiermodell für die Takahara-Krankheit beim Menschen.

Akrales Mutilationssyndrom (AMS)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Deutsch Kurzhaar, Englischer Pointer, English Cocker Spaniel, English Springer Spaniel, Französischer Spaniel
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Das akrale Mutilationssyndrom ist durch eine sensorische Neuropathie der peripheren Körperteile, also der Gliedmaßen und Zehen, gekennzeichnet. Betroffene Welpen zeigen eine Insensitivität gegenüber Schmerz in ihren distalen Extremitäten. Häufig wird die Krankheit allerdings nicht vor einem Alter von circa 4 Monaten erkannt, denn zu diesem Zeitpunkt beginnen die Welpen, sich an den Pfoten und Zehen zu lecken, beißen oder sogar selbst zu verletzen. Die Propriozeption, motorischen Fähigkeiten und spinalen Reflexe bleiben dabei intakt. Zudem zeigt sich die Schmerzempfindung oberhalb der Knie zunehmend normal. Manche betroffenen Welpen weisen nur eine Schmerzunempfindlichkeit in den distalen Extremitäten auf, ohne sich dabei selbst zu verletzen, was die Diagnose erschwert.

Akutes Lungenversagen (ARDS)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Dalmatiner
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

In der Rasse Dalmatiner wurde eine familiäre juvenile Atemwegserkrankung gefunden, die dem akuten Atemwegssyndrom (ARDS) beim Menschen ähnelt. Die autosomal-rezessiv vererbte Erkrankung wird durch eine Mutation im ANLN-Gen bedingt. Das ANLN-Protein wird hauptsächlich in der Lunge exprimiert und spielt eine wichtige Rolle bei der Zellteilung und der Ausbildung von Zell-Zell-Verbindungen der Epithelzellen. Die klinischen Symptome von ARDS beim Dalmatiner sind erhöhte Atemfrequenz (Tachypnoe), Atemnot (Dyspnoe) und pulmonale Läsionen. Bei einigen betroffenen Welpen wurden ebenfalls renale Aplasie und Hydrocephalus beschrieben. Die ersten Anzeichen der Erkrankung treten typischerweise im Alter von 5 – 10 Monaten auf. Die betroffenen Welpen müssen meist etwa 1 – 6 Wochen nach dem Auftreten der ersten Symptome euthanasiert werden. Die beschriebene Mutation wurde bislang nur bei der Rasse Dalmatiner nachgewiesen.

Alaskan-Husky-Enzephalopathie (AHE)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Husky
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Die Alaskan-Husky-Enzephalopathie (AHE) ist eine bereits bei Welpen tödlich verlaufende Erkrankung. Beim Menschen umfasst das Leight-Syndrom (LS) eine Gruppe von Krankheiten mit ähnlichem Verlauf und variablen klinischen Symptomen. Betroffene Hunde zeigen vor allem Verhaltensstörungen und zentralnervöse Ausfälle wie Schluckstörung, fehlende Reaktionsfähigkeit, Schmerzunempfindlichkeit, Blindheit, Bewegungs- und Koordinationsstörungen sowie Ataxie und Lähmungen. Im Unterschied zum LS beim Menschen ist die AHE beim Hund keine primäre mitochondriale Enzephalopathie. Sie wird ursächlich von einer genetischen Veränderung eines Thiamintransporters ausgelöst.

Alaskan-Malamute-Polyneuropathie (AMPN)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Alaskan Malamute
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Bei der Polyneuropathie beim Alaskan Malamute kommt es zu einer Unterversorgung der peripheren Nervenfasern und folglich zu einer Nervendegeneration. Aufgrund der fehlenden Stimulation der Muskulatur durch das periphere Nervensystem wird diese sukzessive abgebaut. Zugrunde liegt beim Alaskan Malamute eine Punktmutation, die sich von der ursächlichen Mutation beim Greyhound unterscheidet.

Die ersten klinischen Anzeichen zeigen sich in den ersten zwei Lebensjahren. Symptome sind v.a. fortschreitende Muskelschwäche, geringe Belastbarkeit, Reflexausfälle und eine Ataxie aller Gliedmaßen, später Verlust des Stehvermögens. Aufgrund einer fortschreitenden Lähmung des Kehlkopfes kommt es zu Atemproblemen und heiserem Bellen. Das Allgemeinbefinden ist unbeeinträchtigt. Häufig wird die Erkrankung aufgrund von ähnlichen Symptomen bei anderen neurologischen Problemen nicht oder falsch diagnostiziert.

Alexander-Krankheit (AxD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Labrador Retriever
Erbgang	autosomal-dominant
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die Alexander-Krankheit ist eine tödliche neurodegenerative Erkrankung beim Menschen, die durch eine Astrozytenfunktionsstörung gekennzeichnet ist. Die Alexander-Krankheit wird meist durch eine Mutation des Intermediärfilament-Proteins GFAP (glial fibrillary acid

protein) verursacht. Eine vergleichbare Erkrankung konnte bei einem Labrador Retriever beobachtet werden. Der Hund entwickelte eine progressiv verlaufende Tetraparese mit einer spastischen Haltung der vorderen Gliedmaßen und einem abgeflachten Brustkorb. Später wurden bei dem Hund myoklonische Zuckungen in der Kopf- und Halsregion, fehlender Patellarreflex, Schwäche an allen Gliedmaßen und milder generalisierter Muskelschwund sichtbar. Der Welpe wurde im Alter von 4,5 Monaten euthanasiert.

Amelogenesis imperfecta/Familiäre Zahnschmelzhypoplasie (AI/FEH)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay (1), Sequenzierung (2)
Rasse	Akita (1), Amerikanischer Akita (1), Italienisches Windspiel (1), Parson Russell Terrier (2), Samojede (2)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage: Akita, Amerikanischer Akita, Italienisches Windspiel; 1 – 2 Wochen: Parson Russell Terrier, Samojede

Erkrankung

Die Amelogenesis imperfecta (AI) oder familiäre Zahnschmelzhypoplasie (FEH) ist eine erblich bedingte Unterentwicklung des Zahnschmelzes. Ursache ist eine rezessive Mutation im ENAM-Gen, die die Bildung des Zahnschmelzbestandteils Enamelin verhindert. Betroffene Tiere haben schmale, spitze Zähne mit braunem, dünnem Zahnschmelz.

Brachyurie (Stummelrute)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Australian Shepherd, Australian Stumpy Tail Cattle Dog, Berger de Savoie, Bourbonnaiser Vorstehhund, Ardennen-Treibhund, Brasilianischer Terrier, Bretonischer Spaniel, Dansk-Svensk Gards-hund, Jack Russell Terrier, Karelischer Bärenhund, Kroatischer Schäferhund (Hrvatski Ovčar), Miniature American Shepherd, Mudi, Österreichischer Pinscher, Polnischer Niederungshüte-hund (PON), Pyrenäen Schäferhund, Schipperke, Schwedischer Wallhund (Västgötaspets), Spanischer Wasserhund, Welsh Corgi Cardigan, Welsh Corgi Pembroke
	Bei folgenden sechs Rassen korreliert die Mutation nicht mit dem Auftreten einer Stummelrute: Boston Terrier, English Bulldog, Cavalier King Charles Spaniel, Parson Russell Terrier, Rottweiler, Zwergschnauzer
Erbgang	autosomal-dominant
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Vielen Hunderassen verleiht die Länge der Rute ihr charakteristisches Aussehen. Das Kupieren eines Hundes ist in Deutschland seit 1998 verboten. Auch das Ausstellen und die Teilnahme an Veranstaltungen, bei denen diese Hunde verglichen, geprüft oder beurteilt werden, ist gemäß Tierschutzhundeverordnung nicht mehr erlaubt. Die DNA-Analyse erlaubt den Nachweis, ob die Stummelrute natürlichen Ursprungs ist. Das Vorhandensein von zwei Brachyurie-Allelen (homozygoter Genotyp) ist während der Embryogenese letal. Daher ist die Größe des Wurfes bei einer Verpaarung zweier stummelschwänziger Hunde im Vergleich zu einer Verpaarung zweier langschwänziger Hunde verringert.

C3-Defizienz

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Bretonischer Spaniel
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die dritte Komponente des Komplementsystems (C3) ist ein wichtiger Faktor für die Immunabwehr des Körpers zur Bekämpfung von Mikroorganismen wie Bakterien, Pilzen und Parasiten. Durch eine Mutation im C3-Gen wird die vollständige Bildung von C3 verhindert und die Abwehrkaskade unterbrochen. Betroffene Hunde neigen zu erhöhter Empfänglichkeit für bakterielle Infektionen wie z.B. Glomerulonephritiden.

Canine Leukozyten-Adhäsionsdefizienz (CLAD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Irish Red and White Setter, Irish Red Setter
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Canine Leukozyten-Adhäsionsdefizienz (CLAD) ist eine in der Regel tödlich verlaufende erbliche Immunschwäche. Der Erkrankung liegt eine Mutation des Oberflächenmoleküls CD18 auf den Leukozyten zugrunde. Dadurch sind wichtige Funktionen des Immunsystems wie die Phagozytose gestört. Aufgrund der Immundefizienz zeigen betroffene Welpen häufiger schwere Infektionen wie Nabelentzündungen, Gingivitiden, Tonsillitiden und oft chronische Dermatitiden. Im Alter von etwa 8 – 12 Wochen kommen häufig Gelenkentzündungen hinzu; es kommt zur Gelenkschwellung und die Tiere zeigen den für CLAD typischen schwankenden Gang. Auch ein Anschwellen der Kieferknochen wird häufig beschrieben.

Canine multifokale Retinopathie (CMR1/2/3)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung (1) bzw. Sequenzierung (2)
Rasse	American Bulldog (2), Australian Shepherd (2), Boerboel (2), Bordeauxdogge (2), Bullmastiff (2), Cane Corso Italiano (2), Coton de Tuléar (1), Englische Bulldogge (2), Finnischer Lapphund (2), Französische Bulldogge (2), Lappländischer Rentierhund (2), Mastiff (2), Miniature American Shepherd (2), Presa Canario (2), Pyrenäen-Berghund (2), Schwedischer Lapphund (2)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen (1) bzw. 1 – 2 Wochen (2)

Erkrankung

Die canine multifokale Retinopathie (CMR) ist eine erbliche Erkrankung, bei der die Netzhaut multiple Läsionen aufweist. Der genaue Verlauf der Erkrankung ist noch nicht vollständig geklärt und dazu bei verschiedenen Rassen unterschiedlich.

Meist zeigen sich erste Symptome bereits im Alter von 4 Monaten. Die Krankheit entwickelt sich anschließend nur langsam. In einigen Fällen verschwinden die Läsionen der Retina und treten zu einem späteren Zeitpunkt erneut auf. Die Symptomatik einer CMR wird noch immer erforscht. Beeinträchtigung des Sehvermögens oder Sehstörungen sind für betroffene Tiere nicht beschrieben.

Canine multiple Systemdegeneration (CMSD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Chinese Crested Dog, Kerry Blue Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die canine multiple Systemdegeneration (CMSD) wurde zuerst beim Kerry Blue Terrier beschrieben, kommt aber auch beim Chinese Crested Dog (Chinesischer Schopfhund) vor. Die betroffenen Tiere entwickeln sich in den ersten 3 – 6 Monaten ihres Lebens normal. Danach zeigen sie Probleme in der Bewegungskoordination aufgrund krankhafter Veränderungen im Kleinhirn, was als cerebelläre Ataxie bezeichnet wird. Zuerst zeigt sich dies in Bewegungsstörungen des Kopfes und später der Beine. Die Tiere haben zunehmend Schwierigkeiten beim Laufen, fallen öfter um und verlieren mit der Zeit auch die Fähigkeit, stabil zu stehen. Im Alter von 1 – 2 Jahren müssen die Hunde meist euthanasiert werden.

Centronukleäre Myopathie (CNM)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay (1), Fragmentlängenanalyse (2)
Rasse	Deutsche Dogge (1), Deutscher Jagdterrier (1), Labrador Retriever (2)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage: Deutsche Dogge, Deutscher Jagdterrier; 1 – 2 Wochen: Labrador Retriever

Erkrankung

Die centronukleäre Myopathie (CNM) beim Labrador Retriever, früher auch bekannt als hereditäre Myopathie des Labrador Retrievers (HMLR), wurde erstmals in den 1970er Jahren beschrieben. Die CNM ist eine Erkrankung, bei der sich die Muskeln des Hundes nicht richtig entwickeln. Betroffene Hunde fallen durch fehlende Sehnenreflexe sowie geringere Gewichtszunahme als ihre Altersgenossen mit 4 Wochen auf. Offensichtliche Symptome für die CNM treten mit ca. 12 – 20 Wochen auf. Die Hunde zeigen generalisierte Muskelschwäche, abnormale Haltung, einen unbeholfenen Gang und Schwierigkeiten bei der Nahrungsaufnahme. Betroffene Tiere sind nur wenig belastbar und kollabieren schnell, wenn sie der Kälte ausgesetzt werden. Unter Belastung tritt Muskelatrophie auf, die teilweise auch die Kopfmuskeln betrifft. Bei der Deutschen Dogge verläuft die Erkrankung analog.

Beim Deutschen Jagdterrier wurde ebenfalls eine Mutation gefunden, die mit einer Myopathie assoziiert werden kann. Die Erkrankung wird bei dieser Rasse auch als Exercise Induced Metabolic Myopathy (EIMM) bezeichnet. Die EIMM beruht auf einem autosomal-rezessiv vererbten Defekt einer Acyl-CoA-Dehydrogenase (VLCAD) und somit des oxidativen Lipidmetabolismus, in dessen Folge eine ungenügende Energiegewinnung zu einer insuffizienten Muskelleistung führt. Betroffene Hunde leiden an einer belastungsabhängigen Schwäche, schweren Muskelschmerzen, Muskelzellnekrosen und Myoglobinurie (Ausscheidung dunkelbraunen Urins) während bzw. nach Anstrengung. Daher wird der Einsatz dieser Hunde zur Jagd nicht empfohlen, da sie bei Anstrengung kollabieren und ca. 30 – 120 Minuten nach dem Training eine Tetraparese bis hin zu einer Tetraplegie entwickeln können. Blutuntersuchungen weisen aufgrund der Muskelschädigungen eine erhöhte Aktivität der Kreatinkinase (CK) und Alanin-Aminotransferase (ALT) sowie eine stark erhöhte Konzentration der langkettigen Fettsäure C14:1 auf. Erste Symptome bei dieser Hunderasse sind ab einem Alter von 7 – 24 Monaten beschrieben.

Cerebelläre Ataxie* (CA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Partnerlabor
Rasse	Spinone Italiano
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	4 – 6 Wochen

Erkrankung

Die cerebelläre Ataxie beim Spinone Italiano ist eine progressive, neurodegenerative Erkrankung, die das Cerebellum (Kleinhirn) betrifft. Dieser Teil des Gehirns ist für die Koordination von Bewegungen verantwortlich. Typische Anzeichen der Erkrankung sind Hypermetrie (überschießende Bewegungen) und Hyperextensionen (Überstreckung), unkoordinierte Bewegungen (Ataxie), eingeschränkte Balance, Kopftremor sowie Nystagmus (Augenzittern). Die auffällige Gangweise beginnt i.d.R. ab einem Alter von 4 Monaten und verschlechtert sich immer weiter; die betroffenen Hunde sind im Alter von durchschnittlich einem Jahr nicht mehr im Stande aufzustehen und müssen eingeschläfert werden.

Die Erkrankung wird durch die Expansion einer repetitiven Basensequenz im ITPR1-Gen verursacht, welches für einen Calcium-Kanal kodiert und an einer Vielzahl an zellulären Prozessen, wie Zellteilung, synaptische Übertragung oder Genexpression, beteiligt ist. Mithilfe des Gентests kann die Erbkrankheit bei symptomatischen Hunden einfach diagnostiziert werden. Zudem können Trägertiere sicher identifiziert und durch die Wahl geeigneter Zuchtpartner die Entstehung betroffener Welpen vermieden werden.

Cerebelläre Ataxie (CA1)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse (1), Sequenzierung (2)
Rasse	Belgischer Schäferhund (1), Pyrenäen-Berghund (2)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei Belgischen Schäferhunden wurde eine autosomal-rezessiv vererbte Variante im RALGAPA1-Gen gefunden, welche die Cerebelläre Ataxie (CA1) verursacht. Die betroffenen Welpen entwickeln eine Funktionsstörung des Kleinhirns und sind im Vergleich zu gesunden Wurfgeschwistern weniger aktiv und aufmerksam. Die Welpen zeigen einen breiten Stand und einen ataktischen Gang, übertriebene Gangbewegungen sowie Stolpern, Schwanken und einen Tremor (Zittern) des Kopfes. Es können leichte propriozeptive Defizite festgestellt werden und die vestibulookuläre Reaktion erscheint normal bis reduziert. Klinische Untersuchungen von Liquor und Blut sind unauffällig. Erste Symptome von CA1 treten bereits in einem Alter von etwa 4 Wochen auf, wenn Aktivität und Mobilität der Welpen zunehmen.

In einigen Fällen waren die cerebellären Symptome langsam voranschreitend, sodass die Welpen aufgrund der Schwere der Symptome im Alter von 5 Wochen eingeschläfert werden mussten. In anderen Fällen blieben die klinischen Symptome stabil und die Hunde erreichten das Erwachsenenalter ohne eine offensichtliche Verschlechterung der Symptome.

Bei Pyrenäen-Berghunden wurde eine autosomal rezessiv vererbte Variante des SACS-Gens identifiziert, die eine Cerebelläre Ataxie verursacht. Erste klinische Anzeichen treten im Alter von ca. 4 Monaten auf und sind Un geschicklichkeit, unkoordinierte Bewegungen

und Schwierigkeiten beim Gehen auf glattem Untergrund. Betroffene Welpen scheuen sich davor, Treppen hinauf- oder hinunterzusteigen, und suchen beim Gehen häufig nach Zäunen und Wänden, an die sie sich anlehnen können. Wenn die Möglichkeit besteht, legen sie sich hin (z. B. beim Fressen). Die Symptome schreiten im Laufe der Zeit langsam voran und führen zu einer neuromuskulären Schwäche als vorherrschendem Symptom. Körperliche Aktivität führt nicht zu einer Verschlechterung der Beschwerden. Blutuntersuchungen zeigten keine Auffälligkeiten. MRT- und auch pathologische Untersuchungen ergaben eine auffällige Verkleinerung des Kleinhirns. Die meisten Hunde wurden aufgrund der Symptome im Alter von 4 – 7 Jahren eingeschläfert.

Cerebelläre Degeneration mit Myositis (CDMC)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Nova Scotia Duck Tolling Retriever
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei der Rasse Nova Scotia Duck Tolling Retriever wurde eine Mutation im Gen SLC25A12 identifiziert, die die genetische Erkrankung cerebelläre Degeneration mit Myositis (CDMC) verursacht. Bei betroffenen Hunden treten erste Symptome im Alter zwischen 10 Wochen und 6 Monaten auf. Zu den klinischen Anzeichen dieser Erkrankung gehören generalisierte Ataxie, Hypermetrie, verzögerte Bewegungen und Abnahme der Rückzieh-reflexe in allen vier Gliedmaßen. Einer der untersuchten betroffenen Hunde zeigte auch Kopftremor, andere wiesen generalisierte Muskelschwäche mit episodischem Kollaps, steifem Gang und „Kaninchenhoppeln“ auf. Die MRT-Untersuchung zeigte bilaterale symmetrische Läsionen im Kleinhirn und multifokale Läsionen in den Kaumuskeln. Biopsien ergaben eine lymphohistiozytäre Myositis und im Blut wurden erhöhte Serum-Kreatinkinase-Konzentrationen gemessen.

Cerebelläre Hypoplasie (CH)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Weißer Schweizer Schäferhund
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei der Rasse Weißer Schweizer Schäferhund wurde eine Mutation im RELN-Gen gefunden, die eine cerebelläre Hypoplasie (CH) verursacht, bei der sich das Kleinhirn nicht vollständig entwickelt. Betroffene Welpen waren bei Geburt klinisch unauffällig, nahmen dann aber nicht weiter an Gewicht zu und entwickelten ab einem Alter von etwa 2 Wochen eine fortschreitende Ataxie. Die Welpen hatten Schwierigkeiten beim

Stehen, konnten nicht geradlinig laufen oder sich an der Zitze festhalten, obwohl der Saugreflex normal war. Aufgrund der Schwere der Symptome mussten betroffene Hunde im Alter von 4 Wochen eingeschläfert werden. Die Autopsie ergab anatomische Anomalien im Gehirn, wobei die Tiere eine schwere cerebelläre Hypoplasie mit Lissenzephalie (Auffälligkeit in der Struktur der Hirnwindungen) und einen moderaten internen Hydrocephalus mit vergrößerten seitlichen Ventrikeln und viertem Ventrikel aufwiesen.

Cerebrale Dysfunktion (CDFS)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung
Rasse	Stabijhoun
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die cerebrale Dysfunktion beim Stabijhoun ist eine erblich bedingte Krankheit des Gehirns. Aufgrund einer Genmutation kommt es zur Veränderung von Transportersystemen für Neurotransmitter und dadurch zu Fehlfunktionen des zentralen Nervensystems. Klinisch zeigen die erkrankten Tiere ein sehr breites Spektrum an neuronalen Symptomen wie depressives Verhalten, Laufen im Kreis, auffällig starkes Schnüffeln und Rückwärtslaufen.

Charcot-Marie-Tooth Neuropathie (CMT)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay (Zwergschnauzer), Sequenzierung (Lancashire Heeler)
Rasse	Lancashire Heeler, Zwergschnauzer
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage (Zwergschnauzer), 1 – 2 Wochen (Lancashire Heeler)

Erkrankung

Beim Zwergschnauzer konnte eine Variante im SBF2-Gen (auch MTMR13-Gen genannt) als Ursache für die Charcot-Marie-Tooth Neuropathie gefunden werden, welche eine der häufigsten neuromuskulären Erkrankungen beim Menschen darstellt. Bereits im jungen Alter (< 2 Jahre) kommt es bei betroffenen Hunden durch das Vorhandensein eines Megaösophagus zu häufigem Aufstoßen und aufgrund einer Larynxparalyse zu Atemschwierigkeiten. In den bislang beschriebenen Fällen lebten die betroffenen Hunde nach der Diagnose noch über 3 Jahre hinaus, was für eine lange Überlebensdauer bei dieser Krankheit spricht. Typische pathologische Anzeichen der Erkrankung sind variable Durchmesser der Myelinscheide (sogenannte „Tomacula“) um die Axone peripherer Nerven und Regionen mit segmentaler Demyelinisierung. Die beschriebene Variante wurde bislang nur bei Zwergschnauzern gefunden.

Bei der Rasse Lancashire Heeler wurde eine genetische Variante des ITPR3-Gens identifiziert, die mit CMT assoziiert ist. Aufgrund eines schweren Entwicklungsdefekts des Zahnschmelzes zeigen betroffene Hunde Merkmale einer Amelogenesis imperfecta, einschließlich deutlicher gelber bis brauner Verfärbungen, Zahnschmelzhypoplasie (fehlender Zahnschmelz) und starkem Abrieb bis hin zum freiliegenden Dentin.

Ein weiteres häufiges Symptom der Erkrankung ist eine subklinische periphere Neuropathie. Betroffene Hunde besitzen normale Bewegungsabläufe und Aktivitätsraten, jedoch zeigen elektrodiagnostische Untersuchungen neurogene Veränderungen in den Muskeln auf, insbesondere in den Muskeln unterhalb von Ellenbogen- und Kniegelenken, welche mit dem Befund einer demyelinisierenden Neuropathie übereinstimmen.

Chondrodysplasie (Zwergwuchs)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Chinook, Karelischer Bärenhund, Norwegischer Elchhund
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die Chondrodysplasie ist eine genetisch bedingte Skelettdysplasie, die sich durch eine Störung der enchondralen Ossifikation zeigt. Im Bereich der Epiphysenfugen kommt es normalerweise durch den ständigen Aufbau von Knorpel und dem Umbau zu Knochen zu einem Längenwachstum. Dieser Vorgang wird durch die Mutation eines Gens gestört, sodass mangelnde Proliferation von Knorpel zu Fehlbildungen im Aufbau der Röhrenknochen und Kleinwüchsigkeit führt. Neben den verkürzten Extremitäten sind ein großer Schädel, Wirbelsäulenveränderungen und Fehlstellungen der Beine weitere klinische Symptome dieser Erkrankung. Erschwerend kann es zu anatomischen Verengungen (Stenosen) des Wirbelkanals kommen.

Chondrodysplasie und -dystrophie (CDPA/CDDY) (IVDD-Risiko)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	alle Rassen
Erbgang	dominant für CDPA, semi-dominant für CDDY-bedingte Beinlänge, dominant für IVDD-Risiko
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei vielen Hunderassen kommt es durch die Chondrodystrophie (CDDY) und/oder die Chondrodysplasie (CDPA) zur Verkürzung der Beine. Die CDDY ist dabei jedoch mit einem erhöhten Risiko eines Bandscheibenvorfalls (Hansen's Type I Intervertebral Disc Disease, IVDD) verknüpft.

CDPA ist vor allem in den kurzbeinigen Rassen wie Basset, Welsh Corgi Pembroke, Dackel, West Highland White Terrier und Scotch Terrier bekannt. Sie wird autosomal-dominant vererbt.

CDDY wird semi-dominant vererbt im Hinblick auf die Beinlänge, d.h. heterozygote Hunde haben kürzere Beine als homozygot freie Hunde, während homozygot betroffene Hunde nochmals kürzere Beine besitzen als die heterozygoten. Das IVDD-Risiko wird autosomal-dominant vererbt, d.h. bereits eine Kopie des veränderten Chromosoms erhöht das Risiko signifikant.

Wir bieten den kombinierten Test für CDPA und CDDY an, um den Züchtern zu ermöglichen, CDDY zu vermeiden und CDPA zu bevorzugen. So kann die typische kurze Beinlänge beibehalten werden (durch CDPA) und das Risiko für IVDD minimiert werden. Die Prävalenz der für CDPA und CDDY ursächlichen genetischen Varianten sowie das Zusammenspiel dieser beiden Varianten ist Gegenstand weiterer Forschungen.

Collie-Eye-Anomalie* (CEA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Partnerlabor
Rasse	Australian Kelpie, Australian Shepherd, Bearded Collie, Border Collie, Boykin Spaniel, Collie (Kurzhaar/Langhaar), Hokkaido, Lancashire Heeler, Langhaar Whippet, Miniature American Shepherd, Nova Scotia Duck Tolling Retriever, Shetland Sheepdog (Sheltie), Silken Windhound
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei der CEA handelt es sich um eine erbliche Augenkrankheit, bei der es zu Veränderungen an der Netzhaut kommt. CEA kommt in verschiedenen Schweregraden vor. In manchen Fällen sind die Veränderungen der Netzhaut nur gering, die Krankheit verläuft dann unbemerkt. Es kann auch zur Ausbildung von Kolobomen (Spaltbildungen) an der Eintrittsstelle des Sehnervs, zur Dysplasie der Netzhaut und der Aderhaut und zu Netzhautfalten kommen. Die Sehkraft kann beeinträchtigt werden. Bei der schwersten Form der CEA kommt es durch Veränderung der Blutgefäße zu Blutungen an der Netzhaut. Dies kann eine Netzhautablösung zur Folge haben, was zur Erblindung des Hundes führt.

Der Schweregrad der Erkrankung verändert sich bei der CEA im Laufe des Lebens nicht, ein betroffener Hund erblindet also nicht erst im Alter. Die mildeste Form der CEA, die sogenannte „CRH (chorioretinale Hypoplasie)“, ist beim Welpen nur bis zu einem Alter von ca. 9 Wochen erkennbar, danach wird sie durch Pigment-Einlagerung überdeckt. Hunde, deren CEA-Erkrankung im Alter nicht mehr festgestellt werden kann, nennt man „go normals“.

Die für die CEA verantwortliche Mutation wurde von der Arbeitsgruppe von Elaine A. Ostrander an der Universität von Pennsylvania, USA veröffentlicht. Sequenzstudien zeigten, dass bei allen betroffenen Hunden ein 7,8 kb großer Bereich in den NHEJ1-

Genen deletiert ist. Hierbei handelt es sich um einen hochkonservierten Bereich, an den verschiedene für eine korrekte Entwicklung wichtige Regulatorproteine binden können.

Cone Degeneration (CD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Deutsch Kurzhaar
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Eine Mutation im Gen CNFB3 führt bei der Rasse Deutsch Kurzhaar zu Cone Degeneration (CD). Bei dieser genetischen Erkrankung degenerieren die Zapfenzellen der Retina bereits im Welpenalter. Da die Zapfen für das Sehen bei Tag verantwortlich sind, resultiert daraus eine Tagblindheit. Betroffene Hunde zeigen im Alter von 8 – 12 Wochen erste Symptome der Erkrankung; sie meiden helles Licht, unter Umständen kann greelles Licht sogar schmerhaft sein. Das Sehvermögen bei Nacht und schwachem Licht ist dagegen nicht beeinträchtigt. Mit zunehmendem Alter schreitet die Degeneration der Zapfenzellen und somit auch die Symptomatik fort.

Congenitale Hypothyreose (CHG)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung (1), TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung (2)
Rasse	Fox Terrier (1), Französische Bulldogge (2), Rat Terrier (1), Spanischer Wasserhund (1), Tenterfield Terrier (1), Toy Fox Terrier (1)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	(1) 1 – 2 Wochen; (2) 3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Unter den Begriff Hypothyreose fallen alle Arten der Schilddrüsenunterfunktion, unabhängig von der Ursache der Erkrankung. Die Erkrankung äußert sich in verzögertem Wachstum der Welpen, welches ab der zweiten Woche sichtbar wird. Während gesunde Welpen zu dieser Zeit einen Wachstumsschub zeigen, stoppt die Entwicklung der betroffenen Hunde. Auch plötzliche Todesfälle in diesem Zeitraum sind beschrieben. Das Öffnen der Augen und der Gehörgänge ist erheblich verzögert und die Schilddrüse (Thyreoida) schwollt an. Die beiden Seitenlappen der Schilddrüse können als verdickte Knoten unterhalb des Nackens ertastet werden. Das Knochenwachstum kommt vorzeitig zum Stillstand, was zu einem irreversiblen Zwergwuchs führt.

Bei rechtzeitiger Diagnose der Krankheit sind tägliche lebenslange Gaben von Thyroid-Hormonen eine Möglichkeit der Therapie. Ansonsten haben betroffene Hunde eine eher geringe Lebenserwartung und sterben meistens noch als Welpen. Die ursächliche Mutation wurde von John C. Fyfe beschrieben.

Congenitaler Megaösophagus (CIM)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Deutscher Schäferhund
Erbgang	unbekannt
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Der Megaösophagus zeigt sich als Bewegungsstörung des Magen-Darm-Traktes: Reduzierte Peristaltik und die Erweiterung der Speiseröhre hemmen den normalen Transport des Futters in den Magen. Betroffene Hunde regurgitieren (Zurückfließen von Speiseröhren- oder Mageninhalt) Nahrung und Wasser, sodass die Welpen nicht gedeihen. Durch in der Speiseröhre verbliebene Nahrungsreste erhöht sich außerdem das Risiko, dass versehentlich Futter eingeatmet wird und es in der Folge zu einer Lungenentzündung kommt (Aspirationspneumonie).

Bei deutschen Schäferhunden konnte eine genetische Variante identifiziert werden, die mit einem erhöhten Risiko für CIM assoziiert ist. Etwa ein Drittel der homozygot betroffenen Hündinnen zeigten Symptome für CIM, während sogar die Hälfte der homozygot betroffenen Rüden Symptome zeigten. Darüber hinaus spielen weitere, bisher nicht identifizierte Faktoren eine Rolle für die Ausbildung eines Megaösophagus. Viele der betroffenen Hunde zeigten bereits in einem Alter von unter einem Jahr Symptome, deren Schwere stark variieren kann. Der Gentest ermöglicht die gezielte Zucht, um das Nicht-Risiko-Allel in der Rasse bevorzugt zu verbreiten.

Congenital Mirror Movement Disorder 1 (CMM1)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Weimaraner
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Das auch als „Bunny-Hopping-Syndrom (BHS1)“ bezeichnete Krankheitsbild ist eine autosomal-rezessiv vererbte Bewegungsstörung beim Weimaraner, die auf einem neurologischen Entwicklungsdefekt beruht. Bei Säugetieren versorgt immer eine Hirnhälfte die andere Körperhälfte, d.h. Nervenfasern von der linken Hirnhälfte innervieren die rechte Körperhälfte und umgekehrt. Um eine korrekte Funktion der Bewegungssteuerung zu gewährleisten, dürfen Nervenbahnen im Rückenmark immer nur auf einer Körperseite verlaufen. Bei Hunden mit CMM1 ist diese strenge Ordnung gestört und Nervenbahnen wechseln im Rückenmark die Seiten. Dies führt dazu, dass die Hunde nicht gezielt entweder das linke oder das rechte Hinterbein ansteuern können, sondern immer beidbeinig hüpfen. Weil dieses Gangbild dem Hüpfen eines Hasen ähnelt (engl. Bunny),

wird die Krankheit auch „Bunny-Hopping-Syndrom“ genannt. Im Gegensatz zum Shaking-Puppy-Syndrom beim Weimaraner wird das Gangbild bei CMM1-betroffenen Welpen nach aktuellem Wissensstand nicht besser, was in der Regel zur Euthanasie führt.

Congenitales myasthenes Syndrom (CMS)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Altdänischer Vorstehhund, Golden Retriever, Jack Russell Terrier, Labrador Retriever, Parson Russell Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Das congenitale myasthene Syndrom (CMS) äußert sich insbesondere durch eine generalisierte Muskelschwäche, vor allem nach Stress oder Aufregung. Diese zeigt sich bereits ab einem Alter von 2 Wochen. Die Bewegungsfähigkeit der Extremitäten ist stark eingeschränkt, auch das Tragen des eigenen Körpergewichts wird mit der Zeit erschwert. In allen Bereichen der Extremitäten sind die Reflexe deutlich vermindert.

Craniomandibuläre Osteopathie (CMO)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Cairn Terrier, Schottischer Terrier, West Highland White Terrier
Erbgang	autosomal-dominant mit variabler Penetranz
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Die craniomandibuläre Osteopathie (CMO) ist eine schmerzhafte proliferative Erkrankung der Kieferknochen, die bei Hunden beiden Geschlechts im ersten Lebensjahr auftritt. Klinische Symptome der Erkrankung sind wiederkehrende Fieberschübe und schmerzende Kieferschwellungen. Im Röntgenbild ist eine vermehrte Proliferation der Kieferknochen zu erkennen. Erste Anzeichen der Erkrankung sind häufig Schmerzen beim Fressen kombiniert mit wiederkehrenden Fieberschüben bei jungen Hunden.

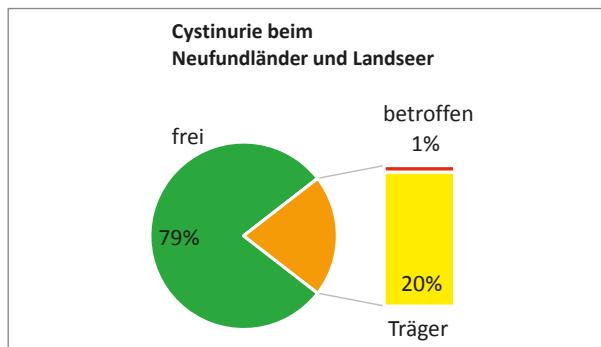
Cystinurie

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung (1), TaqMan SNP Assay (2) bzw. Fragmentlängenanalyse (3)
Rasse	Australian Cattle Dog (3), Continental Bulldog (2), Englische Bulldogge (2), Französische Bulldogge (2), Labrador Retriever (1), Landseer (2), Mastiff (2), Neufundländer (2), Olde English Bulldogge (2), Zwergpinscher (1)

Erbgang	autosomal-rezessiv: Continental Bulldog, Englische Bulldogge, Französische Bulldogge, Labrador Retriever, Landseer, Mastiff, Neufundländer, Olde English Bulldogge
Dauer	autosomal-dominant: Australian Cattle Dog, Zwergpinscher 3 – 5 Werkstage: Continental Bulldog, Englische Bulldogge, Französische Bulldogge, Landseer, Mastiff, Neufundländer, Olde English Bulldogge 1 – 2 Wochen: Australian Cattle Dog, Labrador Retriever, Zwergpinscher

Erkrankung

Die Cystinurie ist eine erbliche Stoffwechselerkrankung mit Transportstörung bestimmter Aminosäuren im Darmepithel und proximalen Nierentubulus. Folge der Transportstörung ist eine erhöhte Ausscheidung der Aminosäure Cystin über den Urin. Aufgrund der starken Akkumulation von Cystin im Harn und seiner schlechten Wasserlöslichkeit kristallisiert Cystin aus und es bilden sich Steine. Die Harnsteine, die die klinischen Symptome verursachen, treten schon im Alter von 4 – 6 Monaten auf. Dabei kann es zu einem lebensbedrohlichen Verschluss der Harnwege kommen. Im Gegensatz zu den meisten Rassen wird diese Erkrankung bei den Rassen Australian Cattle Dog und Zwergpinscher dominant vererbt, wobei homozygot betroffene Tiere schwerwiegender Verläufe zeigen. Eine Besonderheit weist die Cystinurie bei den Englischen und Französischen Bulldoggen sowie Mastiffs auf. Bei diesen Rassen ist die Erkrankung androgenabhängig, d.h. nur homozygot betroffene intakte Rüden zeigen Symptome.



Dandy-Walker-Like Malformation (DWLM)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Eurasier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Die Arbeitsgruppen um Prof. Andrea Fischer an der LMU München und Prof. Tosso Leeb an der Universität Bern haben als erste die für die Kleinhirnhypoplasie beim Hund ursächliche Mutation beschrieben. Die Dandy-Walker-Like Malformation (DWLM) wird beim Eurasier von einer Mutation im VLDR-Gen ausgelöst, die zu einer Unterentwicklung (Hypoplasie) des Kleinhirns führt. Die Symptome sind verschiedene Formen von Ataxie, die bereits im Alter von 5 – 6 Wochen in Erscheinung treten. Die Ausprägung ist individuell unterschiedlich und kann von geringem Schwanken über Gleichgewichtsstörungen bis hin zu schubweise auftretendem Umfallen reichen. In manchen Fällen sind auch epileptische Anfälle möglich.

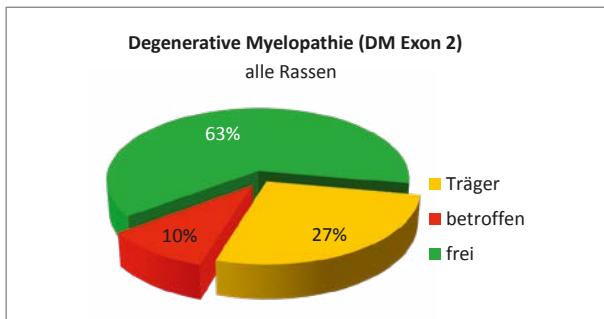
Degenerative Myelopathie (DM) (Exon 1 und 2)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen (Exon 2) Berner Sennenhund (Exon 1 + 2)
Erbgang	autosomal-rezessiv mit altersabhängiger unvollständiger Penetranz; nachgewiesen wird ein Risikofaktor, der mit der DM assoziiert ist
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Die canine degenerative Myelopathie (DM) ist eine schwere neurodegenerative Erkrankung mit spätem Beginn ungefähr ab dem 8. Lebensjahr. Die Erkrankung ist durch eine Degeneration der Axone und des Myelins im Brust- und Lendenteil des Rückenmarks gekennzeichnet, was eine progressive Ataxie und Parese verursacht. Man beobachtet die ersten klinischen Anzeichen in der Hinterhand als Zeichen einer Störung des oberen Motoneurons. Es entwickeln sich eine unkoordinierte Bewegung der Hinterhand, eine gestörte Eigenwahrnehmung sowie gestörte Reflexe. Wenn die Erkrankung weiter fortschreitet, weitert sie sich auf die vorderen Gliedmaßen aus und manifestiert sich als schlaffe Parese und Paralyse. Die degenerative Myelopathie wurde zuerst als Rückenmarks-erkrankung insbesondere beim Deutschen Schäferhund beschrieben. Neben dem Deutschen Schäferhund sind aber viele weitere Rassen von der degenerativen Myelopathie betroffen.

Als Risikofaktor für die Entwicklung einer DM wurde eine Mutation im Exon 2 des SOD1-Gens (Superoxid-Dismutase-1-Gen) bei vielen Rassen nachgewiesen. Bei Berner Sennenhunden gibt es zusätzlich eine Mutation im Exon 1 dieses Gens, die ebenfalls mit der DM in Zusammenhang steht. Für den Berner Sennenhund können beide Mutationen untersucht werden. Die Anforderung kann zusammen oder einzeln erfolgen. Laboklin konnte die exklusive Lizenz für die degenerative Myelopathie (Exon 2) erwerben und besitzt somit das alleinige Untersuchungsrecht in Europa.



Degenerative Myelopathie Risikomodifikator (DMRM)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Welsh Corgi Pembroke
Erbgang	autosomal-dominant
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die canine degenerative Myelopathie (DM) ist eine schwere, langsam fortschreitende neurodegenerative Erkrankung, die im fortgeschrittenen Alter (8 Jahre oder älter) auftritt (siehe auch Degenerative Myelopathie (DM) (Exon1 und 2)). Bei der Rasse Pembroke Welsh Corgi konnte ein Risiko-Haplotyp (Risikomodifikator) innerhalb des SP110 (nuclear body protein)-Gens identifiziert werden, der bei von der SOD1-Variante homozygot betroffenen Hunden das Risiko zur Entstehung einer DM weiter erhöht. Der Risikomodifikator hat dabei sowohl einen Einfluss auf das Gesamtrisiko zur Ausbildung einer DM als auch auf das Alter, in dem die ersten Symptome auftreten. Bitte beachten Sie, dass der Test auf den SP110-Risikomodifikator nur bei Hunden sinnvoll ist, die zuvor als homozygot betroffen für den SOD1-Risikofaktor getestet wurden.

Dental-Skeletal-Retinal Anomaly (DSRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Cane Corso Italiano
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

In Zusammenarbeit mit unserem Kooperationspartner Prof. Tosso Leeb und seinem Team von der Universität Bern konnten wir eine genetische Variante bestimmen, die beim Cane Corso Italiano zur Dental-Skeletal-Retinal Anomaly (DSRA) führt.

Die Erkrankung wird autosomal-rezessiv vererbt. Daher zeigen nur homozygot betroffene Hunde (welche die Variante von beiden Elterntieren geerbt haben) Symptome der Erkrankung. Anhand der genetischen Untersuchung können die heterozygoten Anlageträger identifiziert werden, um die Entstehung betroffener Welpen zu vermeiden.

Die betroffenen Hunde leiden unter progressiver Retinaatrophie (PRA) (zur Erblindung fortschreitende Augenerkrankung), Zahnbeschwerden (Verfärbungen, Splittern und Brüche, kleinere Zähne als üblich) sowie Skelettproblemen. Es sind auch noch weitere Ausprägungen der Erbkrankheit möglich, die genaue Krankheitsentwicklung von DSRA und die dazugehörigen klinischen Symptome sind jedoch noch Gegenstand der aktuellen Forschung.

Dermatomyositis (DMS)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	2x TaqMan SNP Assay und Sequenzierung
Rasse	Collie (Kurhaar/Langhaar), Shetland Sheepdog (Sheltie)
Erbgang	polygen
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Dermatomyositis (DMS) ist eine Autoimmunerkrankung, welche eine genetische Ursache hat, die zusätzlich einen äußeren Auslöser benötigt. Bei den maßgeblich betroffenen Rassen Collie und Shetland Sheepdog äußert sie sich in Läsionen in Körperbereichen mit minimaler Bemuskelung zwischen Knochen und Haut. Der Beginn der Erkrankung ist sehr variabel. Erste Symptome können sich bereits im frühen Alter von 12 Wochen zeigen. Diese äußern sich typischerweise in Haarverlust und Krustenbildung an Beinen und Pfoten, im Gesicht und an den Ohren sowie am Schwanz. Eine Abschwächung bis hin zum Verschwinden der Symptome ist in einigen Fällen beschrieben. Auch ein späterer, erneuter Ausbruch der Erkrankung ist möglich. Beim Collie sind zusätzliche muskuläre Probleme wie Schwierigkeiten beim Schlucken, Trinken und Fressen, ein hoher und staksiger Gang sowie Muskelatrophie im Kopf- und Halsbereich beschrieben, welche beim Shetland Sheepdog nicht auftreten. Die Diagnose wird üblicherweise über eine Hautbiopsie gestellt.

Der genetische Test erfasst 3 verschiedene Varianten, welche das Risiko für eine DMS-Erkrankung beeinflussen. Dieser komplexe genetische Hintergrund führt erst in Verbindung mit äußeren Auslösern wie Impfungen oder viralen Infekten zu der tatsächlichen Erkrankung. Dazu können Stressfaktoren den Verlauf und die Schwere der Krankheit negativ beeinflussen.

Basierend auf der Genotyp-Kombination der Loki A (PAN2), B (MAP3K7CL) und C (DLA-DRB1) kann die Wahrscheinlichkeit, an DMS zu erkranken, als niedrig (0 – 5 %), moderat (33 – 50 %) oder hoch (90 – 100 %) eingestuft werden. Die Wildtyp-Allele für die Loki A und B werden mit Kleinbuchstaben a und b bezeichnet, während die Risiko-Allele mit den Großbuchstaben A und B bezeichnet werden. Das Risiko-Allel im DLA-Komplex (DLA-DRB1*002:01) ist mit C benannt, alle anderen Allele mit c.

Genotypen mit geringem Risiko:

aabbCC, aabbCc, AabbCC, AabbCc, aaBbCC, aaBbCc, AaBbCC, AaBbCc, aaBBCc

Genotypen mit mittlerem Risiko:

AAbbcc, AAAbCc, aaBBCc, AaBBCc, AABbCc

Genotypen mit hohem Risiko:

AABbCC, AaBBCc, AABBCc, AABBcc

Zuchtempfehlung: Die Entstehung von Welpen mit Genotypen, die ein hohes Risiko für DMS besitzen (besonders: AABB, AaBB, AABb), sollte möglichst vermieden werden. Entsprechende Sorgfalt ist bei der Auswahl der Verpaarungen angezeigt.

Dermoidsinus (DS)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Rhodesian Ridgeback
Erbgang	siehe Text
Dauer	3 – 5 Tage

Erkrankung

Bei einem Dermoidsinus (DS) handelt es sich um eine schlauchartige Einstülpung der Haut. Die Einstülpung geht unterschiedlich weit in die Tiefe der Gewebsstruktur, teilweise bis hin zur Wirbelsäule, und kann durch Anheben der Haut als strangförmiges Gebilde ertastet werden. Der Dermoidsinus ist gefüllt mit Haaren und Talg und bereitet dem Hund keine Beschwerden, solange er sich nicht entzündet. Kommt es jedoch zu einer plötzlichen Entzündung, kann es zu großen Abszessen und massiven Infektionen kommen. In der Regel befindet sich der Dermoidsinus auf der Mittellinie des Rückens, seltener im Schädelbereich.

Laboklin bietet nun einen Gentest für einen Risikofaktor für die Entstehung eines Dermoidsinus beim Rhodesian Ridgeback an. Der genetische Test wurde anhand genomweiter DNA-Sequenz-Daten entwickelt und beinhaltet zwei genetische Marker, die je nach vorliegender Markerkonstellation mit einem erhöhten DS-Risiko verbunden sein können. Diese Marker sind auf zwei verschiedenen Chromosomen lokalisiert, wodurch insgesamt neun verschiedene Kombinationen von Markerkonstellationen möglich sind.

Digitale Hyperkeratose (DH/HFH)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Bordeauxdogge, Irischer Terrier, Kromfohrländer
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Erste Symptome dieser Erkrankung zeigen sich beim Irischen Terrier und Kromfohrländer ab einem Alter von 4 – 9 Monaten. Die Ballen betroffener Tiere werden zunehmend spröder, bis sich Risse und Brüche zeigen, durch die es sekundär zu Infektionen kommen kann. Die Ballen sind nicht rund und elastisch, sondern eher platt. Außerdem kann es zu Wucherungen, den sog. Hornzapfen, kommen. Die Krallen wachsen übermäßig schnell, wodurch diese nicht abgelaufen werden können und sich verformen. Aufgrund der Symptome wird diese Erkrankung auch als „Corny Feet“ bezeichnet. Bei der Bordeauxdogge ist das Krallenwachstum hingegen nicht beeinträchtigt. Die ersten Symptome zeigen sich bei dieser Rasse bereits im Alter von 10 Wochen bis 12 Monaten.

Auf Lebensdauer und -qualität hat diese Erkrankung bei guter Pflege der Ballen und Krallen kaum Einfluss. Jedoch ist der Pflegeaufwand größer als bei einem gesunden Hund.

Dilatative Kardiomyopathie (DCM) beim Schnauzer

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	Riesenschnauzer, Schnauzer
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die dilative Kardiomyopathie (DCM) ist eine Herzerkrankung, bei der Veränderungen an den Herzkammern und -klappen zu einer verringerten Kontraktionsfähigkeit und Pumpleistung des Herzens führen. Die DCM stellt die am häufigsten beschriebene Herzmuskelerkrankung beim Hund dar. Obwohl DCM bei vielen Hunderassen vorkommen kann, wird die Erkrankung bei unterschiedlichen Rassen durch verschiedene Mutationen ausgelöst.

Beim Schnauzer konnte eine Variante im RBM20-Gen identifiziert werden, welche mit DCM sehr gut korreliert. Die ersten Symptome von DCM zeigen sich bei dieser Rasse typischerweise in einem Alter von 1 – 3 Jahren. Zu den häufigsten Symptomen zählen: erhöhte Atemfrequenz und angestrengte Atmung, Husten, Belastungsintoleranz, Appetitlosigkeit, Ohnmacht und blasse Schleimhäute. Die DCM kann auch zum plötzlichen Herztod führen, ohne dass vorher Symptome zu beobachten waren.

Dilatative Kardiomyopathie (DCM) beim English Toy Terrier, Manchester Terrier, Nova Scotia Duck Tolling Retriever, Welsh Springer Spaniel

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	English Toy Terrier (1), Manchester Terrier (1), Nova Scotia Duck Tolling Retriever (1), Welsh Springer Spaniel (2)
Erbgang	(1) autosomal-rezessiv, (2) autosomal-dominant mit variabler Penetranz
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die dilatative Kardiomyopathie (DCM) ist eine Erkrankung des Herzmuskels. Da der linke Herzventrikel (der die Hauptpumpleistung des Herzens übernimmt) bei einer DCM verdickt, erweitert und geschwächt ist, kann das Herz das Blut nicht effektiv durch den Körper pumpen.

Beim Welsh Springer Spaniel konnte eine genetische Variante im Phospholamban-Gen gefunden werden, die mit einer DCM einhergeht. Phospholamban spielt eine wichtige Rolle bei der Regulation der intrazellulären Calcium-Konzentration und daher auch für die Kontraktion und Relaxation des Herzmuskels. Die Erweiterung des linken Ventrikels, eine schwache systolische Funktion, Herzrhythmusstörungen und plötzlicher Herztod sind typische Symptome der betroffenen Hunde. In der Regel zeigen sich die Symptome bereits im Welpenalter, spätestens ab einem Alter von 20 Monaten. Die Erkrankung folgt einem autosomal-dominanten Erbgang mit variabler Penetranz. Im Vergleich zu anderen bei Hunden vorkommenden Herzerkrankungen besitzt die DCM beim Welsh Springer Spaniel jedoch eine sehr hohe Penetranz. Daher zeigen nahezu alle Träger der Variante auch Symptome, sobald das entsprechende Alter erreicht wurde.

Bei der Rasse Manchester Terrier und English Toy Terrier wurde eine genetische Variante im ABCC9-Gen gefunden, die mit DCM assoziiert ist und autosomal-rezessiv vererbt wird. Dieses Gen kodiert für einen kardialen ATP-sensitiven Kaliumkanal. DCM kann zum plötzlichen Tod führen, welcher vor dem 2. Lebensjahr eintritt, typischerweise im Alter von 6 Monaten. Bei der akuten Form ist das Herz makroskopisch normal, eine histopathologische Untersuchung zeigt eine akute multifokale Myokarddegeneration und Nekrosen ohne Entzündungen. Bei der chronischen Form treten häufig eine leichte Vergrößerung des Herzens (Kardiomegalie), eine Erweiterung des linken Ventrikels, eine Verdickung der linken Ventrikelpwand und eine Vergrößerung des linken Vorhofs auf. Weitere mögliche histopathologische Befunde sind eine Myokarddegeneration, Myokardfibrose, leichte Entzündungsreaktionen und manchmal auch Myokardmineralisierung. Die Hunde scheinen vor ihrem Tod gesund zu sein, in einigen Fällen wird von einer vorherigen Narkose oder Bewegung berichtet.

Bei der Rasse Nova Scotia Duck Tolling Retriever wurde eine autosomal-rezessive Variante im LMNA-Gen gefunden, die mit einer DCM assoziiert ist. Aufgrund der Erkrankung kommt es zu einer plötzlichen, anfallsweise auftretenden beschleunigten Herzaktivität (paroxysmale ventrikuläre Tachykardie). Zudem können Anzeichen auf eine Fehlbildung (Dysplasie) der Mitralklappe und Gewebsveränderung des Herzmuskels (Myokardfibrose) vorliegen. Das Alter, in dem die Erkrankung auftritt, unterscheidet sich von Fall zu Fall. DCM kann bereits in jungen Jahren (10 – 15 Monate) zum plötzlichen Tod führen.

Dilatative Kardiomyopathie (DCM1-4) beim Dobermann

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methoden	Fragmentlängenanalyse (DCM1), TaqMan SNP Assay (DCM2-4)
Rasse	Dobermann
Erbgang	siehe Infotext
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die dilatative Kardiomyopathie (DCM) ist eine Erkrankung des Herzmuskels, bei der der linke Herzventrikel, der die Hauptpumpleistung des Herzens übernimmt, verdickt, erweitert und geschwächt ist. Daher kann das Herz das Blut nicht effektiv durch den Körper pumpen.

Beim Dobermann ist die dilatative Kardiomyopathie eine weitverbreitete vererbbare Herzerkrankung. Betroffene Hunde leiden unter einer Herzinsuffizienz oder plötzlichem Herztod. Ventrikuläre Tachyarrhythmien (Herzrhythmusstörungen) sind ein typisches Zeichen von DCM und können anhand eines Echokardiogramms oder Elektrokardiogramms (EKG) diagnostiziert werden. Bislang konnten vier genetische Varianten gefunden werden, die mit einer DCM beim Dobermann assoziiert sind.

Bei der DCM liegt eine variable Penetranz vor, daher können genetisch betroffene Hunde eventuell nur sehr milde oder sogar keine Symptome im Laufe ihres Lebens zeigen. Neben dem Genotyp der beschriebenen Varianten scheinen auch die Ernährung, das Bewegungslevel sowie weitere Gene einen Einfluss auf das individuelle Risiko eines Hundes zu haben. Der Gentest kann daher die DCM-assozierten Varianten identifizieren, jedoch keine Aussage darüber treffen, ob ein genetisch betroffener Hund tatsächlich klinisch relevante Symptome entwickelt.

In der amerikanischen Dobermann-Population scheinen besonders die DCM1-Variante im PDK4-Gen (versorgt das Herz mit Energie) und die DCM2-Variante im Titin (TTN)-Gen (an der Herzkontraktion beteiligt) relevant zu sein. Beide Varianten werden autosomal-dominant mit unvollständiger Penetranz vererbt. Die DCM2-Variante alleine scheint ein höheres Risiko mit sich zu bringen als die DCM1-Variante. Hunde, die beide Varianten tragen, besitzen aufgrund des additiven Effekts ein besonders erhöhtes Risiko dafür, eine DCM zu entwickeln.

In der europäischen Dobermann-Population sind dem aktuellen Kenntnisstand zufolge besonders die Risikomarker DCM3 und DCM4 relevant und mit einer linksventrikulären systolischen Dysfunktion (eingeschränkte Pumpleistung der linken Herzkammer) und Dilatation (Erweiterung des Herzmuskels) assoziiert. DCM3 wird dominant vererbt: Heterozygote Träger besitzen ein höheres Risiko für DCM als Tiere ohne eine Kopie des Risikofaktors. Das Risiko von Tieren, die die DCM3 Variante homozygot tragen, ist höher als das von Trägertieren. DCM4 wird rezessiv vererbt, für DCM4 homozygot betroffene Tiere besitzen ein höheres Risiko für DCM als freie oder heterozygote Träger. Die Varianten DCM3 und DCM4 scheinen einen additiven Effekt zu haben, mit einem stärkeren Effekt von DCM4.

Das Risiko für DCM kann über die Kombination der Genotypen wie folgt eingeschätzt werden:

Risiko < 50 %: N/N (DCM3) und N/N (DCM4), N/N (DCM3) und N/DCM4

Risiko 50 – 75 %: N/DCM3 und N/N (DCM4), N/DCM3 und N/DCM4

Risiko < 75 %: N/N (DCM3) und DCM4/DCM4, N/DCM3 und DCM4/DCM4, DCM3/DCM3 und N/N (DCM4), DCM3/DCM3 und N/DCM4, DCM3/DCM3 und DCM4/DCM4
Hunde mit erhöhtem Risiko sollten regelmäßig auf mögliche Anzeichen der Erkrankung untersucht werden. Mit Hilfe des Gentests kann die Prävalenz der bekannten Varianten

innerhalb der Rasse reduziert werden, ohne dabei den Genpool zu stark einzuschränken. Dabei sollte bei Verpaarungen darauf geachtet werden, dass Welpen mit einem hohen Risiko für DCM vermieden werden, und so die Prävalenz der Risikovarianten in der Rasse sinkt.

Disproportionierter Zwergwuchs

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Dalmatiner, Dogo Argentino, Magyar Vizsla
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei der Rasse Dogo Argentino wurde eine autosomal-rezessiv vererbte Variante des PRKG2-Gens gefunden, die zu disproportioniertem Zwergwuchs führt. Das PRKG2-Gen kodiert für ein Protein, das eine Signalrolle bei der Proliferation der Chondrozyten und der Einleitung der Differenzierung im Knochengewebe spielt. Betroffene Hunde zeigen ab einem Alter von 2 Monaten Skeletanomalien, die sich in einer verringerten Körpergröße und -länge äußern. Zu den klinischen Symptomen gehören ein unverhältnismäßig großer Kopf und eine Fehlstellung der Vorderpfoten (Carpus valgus), die zu Gangstörungen führen können. Röntgenaufnahmen deuten auf ein ungleichmäßiges Wachstum von Elle und Speiche hin, und es zeigt sich eine verminderte Verkalkung der Wachstumsfuge während der Knochenbildung. Ein betroffener Hund zeigte im Alter von 10 Monaten Anzeichen einer Hüftdysplasie und einer mäßigen Muskelatrophie. Adoleszente Hunde weisen verkürzte Beine, einen verkürzten Körper und Hals sowie einen relativ breiten Kopf auf. Die Nase ist leicht nach oben gerichtet, und zwischen den Augen verläuft eine ausgeprägte vertikale Furche.

Bei der Rasse Magyar Vizsla wurde eine Variante im PCYT1A-Gen gefunden, die zu disproportioniertem Zwergwuchs (SD3) führt und autosomal-rezessiv vererbt wird. PCYT1A katalysiert die Biosynthese von Phosphatidylcholin, das Teil der Zellmembranen ist, aber auch eine Rolle bei der Bildung von Vesikelmembranen spielt. Diese Vesikel sind wichtig für die Mineralisierung des enchondralen Knochengewebes. Betroffene Welpen zeigen bei der Geburt im Vergleich zu ihren nicht betroffenen Wurfgeschwistern keine optischen Unterschiede, diese werden jedoch im Alter zwischen 3 und 5 Wochen deutlich. Der Phänotyp ist gekennzeichnet durch eine Verkürzung und Verformung der Oberarm- und Oberschenkelknochen, wobei auch andere Röhrenknochen Veränderungen aufweisen. Betroffene Welpen entwickeln kürzere und stärker gebogene Gliedmaßen als ihre Wurfgeschwister sowie ein „knubbeliges“ Aussehen des Karpalgelenks. Neben der deutlichen Verkürzung des Oberarms, einer abnormalen Ellenbogenstellung und einer Verkürzung und Krümmung des Unterarms kommt es zu einer Verdickung im Bereich der Metaphyse. Betroffene Hund zeigen einen breiten Stand der Vorderbeine. Die Hinterbeine sind ebenfalls verkürzt, jedoch nicht so stark wie die Vorderbeine. Die Schwere der Symptome variiert teilweise.

Die ersten Fälle von schwerer Skelettdysplasie bei Dalmatinern wurden in den frühen 1980er Jahren dokumentiert, gefolgt von sporadischen Fällen in den folgenden Jahren. Skelettdysplasien stellen eine Gruppe von Erbkrankheiten dar, die Anomalien in Knorpel und Knochen aufweisen und zu einer verkürzten Statur und Zwergwuchs führen. Bei Dalmatinern tritt eine Chondrodysplasie (eine Untergruppe der Skelettdysplasie) auf, die in erster Linie die enchondrale Ossifikation (der Prozess der Knochenbildung, durch den Knorpel in Knochen umgewandelt wird) betrifft und zu einer unverhältnismäßigen Verkürzung der Extremitäten führt.

Betroffene Hunde besitzen kurze Beine und zeigen deutliche Ganganomalien, was beides ab einem Alter von zwei bis drei Monaten sichtbar wird. Die Vorderbeine sind gekrümmmt mit einem nach außen abgewinkelten Ellenbogengelenk und einer Auswärtsdrehung der Pfoten. Die radiologische Untersuchung ergab schwere Deformationen der Gliedmaßen, darunter eine verkürzte Elle (Ulna) und Speiche (Radius) sowie ein verkürztes Wadenbein (Fibula) und Schienbein (Tibia), unregelmäßige Wachstumsfugen und eine gestörte Verknöcherung. Auch das Achsenskelett (Skelett in der Längsachse des Hundes) ist im Vergleich zu nicht betroffenen Hunden verkürzt.

Eine genetische Variante des PRKG2-Gens konnte bei der Rasse Dalmatiner mit der beschriebenen Erkrankung in Verbindung gebracht werden. Das PRKG2-Gen kodiert für ein Protein, welches eine entscheidende Rolle bei der enchondralen Ossifikation spielt. Ein erweitertes Screening der PRKG2-Variante ergab, dass die Variante auch weiterhin in der Dalmatiner-Population verbreitet ist.

Dry Eye Curly Coat Syndrome (CCS)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung
Rasse	Cavalier King Charles Spaniel
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Symptome treten bereits zum Zeitpunkt der Geburt auf. Betroffene Welpen weisen ein ungewöhnliches Fell (rau und lockig) sowie Symptome einer Keratoconjunctivitis sicca (Binde-/Hornhautentzündung aufgrund mangelnder Tränenflüssigkeit) auf. Außerdem erscheinen betroffene Welpen kleiner als ihre Wurfgeschwister. Haarmangel und das raue Fell führen zum Kratzen. Veränderungen an der Ballenhaut sowie an den Krallen lösen Schmerzen und Lahmheit aus. Auch die Zähne werden in Mitleidenschaft gezogen.

Dyserythropoetische Anämie und Myopathie (DAMS)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung (1), Sequenzierung (2)
Rasse	English Springer Spaniel (1), Labrador Retriever (2)
Erbgang	autosomal-rezessiv

Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen (1), 1 – 2 Wochen (2)
-------	--

Erkrankung

Eine Mutation im EHBP1L1-Gen führt bei der Rasse Labrador Retriever zu dyserythropoetischer Anämie und Myopathie (DAMS). Klinische Symptome sind Muskelatrophie, Schwäche insbesondere der Hinterhandmuskulatur sowie Regurgitation. Blutuntersuchungen zeigten eine ausgeprägte Mikrozytose und Veränderungen der Erythrozyten. Anzeichen einer Myopathie ebenso wie eines Megaösophagus wurden im Alter von etwa 5 Jahren festgestellt, Mikrozytose und Erythrozytenanomalien wurden bei betroffenen Hunden jedoch bereits früher festgestellt.

Bei der Rasse English Springer Spaniel verursacht eine weitere Variante im selben Gen ebenfalls DAMS. Bei dieser Rasse zeigt die Krankheit einen frühen Beginn mit Anämie, Megaösophagus, Kardiomyopathie und allgemeiner, langsam fortschreitender Muskelatrophie. Trotz der unterschiedlichen klinischen Symptome zeigen beide Rassen ähnliche Veränderungen in der Erythrozytenmorphologie und Muskelhistopathologie.

Dystrophic Epidermolysis Bullosa (DEB)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Mittelasiatischer Schäferhund
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Epidermolysis bullosa lässt sich durch eine Blasenbildung in der dermoepidermalen Verbindungszone charakterisieren. Bei einer dystrophischen Epidermolysis bullosa (DEB) befindet sich die Spaltung unterhalb der Lamina densa. Bei der Rasse Mittelasiatischer Schäferhund konnte eine schwere Form von DEB beobachtet werden, welche autosomal-rezessiv vererbt wird. Die Erkrankung wird durch eine Nonsense-Mutation im COL7A1-Gen verursacht, welches für das Kollagen-VII-Protein in Epithelgeweben codiert. Die Symptome der Erkrankung zeigen sich üblicherweise zwischen Geburt und frühem Welpenalter. Bei betroffenen Welpen finden sich Hautläsionen, Blasen und Geschwüre an Pfoten, Ohren, Schnauze und Maulschleimhaut. Betroffene Welpen müssen aufgrund der schlechten Prognose euthanasiert werden.

Ektodermale Dysplasie/Skin Fragility Syndrome (ED/SFS)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Chesapeake Bay Retriever
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Betroffene Hunde haben bereits bei der Geburt durchscheinende Hautpartien an Ohren, Ballen, Nase und Maul. Es kommt zu Blutungen an diesen Hautpartien. Zudem lösen sich Hautpartien im Gesicht ab, sobald eine Reibung erfolgt. Die Hunde müssen euthanasiert werden.

Entzündliche Lungenerkrankung (IPD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Collie (Kurzhaar/Langhaar)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Bei Collies wurde eine Genvariante gefunden, die mit der entzündlichen Lungenerkrankung (IPD) assoziiert werden kann. Besitzer betroffener Hunde berichteten von schaumigem Erbrechen, flacher Atmung, Husten, starken Atemgeräuschen und Fieber. Die klinischen Symptome zeigten sich bereits wenige Tage nach der Geburt. Die Hunde sprechen gut auf eine Therapie mit Antibiotika und Sekretolytika an, allerdings kehren die Symptome schnell wieder zurück, nachdem die Antibiotikagabe beendet wurde.

Entzündliche Myopathie (IM)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Holländischer Schäferhund
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Entzündliche Myopathien (engl. inflammatory myopathies, IM) sind Erkrankungen, bei denen es zur Einlagerung von Entzündungszellen im Muskelgewebe kommt.

Bei einer Familie von Holländischen Schäferhunden wurde bei 5 Hunden mit allgemeiner Muskelschwäche und schwerer Muskelatrophie eine entzündliche Muskelerkrankung diagnostiziert. Das frühe Auftreten der ersten Symptome und der nahe Verwandtschaftsgrad der betroffenen Hunde deuteten auf eine genetische Ursache hin. Anhand genetischer Untersuchungen konnte eine Variante im SLC25A12-Gen gefunden werden, die mit den Symptomen der Erkrankung einhergeht. Das SLC25A12-Gen codiert für einen mitochondrialen Aspartat-Glutamat-Transporter und spielt so eine wichtige Rolle für den Metabolismus der Muskelzellen. Liegt die Variante homozygot vor, zeigt der Transporter eine verminderte Transportaktivität, was zu einem entzündungsfördernden Milieu und oxidativem Stress im Muskel führt.

Die typischen Symptome beginnen ab einem Alter von 3 – 9 Monaten und sind unter anderem Muskeltremor, ein steifer kurzschrittiger Gang und progressive Muskelschwäche bis hin zur Unfähigkeit zu gehen. Der Serum-CK-Wert (ein Marker für Muskelzerstörung)

ist bei erkrankten Hunden ebenfalls dauerhaft erhöht. Die betroffenen Hunde wurden im Alter von etwa 2 Jahren aufgrund der voranschreitenden Schwäche euthanasiert. Die beschriebene Variante wurde bislang ausschließlich beim Holländischen Schäferhund gefunden. Bei verwandten Rassen, wie zum Beispiel dem Belgischen oder Deutschen Schäferhund oder anderen Rassen lag die Variante dagegen nicht vor.

Epidermolytische Hyperkeratose (EHK)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Norfolk Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Diese Erkrankung wird durch eine Mutation im KRT10-Gen verursacht. Der Keratindefekt führt zu einer oberflächlichen, milden, planaren epidermolytischen Hyperkeratose mit fragiler Epidermis. Betroffene Hunde zeigen ab der Geburt bis ins hohe Alter Symptome. Bei adulten Hunden bleiben die Läsionen meist statisch, häufig kommt eine Hyperpigmentierung dazu.

Episodic Falling (EF)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	Cavalier King Charles Spaniel
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Episodic Falling ist charakterisiert durch Anfälle, in deren Verlauf es zur Steifheit der Beine, einem typischen „Pirschgang“ bis hin zum Kollaps kommt. Diese Anfälle werden durch Anstrengung, Stress oder Aufregung ausgelöst. Die klinischen Symptome variieren in ihrer Schwere. Erste Anfälle treten im Alter zwischen 14 Wochen und 4 Jahren auf.

Erbliche Taubheit (EOAD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Beauceron, Rhodesian Ridgeback, Rottweiler
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Beim Rottweiler führt eine Variante im LOXHD1-Gen zum frühen Hörverlust. Bislang konnte noch nicht abschließend geklärt werden, ob die Welpen bereits gehörlos geboren

werden oder zunächst schwerhörig zur Welt kommen, was sich in wenigen Wochen zur vollständigen Taubheit weiterentwickelt. Man geht davon aus, dass das LOXHD1-Gen an der Aufrechterhaltung der Funktion der Haarzellen innerhalb der Cochlea beteiligt ist. Beim Beauceron führt eine Mutation im Gen CDH23 ebenfalls zu erblich bedingter, bilateraler Taubheit. Die betroffenen Welpen entwickelten sich abgesehen von der Taubheit normal.

Beim Rhodesian Ridgeback tritt durch eine Deletion im EPS8L2-Gen eine Form der erblichen Taubheit auf, die im Alter von 1 – 2 Jahren zu Hörverlust führt. Man nennt diese Form early-onset adult deafness (EOAD).

Erbliche Taubheit (DINGS1&2)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Dobermann
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Zwei genetische Varianten im PTPRQ-Gen (bekannt als DINGS1) und im MYO7A-Gen (bekannt als DINGS2) konnten identifiziert werden, die in der Rasse Dobermann angeborene Taubheit und Störungen des Gleichgewichts- und Bewegungssinnes (dem vestibulären System) verursachen.

Betroffene Welpen sind bereits kurz nach der Geburt taub und zeigen Symptome einer Gleichgewichtsstörung, wie zum Beispiel ein Neigen des Kopfes, Laufen im Kreis und eine gestörte Bewegungscoordination (Ataxie). Die Gleichgewichtsstörungen können mit zunehmendem Alter jedoch schwächer ausgeprägt sein. Zudem fehlt den betroffenen Welpen der vestibulookuläre Reflex (Reflexbewegung der Augen als Reaktion auf Kopfbewegungen) und nach Körperdrehungen kann Nystagmus (Augenzittern) auftreten. Bei der Erkrankung findet ein Abbau der für das Hören wichtigen Hörschnecke (progressive Degeneration der Cochlea) mit einem Verlust der akustischen Sinneszellen im Innenohr statt. Die bei DINGS2 auftretende Taubheit ist beidseitig, während bei DINGS1 auch eine einseitige Taubheit möglich ist.

Exercise Induced Collapse (EIC)

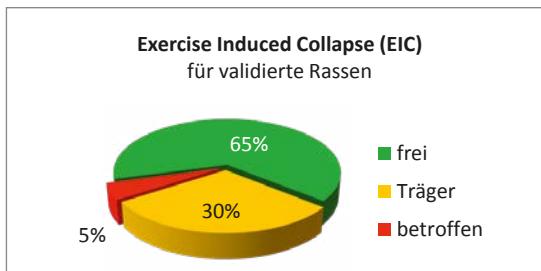
Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Bobtail, Boykin Spaniel, Chesapeake Bay Retriever, Clumber Spaniel, Curly Coated Retriever, Deutsch Drahthaar, Labrador Retriever, Welsh Corgi Pembroke
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Der Exercise Induced Collapse (EIC) ist eine neuromuskuläre Erkrankung, die beim Labrador Retriever und eng verwandten Rassen auftritt. Die für EIC verantwortliche Mutation im DNM1-Gen wurde von der Arbeitsgruppe um Prof. James Mickelson an der University of Minnesota gefunden. Laboklin konnte die exklusive Lizenz für den EIC-Gentest erwerben und besitzt somit das alleinige Untersuchungsrecht in Europa. Die ersten Anzeichen eines Exercise Induced Collapse (EIC) sind ein schaukelnder oder verkrampter Gang, der Hund wirkt steifbeinig. Erkrankte Hunde entwickeln schon nach 5 – 15 Minuten Anstrengung (z.B. beim Training oder bei starkem Stress) eine Muskelschwäche und kollabieren.

Bei den meisten Hunden ist vor allem die Hinterhand betroffen, bei manchen setzt sich die Schwäche auch bis zu den Vorderläufen fort und führt somit zum Festliegen. Während eines Kollapses sind die Hunde meistens bei Bewusstsein, je nach Schweregrad der Erkrankung kann es aber auch vorkommen, dass sie desorientiert oder vorübergehend bewusstlos sind.

EIC kann jahrelang unentdeckt bleiben, wenn der Hund weder anspruchsvollem Training noch starkem Stress ausgesetzt ist.



Exfoliativer kutaner Lupus erythematoses (ECLE)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Deutsch Kurzhaar, Magyar Vizsla
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Beim exfoliativen kutanen Lupus erythematoses (ECLE), auch bekannt als Schmetterlingsflechte, handelt es sich um eine autoimmune Hauterkrankung. Ursache für die Erkrankung beim Deutsch Kurzhaar und beim Magyar Vizsla ist eine Variante im UNC93B1-Gen, das eine wichtige Rolle für das angeborene Immunsystem und damit für die Immunantwort gegen Krankheitserreger spielt. Die Erkrankung äußert sich durch das Auftreten übermäßig vieler Schuppen, zuerst im Gesicht und später auch in den Ohren, auf dem Rücken oder am ganzen Körper. Weitere Anzeichen können

Pigmentverlust der Haut (Hypopigmentierung) sowie Hautrötungen sein. Im Verlauf der Erkrankung kommen auch Haarausfall, Krusten, Geschwüre und zum Teil auch kurzzeitige Lahmheit hinzu. Durch das geschwächte Immunsystem und die Hautveränderungen kommt es häufig zu bakteriellen Infektionen der Haut. Die ersten Symptome treten üblicherweise in der Jugend bzw. im frühen Erwachsenenalter auf. Aufgrund der schwerwiegenden Symptome und der fehlenden Behandlungsmöglichkeiten müssen die betroffenen Hunde meist eingeschläfert werden.

Faktor VII-Defizienz (F7)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Airedale Terrier, Alaskan Klee Kai, Beagle, Deerhound, Finnischer Laufhund, Papillon, Phalène, Riesenschnauzer, Welsh Springer Spaniel
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Ein Mangel an Faktor VII führt zu leichter bis moderater Blutungsneigung. Beim Alaskan Klee Kai Dog wurde jedoch eine schwere Form mit subkutanen Blutungen und Anämie nachgewiesen.

Faktor XI-Defizienz (F11)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Kerry Blue Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv mit variabler Penetranz
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Eine Mutation im F11-Gen führt zum Faktor XI-Mangel bei Kerry Blue Terriern. In manchen Fällen kann es bei betroffenen Tieren 12 – 24 Stunden nach chirurgischen Eingriffen zu schweren, langanhaltenden Blutungen kommen. Betroffene Hunde zeigen nur eine leichte Neigung zu spontanen Blutungen, manche Tiere zeigen keine Symptome.

Faltendoggen-Syndrom (Ichthyose)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Deutsche Dogge
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Ichthyose ist eine Erbkrankheit, die durch generalisierte schwere Hyperkeratose und Bildung einer stark fältigen, verdickten und schuppenden Haut vor allem im Bereich der Augen und Nase gekennzeichnet ist. Diese lamelläre Ichthyose ist bislang nur bei der Deutschen Dogge bekannt und hat ihre Ursache in einer Genmutation, die bisher ausschließlich bei dieser Rasse nachgewiesen wurde.

Die Haut wird im Verlauf der Erkrankung trocken und verliert ihre Elastizität, wodurch ein generalisiert fältiges Aussehen überwiegend im Kopfbereich entsteht. Zudem kann es bei betroffenen Welpen zu starken Schwellungen der Augenlider kommen, die das Öffnen der Augen unmöglich machen. Erschwerend kommt hinzu, dass die veränderte Haut im Bereich der Falten Infektionen begünstigt, wodurch sich der Krankheitsverlauf verschlimmert und eine Behandlung erschwert wird.

Familiäre Nephropathie (FN)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay (1) Sequenzierung (2)
Rasse	English Cocker Spaniel (1), Welsh Springer Spaniel (1); English Springer Spaniel (2), Samojede (2)
Erbgang	autosomal-rezessiv: English Cocker Spaniel, English Springer Spaniel, Welsh Springer Spaniel; X-chromosomal-rezessiv: Samojede
Dauer	3 – 5 Werkstage: English Cocker Spaniel, Welsh Springer Spaniel; 1 – 2 Wochen: English Springer Spaniel, Samojede

Erkrankung

Die hauptsächlichen Funktionen der Nieren sind die Ausscheidung von Wasser, Fremdstoffen, Elektrolyten und Stoffwechselprodukten. Die Glomeruli der Niere stellen den Filter dar, der den Urin vom Blut trennt und somit den Primärharn herausfiltert. Ein Netzwerk aus Typ-IV-Kollagenfasern ist essentiell für die korrekte Struktur der Basalmembran der Glomeruli und somit für die Funktion der Nieren. Die durch FN hervorgerufene progressive Erkrankung der Nieren wird durch einen Kollagen-Typ-IV-Defekt verursacht. Hunde mit FN entwickeln im Alter von 6 Monaten bis 2 Jahren chronische Nierenfunktionsstörungen, die schließlich, in manchen Fällen sehr schnell, zu einer Zerstörung beider Nieren führen und tödlich enden. Erste klinische Zeichen sind z.B. übermäßiger Durst, eine verminderte Wachstumsgeschwindigkeit oder Gewichtsverlust, verminderter Appetit und Erbrechen.

Familiäres Schilddrüsenkarzinom (FTFC)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Deutsch Langhaar
Erbgang	siehe Text
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei der Rasse Deutsch Langhaar wurden zwei genetische Varianten im TPO-Gen identifiziert, die mit dem familiären folliculären Schilddrüsenzellkarzinom (FTFC) assoziiert sind. Hunde mit jeweils zwei Kopien einer oder beider Varianten haben ein etwa 16fach höheres Risiko, an FTFC zu erkranken als Hunde, die diese Varianten nicht tragen. Die meisten der untersuchten Hunde waren zum Zeitpunkt der Diagnose älter als 10 Jahre.

Fanconi-Syndrom

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Basenji
Erbgang	ungeklärt
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Das Fanconi-Syndrom ist eine Erkrankung, bei der die Nieren nicht mehr in der Lage sind, Elektrolyte und Nährstoffe aus dem Primärharn zu resorbieren. Diese wichtigen Bestandteile werden stattdessen mit dem Urin ausgeschieden. Symptome sind vor allem exzessives Trinken und Urinieren. Im Urin kann ein hoher Glucosewert nachgewiesen werden. Wird ein Tier mit Fanconi-Syndrom nicht behandelt, treten Muskelschwäche, Acidose und ein verschlechterter Allgemeinzustand auf. Die Krankheit führt letztendlich zum Tod. Beim Basenji tritt das Fanconi-Syndrom typischerweise im Alter zwischen 4 und 8 Jahren auf.

Farbverdünnung und neurologische Defekte (CDN)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Dackel
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Beim Dackel konnte eine Variante im Gen MYO5A nachgewiesen werden, die Farbverdünnung und neurologische Defekte (CDN) verursacht und dem Griscelli-Syndrom Typ I beim Menschen ähnelt.

Ein betroffener 4 Wochen alter Welpe zeigte eine auffällig verdünnte Fellfarbe. Obwohl er äußerlich normal entwickelt war, konnte er sich nicht in Bauchlage halten, fiel auf die Seite und ruderte mit den Vorderbeinen. Außerdem konnte er seinen Kopf nicht aufrecht halten oder Kopfbewegungen koordinieren und er reagierte kaum auf Umweltreize. Aufgrund der Schwere der Symptome wurde der Welpe euthanasiert. Die pathohistologische Untersuchung zeigte eine multifokale Akkumulation von Melanin und die Ablagerung verklumpten Keratins im Follikulepithel der behaarten Haut.

Es konnte eine Frameshift-Mutation im Gen MYO5A nachgewiesen werden; der Myosin VA-vermittelte Transport spielt eine wichtige Rolle in Neuronen und dem Cerebellum und zusätzlich im Transport von Melanosomen in wachsende Haarschäfte.

Finnish Hound Ataxie (FHA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Finnischer Laufhund, Norrbottenspitz
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Durch eine Mutation im SEL1L-Gen kommt es bei betroffenen Tieren zu einer sich stetig verschlimmernden Störung des Bewegungsapparates. Neben anfänglichen Koordinations- und Gleichgewichtsproblemen sowie Zittern kann dies bis zur völligen Bewegungsunfähigkeit führen. Betroffene Tiere entwickeln die Symptome in der Regel zwischen der 4. und 12. Lebenswoche.

Fukosidose

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	English Springer Spaniel
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die Fukosidose ist eine neurologische Erkrankung, die auf dem Verlust eines bestimmten Enzyms, der α -L-Fukosidase, beruht. Im gesunden Organismus spaltet dieses Enzym komplexe Verbindungen, sodass der Körper diese Stoffe verwerten kann. Beim erkrankten Tier fehlt das Enzym, wodurch sich die komplexen Verbindungen in verschiedenen Organen ablagern. Betroffen sind neben Lymphknoten, Bauchspeicheldrüse, Leber, Nieren, Lungen und Knochenmark vor allem Gehirn- und Nervengewebe, was die schwerwiegenden neurologischen Symptome dieser Erkrankung verursacht.

Die Fukosidose ist gekennzeichnet durch Bewegungsstörungen und neurologische Ausfälle. Betroffene Tiere zeigen eine gestörte Koordination von Bewegungsabläufen, Verhaltensauffälligkeiten, Blindheit, Taubheit und Schluckstörungen. Die Erkrankung manifestiert sich etwa im Alter von 18 Monaten bis 4 Jahren mit stetig fortschreitendem Verlauf und letztendlich tödlichem Ausgang.

Gallenblasenmukozelen (GBM)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung

Rasse	American Cocker Spaniel, Cairn Terrier, English Cocker Spaniel, Shetland Sheepdog (Sheltie), Zwergspitz
Erbgang	autosomal-dominant mit unvollständiger Penetranz
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Gallenblasenmukozen werden durch eine Mutation im ABCB4-Gen verursacht. Diese Mutation führt zu Hyperplasie der Gallenblasenschleimhaut und zur vermehrten Ansammlung von Schleim. Unbehandelt können Gallenblasenmukozen zur Entzündung der Gallenblase (Cholecystitis) führen, dabei steigt die Gefahr einer Gallenblasenruptur. Klinische Symptome treten bei älteren Hunden auf und zeigen sich in Erbrechen, Anorexie, Lethargie, Gelbsucht und abdominalen Schmerzen.

Glanzmann-Thrombasthenie (GT)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Pyrenäen-Berghund
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die Glanzmann-Thrombasthenie (GT) ist eine Blutgerinnungsstörung, die in 2 verschiedenen Formen vorkommt. Die Unterschiede liegen in der Menge bestimmter in der Zellmembran von Thrombozyten gebildeter Glykoproteine ($\alpha IIb\beta 3$), die für die Gerinnung notwendig sind. Bei der mit diesem Test nachgewiesenen schwereren GT vom Typ I liegt der Wert bei weniger als 5 % vom Normalzustand. Eine Mutation im αIIb -Gen verhindert dabei die Bildung eines Hauptbestandteils dieser Glykoproteine. Symptomatisch wird die Blutungsneigung zumeist durch fortlaufendes Zahnfleischbluten nach dem Ausfall der Milchzähne erkennbar. Auch kann anhaltendes Nasenbluten ein Hinweis für diese Störung sein.

Glasknochenkrankheit (Osteogenesis imperfecta)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung (1) bzw. Sequenzierung (2)
Rasse	Beagle (2), Dackel (1), Golden Retriever (2)
Erbgang	autosomal-rezessiv: Dackel; autosomal-dominant: Beagle, Golden Retriever
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen: Dackel; 1 – 2 Wochen: Beagle, Golden Retriever

Erkrankung

Kollagen ist das häufigste Protein im tierischen Körper und verleiht den Knochen ihre Elastizität. Ein Defekt der Kollagen-Gene führt zur Glasknochenkrankheit, auch „Osteogenesis imperfecta“ genannt. Die Erkrankung führt bereits im Welpenalter zu den typischen Symptomen: extrem zerbrechliche Knochen und Zähne.

Glaukom und Goniodygenesis (GG)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Border Collie
Erbgang	vermutlich autosomal-rezessiv (noch in Erforschung)
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Goniodygenesis beschreibt eine Entwicklungsstörung in der Vorderkammer des Auges, bei der es zur Verengung bzw. zum Verschluss intraokulärer Kanäle des iridokornealen Winkels (ICA) kommt, über welchen das überschüssige Kammerwasser abgeführt wird. Der erhöhte Druck (Glaukombildung) beschädigt die retinalen Ganglienzellen und kann zur Blindheit führen. Beim Border Collie wurde eine Mutation im Olfactomedin-like 3-Gen (OLFML3) identifiziert, welche mit der genetischen Prädisposition für schwerwiegende Goniodygenesis assoziiert ist. Das OLFML3-Protein ist an der Bildung von Protein-Protein-Interaktionen, Zelladhäsionen und intrazellulären Interaktionen beteiligt. Bei einzelnen als heterozygot getesteten Trägern wurde ebenfalls eine Goniodygenesis (aber ohne Glaukom) diagnostiziert. Zudem konnte bei mehreren Hunden trotz schwerer Goniodygenesis über 15 Jahre und mehr kein Glaukom festgestellt werden. Aufgrund dieser Beobachtungen wird angenommen, dass die Entwicklung eines Glaukoms durch eine Kombination von genetischen Faktoren mit Umwelteinflüssen und/oder Zufallsfaktoren begünstigt wird. Zudem kann die beschriebene Variante im OLFLM3-Gen nicht mit der milden Form der Goniodygenesis assoziiert werden, was darauf hindeutet, dass die milde Form durch andere genetische Dispositionen bedingt wird.

Gliedergürteldystrophie (LGMD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Dackel
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die beim Menschen als Gliedergürteldystrophie (LGMD) beschriebene Dystrophie der Schulter- und Beckengürtelmuskulatur kommt auch beim Dackel vor und wird hier durch eine Mutation im Gen der Sarcoglycan-Alpha-Untereinheit (SGCA) verursacht. Betroffene Hunde zeigen klinische Symptome wie Belastungsintoleranz, einen steifen Gang, fortschreitende Schwäche, eine erhöhte Ausscheidung von Myoglobin im Urin (Myoglobinurie) sowie Schwierigkeiten beim Schlucken (Dysphagie) und Lungenentzündungen (Pneumonie). Im Serum können anhaltend deutlich erhöhte Kreatinkinase-Aktivitäten gemessen werden. Die Symptome traten bei jungen erwachsenen Tieren etwa ab dem Alter von 7 – 17 Monaten auf. Muskelzellen in Biopsien waren dystrophisch.

Immunfärbungen und die Western-Blot-Analyse von α -, β - und γ -Sarcoglycanen deuten auf eine Sarcoglycanopathie hin, eine Form der Gliedergürteldystrophie.

Globoidzellenleukodystrophie (Krabbe-Krankheit)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay (1) bzw. Sequenzierung (2)
Rasse	Cairn Terrier (1), Irish Red Setter (2), West Highland White Terrier (1)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage: Cairn Terrier, West Highland White Terrier; 1 – 2 Wochen: Irish Red Setter

Erkrankung

Bei der Globoidzellenleukodystrophie handelt es sich um eine Lipidspeicherkrankheit mit fortschreitender Degeneration der weißen Substanz des ZNS. Die Ursache für die Erkrankung liegt in einem genetisch bedingten Mangel des Enzyms Galaktozerebrosid-Beta-Galaktosidase. Dieses Enzym ist verantwortlich für den lysosomalen Stoffwechsel bestimmter Galaktolipide. Aufgrund des Enzymmangels kommt es zur Ablagerung dieser Lipide im ZNS vor allem in den mehrkernigen Riesenzellen (Globoidzellen).

Klinisch manifestiert sich die Globoidzellenleukodystrophie bei betroffenen Hunden im Alter von 1 – 3 Monaten, beginnend mit einer Ataxie und Parese der Hinterhand.

Im Verlauf der Erkrankung kommt es zur Muskelatrophie und zur neurologischen Degeneration. Aufgrund fehlender Behandlungsmöglichkeiten werden die betroffenen Tiere meist spätestens im Alter von 10 Monaten euthanasiert.

Glykogenspeicherkrankheit Typ Ia (GSDIa)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Deutscher Pinscher, Malteser
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Der Glykogenspeicherkrankheit Typ Ia (GSDIa) liegt eine angeborene Störung des Glukosestoffwechsels zugrunde, die sich durch überschüssige Speicherung von Glykogen in Organen zeigt.

Die Ursache ist eine Veränderung des Enzyms „Glycogen Branching Enzyme (GBE)“, das für die korrekte räumliche Anordnung des gespeicherten Glycogens zuständig ist. Dadurch ist die Rückumwandlung zur Glukose nicht mehr möglich, wodurch das veränderte Glykogen in Zellen des Muskel-, Leber- und Nervensystems akkumuliert. Dieser Zustand führt zu Organfehlfunktionen von unterschiedlichem Schweregrad.

Bei betroffenen Welpen kommt es schon sehr früh nach der Geburt zur Unterversorgung mit Glukose und Ausprägung von Symptomen wie Depressionen und verzögertem Wachstum.

Glykogenspeicherkrankheit Typ II (Pompe Disease) (GSDII)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung
Rasse	Finnischer Lapphund, Lappländischer Rentierhund, Schwedischer Lapphund
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Diese autosomal-rezessiv vererbte Stoffwechselerkrankung wird durch einen Defekt in der Glukosidase ausgelöst. Dadurch kommt es zu einer Anreicherung von Glukose in den Lysosomen. Betroffene Hunde leiden unter häufigem Erbrechen, fortschreitender Muskelschwäche, Konditionsverlust sowie einer Herzschwäche, die letztendlich in einem Alter von 1,5 Jahren zum Tode führt.

Glykogenspeicherkrankheit Typ IIIa (GSDIIIa)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Curly Coated Retriever
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei der Glykogenspeicherkrankheit Typ IIIa handelt es sich um eine Fehlfunktion des Glukosestoffwechsels aufgrund einer Mutation im AGL-Gen, die beim Curly Coated Retriever beschrieben ist. Die Fähigkeit, Glukose effizient an Glykogen zu binden und wieder abzuspalten, ist von der stark verzweigten Struktur des Glykogens abhängig. Das „Glycogen Branching Enzym“ (GBE) ist nötig für die Ausbildung dieser verzweigten Struktur, das „Glycogen Debranching Enzyme“ (GDE) für deren Abbau. Ein Ausfall der GDE-Aktivität führt zu einer abnormalen Anhäufung von Glykogen in Leber- und Muskelzellen, was zu fortschreitenden Organfehlfunktionen führt. Betroffene Hunde zeigen in den ersten Lebensjahren oft nur wenig klinische Symptome, mit fortschreitendem Alter äußert sich die Krankheit immer häufiger durch Lethargie und episodische Hypoglykämie mit Kollaps.

GM1-Gangliosidose

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay (1) bzw. Sequenzierung (2)
Rasse	Husky (2), Portugiesischer Wasserhund (2), Shiba Inu (1)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage: Shiba Inu; 1 – 2 Wochen: Husky, Portugiesischer Wasserhund

Erkrankung

Die GM1-Gangliosidose ist eine lysosomale Speicherkrankheit (s. Kap. 3.1 GM1 bei der Katze, Seite 167), die zu neurologischen Ausfallerscheinungen führt. Nach unauffälliger Welpenentwicklung treten im Alter von 3 – 8 Wochen die ersten Symptome auf: reduzierte Gewichtszunahme, tapsiger Gang, Kopfwackeln, Nystagmus. Mit zunehmendem Alter verstärken sich die Symptome. Im Alter von etwa 8 Monaten sterben die meisten Hunde an der Erkrankung oder werden euthanasiert. Eine Behandlung ist derzeit nicht möglich.

GM2-Gangliosidose

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Japan-Chin, Pudel, Shiba Inu
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

GM2-Gangliosidose ist eine progressive neurodegenerative lysosomale Speicherkrankheit, die durch eine rezessive Mutation des Gens HEXB verursacht wird. Betroffene Hunde sind nicht in der Lage, bestimmte Enzyme zu bilden, die erforderlich sind, um die neuronale Membrankomponente Gangliosid GM2 in viszeralem Gewebe abzubauen. Die Anhäufung dieser Stoffwechselprodukte führt zu einer fortschreitenden Zerstörung des Zentralnervensystems.

GM2 zeigt sich durch neurologische Symptome im Alter von 9 – 12 Monaten. Diese sind Verlust des Sehvermögens, Schwierigkeiten beim Gehen, Verlust des Gleichgewichts, Zittern und Erbrechen.

Sobald ein betroffener Hund erste entsprechende Symptome zeigt, schreitet die Krankheit schnell voran und führt in der Regel im Alter zwischen 18 und 23 Monaten zum Tod.

Grey Collie Syndrome (Canine zyklische Neutropenie) (GCS)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Collie (Kurzhaar/Langhaar)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Das Grey Collie Syndrome (GCS) wird durch eine Störung bei der Blutzellbildung hervorgerufen. Durch die zyklische Verminderung der Blutzellen alle 10 – 12 Tage neigen betroffene Hunde zu Blutungen und sind sehr anfällig für Infektionen. Welpen sind gewöhnlich kleiner und schwächer als ihre Wurfgeschwister. Im Alter von 8 – 12 Wochen entwickeln sich klinische Symptome wie z.B. Fieber, Diarrhoe und Gelenkschmerzen. Betroffene Welpen leiden unter wiederkehrenden, bakteriellen Infektionen, v. a. Infektionen der Atemwege und des Magen-Darm-Trakts. Beim Grey Collie Syndrom handelt

es sich um eine ernste Funktionsstörung, betroffene Hunde werden selten älter als 2 – 3 Jahre. Betroffene Welpen haben ein silbergraues Fell, abgestuft von sehr hell bis schwärzlich-rötlich, manchmal gelblich aufgrund einer Mischung von hellbeigem und hellgrauem Haar.

Hämophilie A (Faktor VIII-Defizienz)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung (1), TaqMan SNP Assay (2) bzw. Fragmentlängenanalyse (3)
Rasse	Bobtail (1), Boxer (1), Deutscher Schäferhund (2), Havaneser (3), Labrador Retriever (1), Rhodesian Ridgeback (3)
Erbgang	X-chromosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage: (2); 1 – 2 Wochen: (1), (3)

Erkrankung

Bei dieser angeborenen Blutgerinnungsstörung kommt es zu Symptomen wie größeren Blutergüssen (Hämatomen), Nasenbluten, Haut-, Muskel- und Gelenkblutungen. Nach größeren Verletzungen oder Operationen können schwere Verläufe ohne Therapie oder Prophylaxe tödlich enden. Auslöser der erhöhten Blutungsneigung ist ein genetisch verursachter Mangel oder eine reduzierte Aktivität des Faktors VIII, einem für die Blutgerinnung wichtigen Gerinnungsfaktor. Dieser besitzt in der Gerinnungskaskade eine Schlüsselfunktion.

Hämophilie B (Faktor IX-Defizienz)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung (1) bzw. TaqMan SNP Assay (2)
Rasse	Amerikanischer Akita (1), Hovawart (1), Lhasa Apso (1), Rhodesian Ridgeback (2)
Erbgang	X-chromosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage: Rhodesian Ridgeback; 1 – 2 Wochen: Amerikanischer Akita, Hovawart, Lhasa Apso

Erkrankung

Die Hämophilie B gehört zu den wichtigsten vererb baren Blutgerinnungsstörungen bei der Rasse Rhodesian Ridgeback. Die Erkrankung ist auf einen Mangel oder eine reduzierte Aktivität des Faktors IX zurückzuführen, der eine Schlüsselfunktion in der Blutgerinnungskaskade besitzt. Je nach Ausprägung des Faktor-IX-Mangels kommt es zu einer leichten bis schweren Blutungsneigung. Anzeichen einer Hämophilie sind größere Hämatome, Nasenbluten, Haut-, Muskel- und Gelenkblutungen. Schwere Verläufe nach größeren Verletzungen oder Operationen können ohne Therapie oder Prophylaxe tödlich verlaufen. Weitere genetische Ursachen der Hämophilie B konnten in wenigen Fällen beim Lhasa Apso, Hovawart und Amerikanischen Akita gefunden werden.

Hämorrhagische Diathese (Scott-Syndrom)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Deutscher Schäferhund
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Das Scott-Syndrom ist eine seltene, autosomal-rezessiv vererbte hämorrhagische Diathese bei Deutschen Schäferhunden.

Diese Blutungsneigung erklärt sich durch eine gestörte Gerinnungsaktivität, erkennbar an aktivierten Thrombozyten, die nicht in der Lage sind, anionische Phospholipide, speziell Phosphatidylserin, zu präsentieren und Proagulans-Mikropartikel auszuschütten. Die Präsentation von Aminophospholipiden (hauptsächlich Phosphatidylserin) an der Oberfläche aktiverter Thrombozyten ist essenziell für die Bildung der in der Blutgerinnung wirksamen Enzymkomplexe.

Andere Gerinnungsparameter, mit Ausnahme eines verminderten Prothrombin-Verbrauchs während der Gerinnung von Vollblut, sind unverändert.

Hereditäre Ataxie (HA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP (1), Sequenzierung (2)
Rasse	Australian Shepherd (2), Bobtail (1), Gordon Setter (1), Miniature American Shepherd (2), Norwegischer Buhund (2), Norwegischer Elchhund (2)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage: Bobtail, Gordon Setter; 1 – 2 Wochen: Australian Shepherd, Miniature American Shepherd, Norwegischer Buhund, Norwegischer Elchhund

Erkrankung

Hereditäre Ataxie (HA) ist eine fortschreitende Erkrankung des Bewegungsapparates, die durch Hypermetrie, unkoordinierten Gang, Tremor und Spastiken bis hin zu schweren Gangstörungen und Gleichgewichtsverlust gekennzeichnet ist.

Bei den Rassen Bobtail und Gordon Setter treten erste Symptome im Alter von 5 Monaten bis 4 Jahren auf. Als ursächliche Mutation wurde bei diesen Rassen eine Variante des RAB24-Gens identifiziert.

Eine Mutation im KCNIP4-Gen verursacht HA bei der Rasse Norwegischer Buhund, während eine Mutation im HACE1-Gen bei Norwegischen Elchhunden gefunden wurde. Betroffene Welpen beider Rassen zeigen im Alter zwischen 4 und 20 Wochen klinische Symptome, die Welpen rutschen leicht auf dem Boden aus, fallen gelegentlich um und haben eine rasseuntypische hängende Rute.

Bei Australian Shepherd und Miniature American Shepherd sind zwischen dem 4. und 19. Lebensmonat erste Anzeichen wie Hypermetrie, „Bunny-Hopping“ und ein wackeliger und steifer Gang insbesondere der hinteren Gliedmaßen zu erkennen. Diese unkoordinierten Bewegungen und Spastiken verschlechtern sich zunehmend, sodass die Hunde im Alter von 30 bis 44 Monaten nicht mehr laufen konnten. Die histologischen Ergebnisse des Gehirns zeigten eine diffuse Demyelinisierung. Eine Mutation im PNPLA8-Gen verursacht HA bei diesen Rassen.

Hereditäre Katarakt (HSF4)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Australian Shepherd (1), Französischer Rauhaariger Vorstehhund (Korthals) (2), Miniature American Shepherd (1), Wäller (1)
Erbgang	(1) unklar (2) autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Als Katarakt wird eine Trübung der Augenlinse bezeichnet, die aufgrund der sichtbaren gräulichen Verfärbung im fortgeschrittenen Stadium auch als „Grauer Star“ bekannt ist. Die hereditäre Katarakt (HC) beim Australian Shepherd, Miniature American Shepherd und Wäller ist eine erbliche Form der Katarakt aufgrund einer Mutation im HSF4-Gen (Heat-Shock-Factor-4-Gen), die als Hochrisikofaktor angesehen werden kann. So konnte gezeigt werden, dass Mutationsträger ein etwa 17fach erhöhtes Risiko aufweisen, an binokularer Katarakt zu erkranken als Hunde, die die beschriebene Mutation nicht tragen. Heterozygote Anlageträger, die nur eine Kopie des defekten HSF4-Gens besitzen, leiden häufig an einer hinteren subkapsulären Katarakt, die nur selten das Sehvermögen beeinflusst. Tritt die Mutation reinerbig (homozygot) auf, erkranken die betroffenen Hunde an einer nukleären Form, welche das Sehvermögen fortschreitend beeinträchtigt. Die ersten Symptome treten häufig, aber nicht ausschließlich, in jungen Jahren auf. Laut neuesten Studien wird ein autosomal-rezessiver Erbgang vermutet, der aber von mindestens einem weiteren genetischen Faktor beeinflusst wird. Dieser Faktor ist bislang noch nicht explizit identifiziert und Gegenstand fortlaufender Forschung. Auch bei der Rasse Französischer Rauhaariger Vorstehhund (Korthals) tritt eine juvenile Form der Katarakt auf. Im Gentest kann die ursächliche Variante im FYCO1-Gen nachgewiesen werden. Diese Form der HC wird autosomal-rezessiv vererbt.

Hereditäre Katarakt (HSF4)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Boston Terrier, Französische Bulldogge, Staffordshire Bull Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Eine andere genetische Variante führt beim Boston Terrier zu der frühen Form der Katarakt. Die gleiche Variante verursacht Katarakt bei der Französischen Bulldogge und beim Staffordshire Bull Terrier. Bei allen 3 Rassen wird die Katarakt autosomal-rezessiv vererbt.

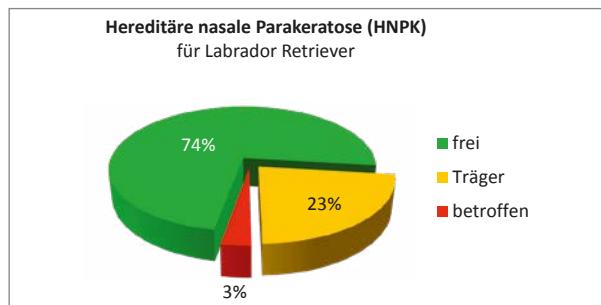
Hereditäre nasale Parakeratose (HNPK)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay (1) bzw. Sequenzierung (2)
Rasse	Greyhound (2), Labrador Retriever (1)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage: Labrador Retriever; 1 – 2 Wochen: Greyhound

Erkrankung

Bei der hereditären nasalen Parakeratose handelt es sich um einen Gendefekt, der zu einer Austrocknung der Hundennase führt. Vor allem auf der oberen Seite (dorsaler Nasenspiegel) bildet sich eine trockene, borkige Hautschicht, die mit der Nase verbunden ist und sich nicht ablösen lässt.

Es können sich Risse bilden, die sekundär Infektionen durch Bakterien nach sich ziehen. Auch eine Aufhellung des dunklen Nasenspiegels kann beobachtet werden. Erste Symptome treten im Alter von 6 Monaten bis einem Jahr auf. Eine symptomatische Behandlung mit Vaseline, Propylenglycol- oder Salicylsäurehaltigen Produkten kann bei der Auflösung der trockenen Borken helfen. Die genetische Ursache für die Erkrankung beim Labrador Retriever konnte von Forschern des Instituts für Genetik der Vetsuisse-Fakultät an der Universität Bern (Arbeitsgruppe Prof. Dr. Tosso Leeb) aufgeklärt werden. Die genetische Ursache für HNPK beim Greyhound wurde von Prof. Drögemüller (Universität Bern) gefunden. Laboklin konnte die exklusive Lizenz für den Gentest zum Nachweis der HNPK-Mutation beim Labrador Retriever erwerben und besitzt somit bei dieser Rasse weltweit das alleinige Untersuchungsrecht.



Hereditäre Neuropathie (GHN)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	Greyhound
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

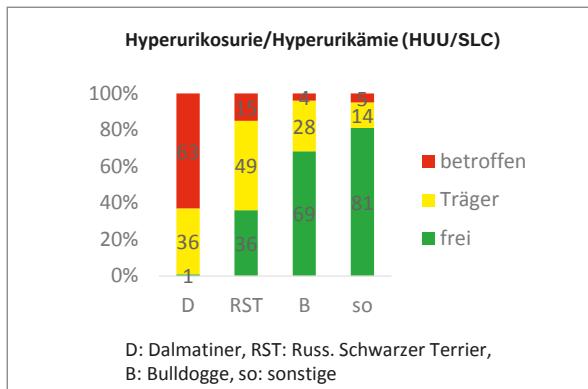
Bei der hereditären Neuropathie kommt es zu einer Unterversorgung der peripheren Nervenfasern und folglich zu einer Nervendegeneration. Aufgrund der fehlenden Stimulation der Muskulatur durch das periphere Nervensystem wird diese sukzessiv abgebaut. Die ersten klinischen Anzeichen zeigen sich in den ersten zwei Lebensjahren. Symptome sind v.a. fortschreitende Muskelschwäche, geringe Belastbarkeit, Reflexausfälle und eine Ataxie aller Gliedmaßen, später Verlust des Stehvermögens. Aufgrund einer fortschreitenden Lähmung des Kehlkopfes kommt es zu Atemproblemen und heiserem Bellen. Das Allgemeinbefinden ist unbeeinträchtigt. Häufig wird die Erkrankung aufgrund von ähnlichen Symptomen bei anderen neurologischen Problemen nicht oder falsch diagnostiziert.

Hyperurikosurie und Hyperurikämie (HUU/SLC)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Die Hyperurikosurie und Hyperurikämie ist eine von Geburt an auftretende Veränderung im Purinstoffwechsel. Normalerweise wird vom Hund Allantoin als Endprodukt ausgeschieden. Hunde, die die Mutation im SLC2A9-Gen homozygot tragen, scheiden wesentlich weniger Allantoin und mehr Harnsäure aus (Hyperurikosurie). Ebenso wie im Harn ist der Gehalt an Harnsäure im Plasma um das 2- bis 4-fache höher als bei gesunden Hunden (Hyperurikämie). Da die Harnsäure weniger gut wasserlöslich ist als Allantoin, können höhere Mengen im Harn zu Kristallbildung führen, es entstehen Blasensteine, die häufig operativ entfernt werden müssen. Betroffene Hunde sollten vorbeugend eine purinarme Diät erhalten, außerdem muss auf ausreichende Flüssigkeitszufuhr geachtet werden.



Hypomyelinisierung/Shaking Puppy Syndrome (SPS)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay (1), Sequenzierung (2)
Rasse	English Springer Spaniel (2), Weimaraner (1)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage: Weimaraner; 1 – 2 Wochen: English Springer Spaniel

Erkrankung

Die Ursache dieser Erkrankung sind Fehlbildungen in der Myelinscheide des Rückenmarks. Im Alter von 12 – 14 Tagen zeigen betroffene Hunde ein generalisiertes Zittern, dessen Schwere stark variiert. Die Hunde können gehen, weisen jedoch einen hüpfenden Gang in den Hinterbeinen auf. Das Zittern hört in der Ruhephase sowie im Schlaf auf. Zudem verringert es sich stark ab einem Alter von 3 – 4 Monaten, teilweise bis hin zum völligen Verschwinden.

Hypophosphatasie (HPP)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Karelischer Bärenhund
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Hypophosphatasie (HPP) ist eine metabolische Erkrankung der Knochen, welche sich durch eine unzureichende Mineralisierung des Skeletts kennzeichnen lässt und sowohl beim Karelischen Bärenhund als auch beim Menschen beschrieben wurde. Beim Karelischen Bärenhund kann eine Variante im Gen der alkalischen Phosphatase (ALPL)

mit den Symptomen einer HPP assoziiert werden. Die ersten Anzeichen einer HPP zeigen sich beim Karelischen Bärenhund im Alter von 2 – 10 Wochen. Typische erste Symptome können sein: Wachstumsverzögerungen, geduckte Haltung, Krampfanfälle, generelle Muskelschwäche und Schwierigkeiten beim Laufen und/oder Bewegen. Durch die beschriebene Variante kommt es zu einer mangelhaften Mineralisierung des Skeletts. Bei pathologischen Untersuchungen wurden Überstreckungen der distalen Gelenke, sanduhrförmige Diaphysen sowie sehr schwach mineralisierte Epiphysen, Hand- und Fußwurzelknochen gefunden. Zudem können bei Serumanalysen der betroffenen Welpen erhöhte Werte des Totalproteins, Albumins und Harnstoffs auftreten und über den Harn wird vermehrt PEA (Phosphatase-Substrat-Phosphoethanolamin) ausgeschieden. Die betroffenen Welpen sterben meist bereits im Alter von wenigen Wochen oder werden aufgrund der schwerwiegenden Symptome euthanasiert.

Ichthyose bei der Deutschen Dogge

siehe Faltendoggen-Syndrom, Seite 55

Ichthyose beim American Bulldog

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	American Bulldog
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

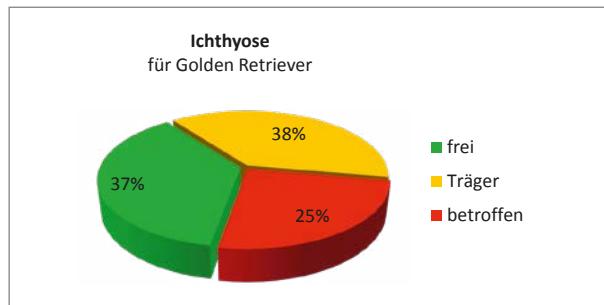
Die Ichthyose ist eine angeborene Störung der normalen Abschuppung der Haut, der eine Veränderung der Keratinisierung zugrunde liegt. Der Name Ichthyose leitet sich vom griechischen Wort für Fisch (Ichthýs) ab, da sich bei betroffenen Hunden unterschiedlich pigmentierte, große Schuppen ablösen. Zusätzlich kann die Haut selbst auch unterschiedlich stark pigmentiert erscheinen. Erste Symptome der Erkrankung zeigen sich schon nach wenigen Lebenswochen. Bisher gibt es keine Heilung für die Ichthyose, auch wenn die Schuppenbildung mit zunehmendem Alter abnehmen kann.

Ichthyose* beim Golden Retriever

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Partnerlabor
Rasse	Golden Retriever
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

siehe Erkrankung Ichthyose beim American Bulldog



Ichthyose Typ 2 beim Golden Retriever

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Golden Retriever
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Siehe Erkrankung Ichthyose beim American Bulldog; die Typ-2-Variante wurde bislang hauptsächlich bei amerikanischen Linien identifiziert.

Imerslund-Gräsbeck-Syndrom (IGS)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay (1), Sequenzierung (2)
Rasse	Beagle (1), Border Collie (1), Komondor (2)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage: Beagle, Border Collie; 1 – 2 Wochen: Komondor

Erkrankung

Das Imerslund-Gräsbeck-Syndrom (IGS) ist gekennzeichnet durch die Malabsorption von Vitamin B12 aus der Nahrung. Der chronische Cobalamin-Mangel führt zu Veränderungen im Blutsystem (wie beispielsweise makrozytäre Anämie) und neurologischen Ausfällen aufgrund irreversibler Schädigungen des Gehirns und Nervensystems. IGS kann durch eine frühzeitige und regelmäßige Substitution von Vitamin B12 therapiert werden.

Junctional epidermolysis bullosa (JEB)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung

Rasse	Deutsch Kurzhaar
Erbgang	autosomal-rezessiv; nachgewiesen wird eine Mutation, die zusammen mit der ursächlichen Mutation vererbt wird
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Es handelt sich hierbei um eine Hautkrankheit, bei der es aufgrund von Defekten innerhalb der kutanen Basalmembranzone durch minimale Reibung oder Traumata zur blasenförmigen Spaltbildung zwischen Dermis und Epidermis kommt. Es treten Erosionen und Verkrustungen im Bereich der Ballen, an Druckpunkten der Extremitäten wie Knie, Ellenbogen, Sprunggelenken, Handwurzelknochen und Hüften, im Inneren der Ohrmuscheln sowie in Bereichen des Zahnfleisches, der Zunge und der Lippen auf. Einige Hunde zeigen zudem einen körnigen Zahnschmelz.

Juvenile Enzephalopathie (JBD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung
Rasse	Jack Russell Terrier, Parson Russell Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die juvenile Enzephalopathie beim Russell Terrier ist eine schwere Hirnerkrankung, die bereits im Alter von 6 – 12 Wochen einsetzt. Betroffene Hunde leiden unter epileptischen Anfällen. Die Erkrankung schreitet sehr schnell voran und verursacht irreversible Gehirnschäden, die zum Tod führen.

Juvenile Epilepsie (JE)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Lagotto Romagnolo
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

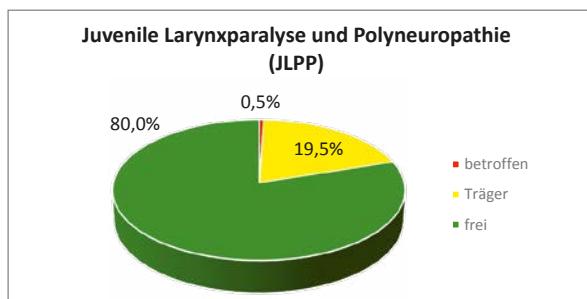
Beim Lagotto Romagnolo tritt eine Form der Epilepsie auf, die bereits im frühen Lebensalter der Hunde zu Symptomen führt. Die juvenile Epilepsie ist erblich bedingt und zeigt sich ab der 5. bis zur 12. Lebenswoche. Typische Symptome umfassen leichtes Zittern, unsicheren Gang, Unfähigkeit zu laufen und kurzzeitige spastische Lähmungen. Da die Symptome nur zeitlich begrenzt und unterschiedlich stark ausgeprägt auftreten, ist der Gentest die einzige Möglichkeit, die Erkrankung sicher nachzuweisen.

Juvenile Larynxpathalyse und Polyneuropathie (JLPP)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Rottweiler, Russischer Schwarzer Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktagen

Erkrankung

Die juvenile Larynxpathalyse und Polyneuropathie (JLPP) ist eine Erbkrankheit, die bei betroffenen Tieren bereits ab einem Alter von 3 Monaten zu Atemschwierigkeiten bei Aufregung oder körperlicher Anstrengung führt. Ebenso fällt eine Veränderung des Bellens auf. Im weiteren Verlauf der Krankheit entwickeln sich Schwäche und Koordinationsprobleme der Hinterläufe, was sich langsam auch auf die Vorderläufe ausweitet. Schwierigkeiten beim Schlucken treten ebenso auf, was die Gefahr von Ersticken oder Lungenentzündungen birgt. Die Krankheit ist nicht heilbar und führt bereits wenige Monate nach Auftreten der Symptome zum Tod.

**Juvenile myoklonische Epilepsie (JME)**

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Rhodesian Ridgeback
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktagen

Erkrankung

Erste Symptome der JME treten schon früh auf – typischerweise im Alter von etwa 6 Monaten. Die Hunde leiden unter unwillkürlichen plötzlichen Muskelzuckungen (Myoklonien), die insbesondere im Ruhezustand auftreten; diese dauern zwar nur kurz an (weniger als eine Sekunde), treten jedoch oft in Serie auf und variieren stark in ihren Ausmaßen. Viele Hunde wirken während und kurz nach diesen Episoden verwirrt und ängstlich. Die Anfälle treten in über 85 % der Fälle täglich auf. Im Verlauf der Erkrankung

kommt es bei einigen Hunden zu den typischen epileptischen Anfällen. Die Behandlung mit Antiepileptika kann zu einer Verbesserung führen.

Kardiomyopathie mit Welpensterblichkeit (CJM)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung
Rasse	Belgischer Schäferhund
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Beim Belgischen Schäferhund wurde eine genetische Variante gefunden, die mit einer Form der Welpensterblichkeit (Cardiomyopathy with juvenile mortality, CJM) korreliert. Sterben die betroffenen Welpen nicht bereits bei der Geburt, entwickeln sie sich zunächst scheinbar normal. Im Alter von maximal 6 – 8 Wochen zeigen sie jedoch recht unspezifische Symptome, wie zum Beispiel Erbrechen, unkoordinierte Bewegungen, Zittern oder Atemwegsbeschwerden, und sterben innerhalb weniger Tage, meist an Herzversagen. Die genetische Untersuchung auf CJM ermöglicht eine gezielte Verpaarung der Zuchthunde. Aufgrund des autosomal-rezessiven Erbgangs müssen Trägertiere nicht aus der Zucht ausgeschlossen werden, sollten aber nur mit frei getesteten Tieren verpaart werden, um betroffene Welpen zu vermeiden.

Kupferspeicherkrankheit beim Bedlington Terrier (CT/COMMD1)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	Bedlington Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Der Kupfer-Toxikose beim Bedlington Terrier liegt eine Störung des Kupferstoffwechsels zugrunde, durch die es zu einer Akkumulation von Kupfer in der Leber und in weiteren Organen kommt. Kupfer übernimmt bei vielen biologischen Prozessen eine wichtige Rolle. Zu hohe Konzentrationen können jedoch toxisch sein.

Beim Bedlington Terrier wurde eine genetische Variante im COMMD1-Gen (früher als MURR1 bezeichnet) gefunden, die zu einer Kupfer-Toxikose führen kann. Das COMMD1-Protein interagiert mit dem ATP7B-Transporter und reguliert so die Kupferkonzentration innerhalb der Leberzellen. Durch die COMMD1-Variante kommt es zu einer gestörten Kupferausscheidung, was extrem hohen Kupferansammlungen in der Leber mit sich bringen kann.

Betroffene Hunde zeigen zunächst keine Symptome, später kommt es aber zu Leberschäden, Entzündungen, Fibrosen und Leberzirrhose. Die Erkrankung zeigt sich meist erst im Erwachsenenalter durch verminderte Aktivität, reduzierten Appetit, übermäßigen

Durst, Erbrechen, Gewichtsverlust, Gelbsucht (Ikterus), Bauchwassersucht (Aszites) und neurologische Auffälligkeiten. Durch die Freisetzung von Kupfer in den Blutkreislauf kann es auch zu hämolytischen Anämien (Auflösung roter Blutkörperchen) kommen. Zu den Behandlungsmöglichkeiten einer Kupfer-Toxikose zählen: Fütterung von Nahrung mit niedriger Kupferkonzentration (sogenanntes „Leberdiät-Futter“), Chelattherapie (welche die Ausscheidung von Kupfer fördern soll) oder die Aufnahme von Zink (blockiert die Kupferaufnahme in den Enterozyten). Bei Hunden mit ausgeprägter Kupfer-toxikose kann auch die Kombination mehrerer Behandlungsansätze notwendig sein.

Kupferspeicherkrankheit* beim Labrador Retriever und Dobermann (CT)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Partnerlabor
Rasse	Dobermann, Labrador Retriever
Erbgang	autosomal-dominant mit variabler Penetranz (ATP7B) bzw. X-chromosomal mit unbekannter Penetranz (ATP7A)
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die Kupfer-Homöostase wird unter anderem durch die Aufnahme von Kupfer im Dünndarm und durch die Ausscheidung des überschüssigen Kupfers über das Gallensystem reguliert. Bei den Rassen Labrador Retriever und Dobermann scheiden Hunde, die an einer Kupferspeicherkrankheit leiden, weniger Kupfer aus als gesunde Hunde. Dadurch kommt es zu übermäßiger Kupfereinlagerung in der Leber und in anderen Organen, was zu Leberschäden und Zirrhose führen kann. Die Erkrankung beginnt typischerweise erst relativ spät (im mittleren bzw. späten Alter) mit variablen Symptomen wie zum Beispiel Gewichtsverlust, Lethargie, Müdigkeit, Erbrechen, Durchfall, abdominalen Schmerzen und neurologischen Störungen.

Eine Variante im Gen der kupfertransportierenden ATPase ATP7B kann mit einem erhöhten Kupferlevel in der Leber assoziiert werden und wird autosomal-dominant mit unvollständiger Penetranz vererbt. Das bedeutet, dass Hunde mit einer Kopie der Variante (N/ATP7B) ein leicht erhöhtes Risiko besitzen, an der Kupferspeicherkrankheit zu erkranken. Hunde mit zwei Kopien der Variante (ATP7B/ATP7B) haben dagegen ein noch höheres Risiko für die Erkrankung. Da mehrere genetische Faktoren und Umweltfaktoren eine Kupferspeicherkrankheit auslösen, können auch Hunde ohne ATP7B-Variante an der Erkrankung leiden. Ebenso gibt es auch Hunde mit zwei Kopien der ATP7B-Variante, die dennoch zeitlebens keine Symptome zeigen. Hunde mit der ATP7B-Variante sollten allerdings immer mit Hunden ohne ATP7B-Variante verpaart werden.

Eine Variante im Gen der ATP7A-ATPase dagegen verringert das Risiko für Kupferspeicherkrankheit bei Hunden der Rasse Labrador Retriever mit ein oder zwei Kopien der ATP7B-Variante, indem es die übermäßige Ansammlung an Kupfer in der Leber minimiert. Da die ATP7A-Variante X-chromosomal dominant mit unvollständiger Penetranz vererbt wird, müssen Hündinnen für den schützenden Effekt die Variante von beiden Elterntieren erben, während bei Rüden das ATPA-Gen nur auf dem einen X-Chromosom vorliegen

kann und somit eine Variante des Gens ausreicht. Aus diesem Grund erkranken Hündinnen häufiger als Rüden. Bei der Rasse Dobermann wurde die ATP7A-Variante ebenfalls identifiziert, bislang konnte aber bei dieser Rasse der schützende Effekt der ATP7A-Variante noch nicht nachgewiesen werden.

L-2-Hydroxyglutaracidurie (L-2-HGA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Staffordshire Bull Terrier, Yorkshire Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

L-2-HGA (L-2-hydroxyglutaric aciduria) beim Staffordshire Bull Terrier ist eine neurometabolische Erkrankung, die durch erhöhte Spiegel an L-2-Hydroxyglutarsäure im Urin, Plasma und in der Zerebrospinalflüssigkeit charakterisiert ist. L-2-HGA verursacht schwere Störungen im Bereich des zentralen Nervensystems. Erste klinische Anzeichen treten gewöhnlich im Alter von 6 Monaten bis zu 1 Jahr (teilweise auch erst zu einem späteren Zeitpunkt) auf. L-2-HGA ruft eine Vielzahl von neurologischen Defiziten wie psychomotorische Retardierung, Anfälle und Ataxie hervor. Symptome sind ein „wackeliger Gang“, Muskelsteifigkeit nach Belastung oder Aufregung und Verhaltensänderungen.

Lafora-Epilepsie

Material	1 ml EDTA-Blut
Methode	spezielle Fragmentlängenanalyse
Rasse	Basset Hound, Beagle, Chihuahua, Dackel, Französische Bulldogge, Neufundländer, Welsh Corgi Cardigan, Welsh Corgi Pembroke
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	2 – 3 Wochen

Erkrankung

Unter dem Lafora-Syndrom versteht man einen autosomal-rezessiv vererbten Defekt des Glykogenmetabolismus, der eine progressiv verlaufende myoklonische Epilepsie auslöst. Durch eine Mutation im NHLRC1-Gen (auch EPM2B genannt) kommt es zu einer Umwandlung von löslichem Glykogen zu unlöslichem Polyglukosan, das zu neurotoxischen Einschlüssen, sogenannten Lafora-Körperchen, aggregiert. Die Lafora-Körperchen lagern sich in den neuronalen somatodendritischen Kompartimenten des Gehirns ein, können aber auch in anderen Organen wie Muskel, Herz, Haut und Leber gefunden werden. Als Symptome des Lafora-Syndroms wurden beschrieben: schlechte Sehkraft/Blindheit, generelle tonisch-klonische Krampfanfälle, myoklonische Zuckungen (oftmals durch Licht, akustische Signale oder plötzliche Bewegungen im Sehfeld ausgelöst), Panikattacken, Demenz, Aggressionen sowie im späteren Verlauf Kot- und Harninkontinenz. Die ersten

Symptome zeigen sich meist ab einem Alter von 7 Jahren. Da es sich um eine progressive Erkrankung handelt, nimmt die Frequenz und die Stärke der Anfälle mit der Zeit zu. Zurzeit kann die genetische Untersuchung auf das Lafora-Syndrom nur anhand einer **EDTA-Blutprobe (keine Backenabstriche)** durchgeführt werden.

Lagotto Speicherkrankheit (LSD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Lagotto Romagnolo
Erbgang	autosomal-rezessiv mit unvollständiger Penetranz
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

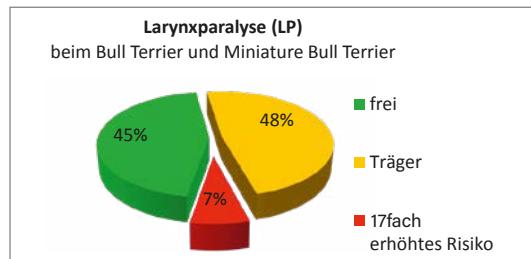
Die Lagotto Speicherkrankheit (LSD) ist eine Speichererkrankung mit neurodegenerativer Symptomatik, die bei betroffenen Tieren zu zerebellären Schäden führt. Diese sind die Ursache für Störungen der Bewegungskontrolle und Balance. Bei manchen betroffenen Hunden sind auch abnormale Augenbewegungen (Nystagmus) sowie Verhaltensänderungen wie Aggressivität oder Rastlosigkeit erkennbar. Erste Symptome zeigen sich im Alter zwischen 4 Monaten und 4 Jahren.

Larynxparalyse (LP)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	Bull Terrier, Miniature Bull Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv mit unvollständiger Penetranz
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei einer Larynxparalyse (Kehlkopflähmung) werden die Atemwege durch gelähmte Stimmfalten eingeengt, was zu Atemnot führen kann. Die Larynxparalyse kann erblich bedingt sein oder im Laufe des Lebens erworben werden, zum Beispiel durch Wunden, Bisse, Tumore, chirurgisches Trauma etc. Zu den typischen klinischen Symptomen gehören eine eingeschränkte Bewegungstoleranz, progressiver laryngealer Stridor, Beeinträchtigungen der Stimme, Atemnot und Kollaps. Bei den Rassen Bull Terrier und Miniature Bull Terrier konnte eine Variante gefunden werden, welche einen genetischen Hochrisikofaktor für eine frühe Form der Larynxparalyse bei diesen beiden Rassen darstellt. Homozygot betroffene Hunde haben ein 17fach erhöhtes Risiko, eine Larynxparalyse zu entwickeln. Deshalb sollten Verpaarungen so geplant werden, dass mindestens eines der Elterntiere als homozygot frei getestet wurde, um homozygot betroffene Welpen zu vermeiden.



Larynxparalyse mit Polyneuropathie Typ 3 (LPPN3)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Bernhardiner, Labrador Retriever, Leonberger
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Von LPPN3 betroffene Hunde zeigen oft als erstes Symptom Atembeschwerden, die sich durch lautes und röchelndes Atmen bemerkbar machen und bis zur Kehlkopflähmung führen können. Weitere typische Symptome einer Polyneuropathie, wie z. B. Gangstörungen, können hinzukommen. Neben dieser Mutation gibt es weitere ursächliche Mutationen, die beim Leonberger zu den ähnlichen Erkrankungen LPN1 oder LPN2 führen.

Late onset Ataxie (LOA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Jack Russell Terrier, Parson Russell Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Durch eine Mutation im Calcium activated neutral proteinase (CAPN1)-Gen kann es bei betroffenen Tieren zu einer sich stetig verschlimmernden Störung des Bewegungsapparates kommen. Neben anfänglichen Koordinationsproblemen und Gleichgewichtsstörungen kann dies bis zur völligen Bewegungsunfähigkeit führen. Betroffene Tiere entwickeln die Symptome in der Regel zwischen dem 6. und 12. Lebensmonat.

Leonberger Polyneuropathie (LPN1 und LPN2)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse (LPN1), Sequenzierung (LPN2)
Rasse	Leonberger
Erbgang	autosomal-rezessiv (LPN1) bzw. autosomal-dominant mit unvollständiger Penetranz (LPN2)
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die Polyneuropathie bei Leonbergern ist gekennzeichnet durch ein variables Auftreten verschiedener klinischer Symptome und unterschiedliche Erkrankungsalter. Die Polyneuropathie zeigt sich durch eine zunehmende Bewegungsintoleranz sowie einen unkoordinierten Gang, vor allem in der Hinterhand. Schlussendlich können die Tiere ihr eigenes Gewicht kaum noch tragen. Zusätzlich kommt es zu deutlichen Atemgeräuschen, verändertem Bellen und Schluckbeschwerden.

Die Typ1-Polyneuropathie beim Leonberger (LPN1) wird durch eine Mutation im ARHGEF10-Gen ausgelöst. Die Erkrankung beginnt in einem Alter von 2 – 4 Jahren und ist gekennzeichnet durch einen schweren Krankheitsverlauf. Die LPN1-Mutation erklärt circa 11 % aller Polyneuropathie-Fälle beim Leonberger.

Eine Mutation im GJA9-Gen konnte als Auslöser einer zweiten Polyneuropathie-Form beim Leonberger (LPN2) identifiziert werden. Das GJA9-Protein ist Mitglied der Connexin-Gap Junction-Familie, deren Mitglieder sich als wichtige Bestandteile peripherer myelinisierter Nervenfasern herausgestellt haben. Das durchschnittliche Erkrankungsalter beträgt hier etwa 6 Jahre. LPN2 erklärt circa 21 % aller Polyneuropathie-Fälle beim Leonberger.

Neben diesen beiden Mutationen gibt es weitere unbekannte ursächliche Mutationen.

Letale Akrodermatitis (LAD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Bull Terrier, Miniature Bull Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Die letale Akrodermatitis ist gekennzeichnet durch Hautläsionen an den Pfoten und im Gesicht, die zu Entzündungen aufgrund sekundärer Infektionen mit Malassezien oder Candida neigen. Dies wird durch eine Immunschwäche aufgrund von IgA-Mangel noch gefördert. Die Hautläsionen führen außerdem zu einer Hyperkeratose der Ballen und zur Deformation der Krallen. Zudem leiden betroffene Tiere unter Durchfall und Lungenentzündungen. Die Symptome zeigen sich in den ersten Lebenswochen. Betroffene Welpen gedeihen schlechter als ihre Wurfgeschwister und sterben oft im Laufe der ersten beiden Jahre.

Letale Lungenerkrankung (LAMP3)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Airedale Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv mit unvollständiger Penetranz
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Der sogenannte Lungensurfactant besteht aus einer Mischung aus Lipiden und Proteinen und bildet an der Oberfläche der Alveolen (Lungenbläschen, an denen der Gasaustausch stattfindet) eine dünne Schicht. Der Surfactant reduziert die Oberflächenspannung und verhindert so, dass die Alveolen am Ende der Ausatmung kollabieren. Die Bildung des Surfactants findet in speziellen Organellen innerhalb der AEClII-Zellen (alveolar epithelial type II cells), den Lamellarkörperchen (lamellar bodies), statt. Nach der Synthese wird der Surfactant von den Lamellarkörperchen in den Alveolarraum ausgeschüttet.

Bei der Rasse Airedale Terrier konnte eine genetische Variante im LAMP3-Gen, welches für ein Membranprotein der Lamellarkörperchen kodiert, gefunden werden, die eine schwere Lungenerkrankung auslöst. Bei dieser Erkrankung können sich die Lamellarkörperchen nicht richtig ausbilden, was folglich auch die Synthese des Surfactants stark beeinträchtigt. Homozygot betroffene Welpen zeigen aufgrund des starken Sauerstoffmangels Atemnot und Lungenversagen innerhalb der ersten Tage oder Wochen nach der Geburt. Typische Symptome sind Lethargie bereits bei der Geburt, die Welpen weigern sich zu saugen und entwickeln Dyspnoe (Atemnot) oder Tachypnoe (hohe Atemfrequenz), sodass sie meist euthanasiert werden müssen. Bei der Untersuchung der Lungen betroffener Welpen wurden diese als ödematos (mit übermäßig viel Gewebewasser) und kaum mit Luft durchsetzt beschrieben, zum Teil waren sie von gummiartiger Struktur.

Beim Screening sehr vieler Airedale Terrier auf die beschriebene Variante fiel eine 6-jährige Hündin auf, welche genetisch homozygot betroffen war, aber laut ihres Besitzers nie Symptome einer Atemwegserkrankung zeigte. Aufgrund dieser Tatsache wird vermutet, dass neben der beschriebenen Variante eine unbekannte protektive Variante vorliegen könnte, welche eine unvollständige Penetranz dieser letalen Lungenerkrankung bedingt.

Leukoenzephalomyelopathie (LEMP)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung (1), TaqMan SNP Assay (2)
Rasse	Deutsche Dogge (1), Leonberger (2), Rottweiler (1)
Erbgang	autosomal-rezessiv mit unvollständiger Penetranz
Dauer	3 – 5 Werkstage: Leonberger; 1 – 2 Wochen: Deutsche Dogge, Rottweiler

Erkrankung

Leukoenzephalomyelopathie (LEMP) ist eine neurodegenerative Erkrankung der weißen Substanz des zentralen Nervensystems (ZNS). Durch Läsionen in der Myelinscheide, welche die Nervenfasern schützend umgibt, kommt es zu Störungen in der Nervenleitung. Typische Symptome von LEMP sind Koordinations- und Bewegungsstörungen. Nur wenige Monate nach den ersten Symptomen können die betroffenen Hunde weder aufstehen noch laufen. Bei den Rassen Leonberger, Rottweiler und Deutsche Dogge wurden Varianten im NAPEPLD-Gen gefunden, die mit LEMP assoziiert werden können. NAPEPLD codiert für ein Enzym des Endocannabinoid-Systems und scheint sowohl eine Rolle bei der Myelin-Homöostase und der ZNS-Entwicklung zu spielen als auch eine neuroprotektive Funktion zu besitzen. Die ersten Symptome treten bei LEMP im Alter von 1 – 3 Jahren auf und die Erkrankung wird autosomal-rezessiv vererbt. Da ca. 1 % der untersuchten Hunde ohne Symptome als homozygot betroffen getestet wurden, geht man von einer unvollständigen Penetranz aus und vermutet den Einfluss von modifizierenden Genen oder Faktoren.

Leukoenzephalopathie (LEP)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Schnauzer
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Der Begriff Leukoenzephalopathie beschreibt Erkrankungen der weißen Substanz des zentralen Nervensystems (ZNS). In den meisten Fällen führen Defekte des Myelinproteins und/oder metabolische Defekte der Oligodendrozyten zu einer unzureichenden Bildung oder Aufrechterhaltung der Myelinscheide.

Ein Schnauzer-Züchter berichtete von mehreren Welpen, welche neurologische Symptome wie Schluckbeschwerden, Tetraparese und Ataxie, Im-Kreis-Gehen, Missstimmung, Kopfnicken, Strabismus und tonisch-klonische Krampfanfälle zeigten oder plötzlich starben. Anhand des Genomvergleichs betroffener Welpen mit Schnauzern ohne jegliche Symptomatik konnte eine Variante identifiziert werden, die mit Leukoenzephalopathie beim Schnauzer assoziiert werden kann. Weitere Untersuchungen zeigten bei Gehirnen von betroffenen Hunden Läsionen der weißen Substanz des Cerebrums, eine verringerte Abgrenzung zwischen grauer und weißer Substanz und milden Hydrozephalus. Aufgrund der schwerwiegenden klinischen Symptome wurden die betroffenen Welpen bereits wenige Tage nach der Geburt euthanasiert.

Leukozyten-Adhäsionsdefizienz III (LAD3)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Deutscher Schäferhund
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die Leukozyten-Adhäsionsdefizienz ist eine erbliche Immunkrankheit. Sie wird durch eine rezessive Mutation ausgelöst, die den Zell-Zell-Kontakt betrifft. Dadurch ist die Chemotaxis der weißen Blutzellen gestört. So können zum Beispiel Granulozyten nicht mehr zu einem Infektionsbereich vordringen. Tiere mit LAD3 können weder Eiter noch eine Neutrophilie ausbilden.

Betroffene Hunde entwickeln wegen ihres schwachen Immunsystems schon sehr früh schwere, oft lebensbedrohliche Infektionen, die selbst durch hohe Gaben von Antibiotika nicht zu behandeln sind.

Lippen-Kiefer-Gaumenspalte und Syndaktylie (CLPS, CP1)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse (CP1) und TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung (ADAMTS20)
Rasse	Nova Scotia Duck Tolling Retriever
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Lippen-Kiefer-Gaumenspalte und Syndaktylie (CLPS) ist eine erblich bedingte Krankheit, die bisher nur beim Nova Scotia Duck Tolling Retriever nachgewiesen wurde. Zwei unterschiedliche genetische Ursachen sind für die Kiefer-Gaumenspalte beim Nova Scotia Duck Tolling Retriever verantwortlich: Eine Variante im Gen CP1 und eine weitere Variante im Gen ADAMTS20, welche auch beim Menschen zu ähnlichen Symptomen führt. Beide Varianten werden autosomal-rezessiv vererbt.

CLPS stellt eine angeborene Fehlbildung dar, bei der die betroffenen Welpen bereits bei der Geburt ein Loch im Gaumen aufweisen. Aufgrund dieser Auffälligkeit haben die Welpen Schwierigkeiten beim Säugen und besitzen ein erhöhtes Risiko für die Entwicklung einer Aspirationspneumonie, da Milch in die Lunge eindringen kann. Bei manchen betroffenen Welpen kann zudem ein verkürzter Unterkiefer auftreten (eine sogenannte Brachygnathie). Im Falle der ADAMTS20-Variante kann der pathologische Zusammenwuchs der mittleren Zehen, die Syndaktylie, ein weiteres Symptom der Erkrankung sein.

Lundehundsyndrom (LHS)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Norwegischer Lundehund
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Das Lundehundsyndrom (LHS) beim Norwegischen Lundehund umfasst typische Symptome, die denen einer Protein-losing-Enteropathie (PLE) ähneln. Diese sind Gastritis, Proteinverlust, chronische Entzündung, Lymphangiokistik und Malabsorption. Zusätzlich können ein schlechter Allgemeinzustand, häufiges Erbrechen und Ödeme bei betroffenen Tieren beobachtet werden.

Lysosomale Speicherkrankheit (LSD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Dalmatiner, Dobermann, Weimaraner
Erbgang	autosomal-rezessiv (Dobermann), bisher unklar (Dalmatiner, Weimaraner)
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Als lysosomale Speicherkrankheiten (LSD) bezeichnet man eine Gruppe erblich bedingter Erkrankungen mit progressiv verlaufenden neurologischen Symptomen. Diese werden durch eine abnormale Akkumulation von unvollständig katabolisierten Makromolekülen innerhalb der Lysosomen ausgelöst.

Beim Dalmatiner wird eine Lysosomale Speicherkrankheit durch eine genetische Variante im Gen CNP verursacht. Homozygot betroffene Hunde zeigen im Alter von 18 Monaten erste fortschreitende Symptome wie Verhaltensstörungen, kognitiven Abbau, Koordinationsverlust, Einschränkungen im Sehen, Angstzustände, Herumlaufen und Kreisen, Überempfindlichkeit, Schlafstörungen sowie Inkontinenz. Ab einem Alter von ca. 7 Jahren kommen Symptome wie Gleichgewichtsstörungen sowie Anzeichen von Orientierungslosigkeit hinzu. Die Hunde kippen beim Gehen um, laufen gegen Hindernisse und lehnen sich oft gegen Gegenstände, um sich abzustützen. Die Magnetresonanz-Bildgebung bestätigte eine generalisierte Hirnatrophie (Gehirnschwund) mit ausgeprägter Degeneration der weißen Substanz. Hunde, welche für die Variante heterozygot sind, können später einsetzende neurologische Störungen zeigen. Die Symptome sind ebenfalls progressiv, aber weniger schwerwiegend und entwickeln sich im Alter zwischen 9 und 11 Jahren. Klinische Anzeichen umfassen Appetitlosigkeit, Ataxie, Unruhe oder Schlafstörungen. Im Alter von etwa 12 Jahren zeigen einige Hunde einen erheblichen Koordinationsverlust, sie fallen um und haben Schwierigkeiten, wieder aufzustehen. Einige Hunde weisen auch Anzeichen einer Seh- und Hörbeinträchtigung auf.

Bei Weimaranern verursacht eine andere genetische Variante im CNP-Gen die lysosomale Speicherkrankheit. Die klinischen Symptome beginnen in einem Alter von etwa 4 Jahren, sind langsam fortschreitend und umfassen Schläfrigkeit, Lähmungserscheinungen, Ataxie (Störung der Bewegungscoordination) der Hinterbeine, eine verstärkte Neigung zum Hinfallen, zunehmende Kotinkontinenz, kognitiver Rückgang, mangelnde Koordination, Verlust des Interesses am Futter, Veränderungen der Körperhaltung und Episoden von tranceartigem Verhalten. Aufgrund der Verschlechterung des neurologischen Zustands muss eine Euthanasie in Betracht gezogen werden.

Bei der Rasse Dobermann wurde eine genetische Variante im MAN2B1-Gen gefunden, die für eine lysosomale Speicherkrankheit verantwortlich ist. Erste Symptome konnten bei einem betroffenen Hund bereits im Alter von etwa 2 Monaten festgestellt werden, darunter Schwerfälligkeit und Schwierigkeiten beim Stehen mit häufigen Stürzen.

Bei der neurologischen Untersuchung zeigten sich eine leichte geistige Schwäche, Schwierigkeiten bei der Bewegungscoordination (propriozeptive Ataxie), ein reduzierter Blinzelreflex (menace response) und ein Auswärtschielen der Augen (Strabismus divergens). Im weiteren Krankheitsverlauf entwickelten sich Aggressivität gegenüber anderen Hunden, Intoleranz gegenüber Pflege und Baden, zwanghaftes Verhalten wie Kreisen und unangemessenes Vokalisieren, sowie unkoordinierte Bewegungen und Schwierigkeiten beim Treppensteigen. Aufgrund des Fortschreitens der neurologischen Symptome, einschließlich Demenz und scheinbaren Halluzinationen, gekennzeichnet durch Reaktionen auf nicht offensichtliche Reize oder offene Bereiche/leere Räume, wurde der betroffene Hund im Alter von 14 Monaten eingeschläfert.

Makrothrombozytopenie (MTC)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	American Cocker Spaniel (1), Bichon Frisé (1), Boxer (1), Cairn Terrier (2), Cavalier King Charles Spaniel (1), Chihuahua (1), English Cocker Spaniel (1), Havaneser (1), Jack Russell Terrier (1, 2), Labrador Retriever (1), Malteser (1), Norfolk Terrier (2), Parson Russell Terrier (2), Pudel (1), Shih Tzu (1)
Erbgang	(1) autosomal-dominant (intermediär) bzw. (2) autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Makrothrombozytopenie (MTC) ist eine erbliche Störung der Bildung von Blutplättchen (Thrombozyten), die wichtige Funktionen bei der Blutstillung haben. Es wurden 2 Mutationen im β 1-Tubulin-Gen identifiziert, wovon eine einen rezessiven, die andere einen dominanten Erbgang aufweist.

Das Anzeichen für eine erbliche MTC ist eine verringerte Anzahl von Thrombozyten mit Werten zwischen 100.000 und 50.000 pro μ l oder gar darunter. Zudem sind viele der noch vorhandenen Blutplättchen vergrößert. Bei heterozygoten Trägern der dominanten

Mutation liegen die Werte zwischen denen von betroffenen und normalen Tieren, während Werte von Trägern der rezessiven Mutation nicht von denen der normalen Tiere unterschieden werden können.

Betroffene Hunde neigen zwar nicht zu Blutungen, aber es besteht die Gefahr der Fehlbehandlung. Die oben genannten Anzeichen können auch für eine erworbene Thrombozytopenie gehalten werden, wie sie beispielsweise durch Infektionen, Medikamente oder Immunreaktionen ausgelöst werden kann. Da die Gabe von Antibiotika oder Steroiden bei der erblichen Makrothrombozytopenie kontraindiziert ist, sollte der Gentest als wichtiges Mittel zur Differenzialdiagnose eingesetzt werden.

Makuläre Hornhautdystrophie (MCD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Labrador Retriever
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Die makuläre Hornhautdystrophie ist eine erbliche, progressive Augenerkrankung, die das Stroma der Hornhaut betrifft. Die Erkrankung wird durch eine genetische Variante im CHST6-Gen verursacht. Dieses codiert für ein Enzym, das an der Bildung von Keratansulfat beteiligt ist, einem sulfatierten Glykosaminoglykan, bei dem man davon ausgeht, dass es für die Hydratisierung der Hornhaut wichtig sein könnte. Im Alter von 4 bis 6 Jahren zeigen betroffene Hunde eine zunehmende Eintrübung der Hornhaut mit weißen bis grauen Spots, die aus einer Ansammlung von Kohlehydraten bestehen. Manchmal kann zudem das Wachstum neuer Blutgefäße an der Oberfläche der Hornhaut ersichtlich werden. Die Erkrankung schreitet mit der Zeit voran und führt zu schweren Einschränkungen des Sehvermögens.

Anhand des Gentests können die Träger der Variante noch vor dem Einsatz in der Zucht identifiziert werden, um so die Entstehung betroffener Welpen zu vermeiden.

Maligne Hyperthermie (MH)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen
Erbgang	autosomal-dominant
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Die maligne Hyperthermie ist eine vererbte Fehlfunktion der Skelettmuskulatur, welche durch Rhabdomyolyse, generalisierte Krämpfe der Skelettmuskulatur, Herzrhythmusstörungen und Nierenfehlfunktionen charakterisiert ist. Diese Problematik entwickelt sich nach Exposition mit depolarisierenden Muskelrelaxantien oder halogenierten

Inhalationsnarkotika. Die Hunde leiden nach der Gabe dieser Medikamente unter Tachykardie, Hyperthermie und erhöhter CO₂-Produktion. Wenn die Medikamente nicht abgesetzt werden, sterben die betroffenen Hunde. Eine Besserung der Symptome kann durch die Gabe von Dantrolen, einem Antagonisten des Calcium-Kanals, erzielt werden.

Maxillary canine tooth mesioversion (MCM)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Shetland Sheepdog (Sheltie)
Erbgang	autosomal-dominant
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Es wurde eine Variante im FTSJ3-Gen identifiziert, die mit einer Zahnfehlstellung und einer verringerten Körpergröße bei Shetland Sheepdogs verbunden ist. Betroffene Hunde zeigen neben einer Verminderung von Körpergröße und -gewicht ebenfalls eine Mesioversion der Oberkiefereckzähne (MCM). Ein oder beide Eckzähne können hiervon betroffen und Richtung Nase verschoben sein. MCM kann zu einem fehlerhaften Kieferschluss, Oberlippengeschwüren und Parodontalerkrankungen führen und eine Extraktion oder kieferorthopädische Behandlung erforderlich machen. Die Körpergröße von Hunden mit nur einem Risiko-Allel ist signifikant größer als die Körpergröße von Hunden mit zwei Kopien des Risiko-Allels. Bei Hunden, die homozygot für das Risiko-Allel sind, besteht ein hohes Risiko für MCM, bei heterozygoten Hunden bestimmt das Gewicht das Risiko, wobei leichte Hunde ein höheres Risiko haben.

May-Hegglin-Anomalie (MHA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Mops
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Tiere mit May-Hegglin-Anomalie weisen bei der hämatologischen Befundung zum einen persistierende Thrombozytopenie, also dauerhaften Mangel an Blutplättchen, zum anderen stark vergrößerte und in der Morphologie variabel veränderte Blutplättchen auf. Folglich setzt bei diesen Tieren die Gerinnung bei Blutungen verzögert ein. Zudem lassen sich Zytoplasmaeinschlüsse (fehlerhafte oder übermäßige Proteinstrukturen, die zumeist bei einer Infektion in Zellen zu finden sind) in neutrophilen Granulozyten nachweisen, die zur teilweisen Funktionseinschränkung des Immunsystems führen können. Diese zellulären Anomalien lassen sich auf einzelne Punktmutationen des Gens MYH9 zurückführen.

MCAD-Defizienz

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	Cavalier King Charles Spaniel
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei der Rasse Cavalier King Charles Spaniel verursacht eine Mutation im ACADM-Gen einen Mangel an mittelkettiger Acyl-CoA-Dehydrogenase (MCAD). Betroffene Hunde zeigen fokale Anfälle mit verlängerter Lethargie, geringerer Reaktionsfähigkeit und propriozeptiver Ataxie. Diese Zustände treten mehrmals wöchentlich auf und können 20 Minuten bis zu 24 Stunden andauern. Urin- und Blutanalysen zeigen einen erhöhten Gehalt an mittelkettigen Fettsäuren. Die Symptome verbessern sich unter medizinischer Behandlung und Ernährungs umstellung hin zu einer fettarmen Ernährung, wodurch mehrere anfallsfreie Monate erzielt werden konnten.

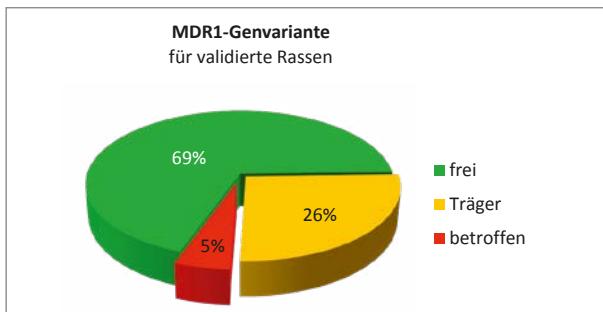
MDR1-Genvariante (Ivermectin-Überempfindlichkeit)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Australian Shepherd, Bobtail, Border Collie, Collie (Kurzhaar/Langhaar), Deutscher Schäferhund, Elo, McNab, Miniature American Shepherd, Shetland Sheepdog (Sheltie), Silken Windhound, Silken Windsprite (Langhaar Whippet), Wäller, Weißer Schweizer Schäferhund
Erbgang	autosomal-rezessiv; jedoch ist auch bei Trägern mit Überempfindlichkeit zu rechnen
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Ivermectin ist ein normalerweise sicher anzuwendendes Antiparasitikum, das bei einer intakten Blut-Hirn-Schranke nicht ins Hirngewebe übergehen kann. In den 1980er Jahren wurden erstmals bei Hunden gravierende neurotoxische Effekte bei der Verabreichung von Ivermectin beobachtet. Betroffene Tiere zeigten bereits bei einer Dosierung von 150 µg pro kg Körperf gewicht neurotoxische Effekte, während nicht betroffenen Tieren eine Dosis von bis zu 2000 µg pro kg Körperf gewicht ohne das Auftreten einer klinischen Symptomatik verabreicht werden konnte. Klinische Symptome betroffener Tiere können von Bewegungs- und Koordinationsstörungen, Desorientiertheit, Erbrechen und Zittern bis hin zu komatösen Zuständen reichen.

Hunde mit MDR-1-Genvariante leiden unter multipler Arzneimittelunverträglichkeit. Für über 100 Arzneimittel ist eine Interaktion mit dem Multi-Drug-Resistance-Transporter (MDR1) nachgewiesen.



Methämoglobinämie (MetHg)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Zwergspitz
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei der Rasse Zwergspitz wurde eine Variante im CYB5R3-Gen identifiziert, die eine Methämoglobinämie (MetHg) verursacht. Bei einer Methämoglobinämie steigt die Konzentration von oxidiertem Hämoglobin im Blut an. Ein erhöhter Anteil an Methämoglobin im Blut beeinträchtigt den normalen Sauerstofftransport zum Gewebe. Dies kann zu einer Zyanose sowie einer verminderten Belastungsfähigkeit des Organismus führen. Die Maulschleimhaut, die Zunge und die Haut am Unterbauch von betroffenen Hunden weisen eine bläuliche Verfärbung auf, die nicht auf Herz- oder Lungenanomalien zurückzuführen ist. Blutuntersuchungen ergaben einen deutlich niedrigeren b5R-Spiegel (NADH-Cytochrom-b5-Reduktase). Zudem zeigte sich eine im Vergleich zu gesunden Hunden deutlich intensivere rötliche bis bräunliche Färbung des Blutes. Während einer Operation eines betroffenen Hundes sank die perkutan gemessene Sauerstoffsättigung auf 90 % (Referenzbereich 96 – 100 %), die sich nicht durch chirurgische oder anästhetische Komplikationen erklären ließ.

Mikrophthalmie (RBP4)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay (1), Sequenzierung (2)
Rasse	Irischer Soft Coated Wheaten Terrier (1), Portugiesischer Wasserhund (2)
Erbgang	autosomal-rezessiv mit maternalem Einfluss (1) bzw. autosomal-rezessiv (2)
Dauer	3 – 5 Werkstage (1); 1 – 2 Wochen (2)

Erkrankung

Als Mikrophthalmie wird eine unvollständige oder eine ungewöhnlich kleine Ausbildung eines oder beider Augen bezeichnet. Diese Erkrankung kann beim Irischen Soft Coated Wheaten Terrier erblich bedingt auf einen bereits vor der Geburt vorkommenden Vitamin-A-Mangel zurückzuführen sein.

Studien haben gezeigt, dass betroffene Welpen nur dann Symptome zeigen, wenn die Mutter ebenfalls reinerbig vom Gendefekt betroffen ist und der gestörte Vitamin-A-Transport bereits von der Mutter ausgeht. Ist die Mutter für den Gendefekt selbst heterozygot, zeigen die Welpen voraussichtlich keine Symptome. Daher ist bei dieser Rasse neben der autosomal-rezessiven Vererbung außerdem der Genotyp der Mutter von großer Wichtigkeit. Bei Portugiesischen Wasserhunden wurde eine genetische Variante im DNAJC21-Gen identifiziert, die Mikrophthalmie sowie Defekte des blutbildenden Systems (hämatopoetische Defekte) verursacht. Betroffene Hunde zeigen eine ein- oder beidseitige Verkleinerung der Augen auf weniger als 50 % der normalen Größe. Bei einigen Hunden können darüber hinaus noch weitere Auffälligkeiten im Bereich der Augen beobachtet werden. Dazu zählen grauer Star (Katarakt), Fehlbildungen der Hornhaut (Hornhautdystrophie), verkleinerte oder fehlende Augenlinsen (Mikrophakie/Aphakie), grüner Star (Glaukom), Netzhautläsionen und sogenannte persistierende Pupillarmembranen (die üblicherweise vor der Geburt eintretende Rückbildung der Pupillarmembranen geschieht nur unvollständig). Darüber hinaus können Veränderungen des Zahnschmelzes, Wachstumsverzögerung und auch Blutbildungsstörungen, wie eine verringerte Anzahl der Blutplättchen (Thrombozytopenie) und der roten Blutkörperchen (Anämie) auftreten. Mit steigendem Alter können sich die Anzahl der roten Blutkörperchen und der Hämatokrit verbessern, während die Thrombozytenzahl niedrig bleibt.

Mitochondriale Enzephalopathie (MFE)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstriche
Methode	Sequenzierung
Rasse	Bullmastiff
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Eine Mutation im MFF-Gen verursacht bei der Rasse Bullmastiff die mitochondriale Enzephalopathie (MFE). Symptome homozygot betroffener Hunde sind Ataxie, ein unkoordinierter Gang und Verhaltensauffälligkeiten; sie beginnen bereits in sehr jungem Alter und sind progressiv. Weitere Anzeichen der Erkrankung sind ein breiter Stand und verminderte Sehkraft. Eine neurologische Untersuchung deutet auf eine Erkrankung der Großhirnrinde und des Vestibulocerebellums hin, mittels MRT konnten zerebelläre Veränderungen bestätigt werden.

Mitralklappenendokardiose (MMVD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Cavalier King Charles Spaniel, Dackel
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Die Mitralklappenendokardiose (MMVD) beschreibt eine langsam fortschreitende degenerative Veränderung der Mitralklappen des Herzens, die zu einem Mitralklappenprolaps und Regurgitation (Rückfluss von Blut in den linken Vorhof des Herzens) und schließlich zu einer Herzinsuffizienz mit Flüssigkeitsansammlung in der Lunge führt.

Die Rassen Cavalier King Charles Spaniel und Dackel weisen eine früh einsetzende Form dieser Krankheit und damit auch eine im Vergleich zu anderen Rassen höhere kardiale Morbidität und Sterblichkeit auf. Eine Variante im NEBL-Gen ist mit einem erhöhten Risiko für diese früh einsetzende Form verbunden. Bei Hunden, die homozygot für die Variante sind, wird mit höherer Wahrscheinlichkeit in jungem Alter MMVD diagnostiziert als bei heterozygoten Hunden.

Mucopolysaccharidose Typ IIIa (MPS3a)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Dackel, Neuseeländischer Huntaway
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Mukopolysaccharidose Typ IIIa gehört zu einer Gruppe von Speicherkrankheiten, die auf einen gestörten Abbau des Glykosaminoglykans Heparansulfat zurückzuführen ist. Die übermäßige Akkumulation dieses Moleküls in den Lysosomen wird durch den genetisch bedingten Mangel des Enzyms Heparansulfat-Sulfatidase verursacht und führt letztlich zum Verlust der Funktion betroffener Zellen.

An MPS IIIa erkrankte Tiere leiden unter schweren Degenerationen des zentralen Nervensystems. Zumeist kommt es ab dem 18. Lebensmonat zu ersten neurologischen Symptomen, wobei sich diese bis hin zur Ataxie rasant verschlechtern und zumeist zum Tod des Hundes führen.

Mucopolysaccharidose Typ IIIb (MPS3b)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	Schipperke
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die Mucopolysaccharidose Typ IIIb beim Schipperke ist eine lysosomale Speicherkrankheit, die ebenfalls unter dem Namen „Sanfilippo-Syndrom Typ 3b“ bekannt ist. Lysosomen sind wichtige Zellstrukturen, welche große Moleküle mit Hilfe von Enzymen in kleinere Einheiten zerlegen, um diese zu recyceln oder zu entsorgen. Im Falle der Mucopolysaccharidose Typ IIIb kann das Molekül Heparansulfat aufgrund eines defekten Enzyms nicht zerlegt werden und akkumuliert deshalb in den Lysosomen. Heparansulfat ist eine wichtige Komponente von Strukturen wie z.B. Knochen oder Knorpelgewebe und ist beteiligt an Zell-Zell-Kommunikationen, vor allem im Gehirn. Typische Symptome dieser Erkrankung sind: Tremor, Schwierigkeiten beim Balancieren, Laufen oder Überwinden von Hindernissen sowie häufiges Hinfallen auf beide Seiten. Die Symptome verstärken sich mit der Zeit und die anfänglichen Gleichgewichtsstörungen verschlimmern sich. Die ersten Symptome treten in der Regel in einem Alter von 2 – 4 Jahren auf. Betroffene Hunde müssen meist 1 – 2 Jahre nach den ersten klinischen Anzeichen euthanasiert werden.

Mukopolysaccharidose Typ VI (MPS6)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Zwergpinscher
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die Mucopolysaccharidose Typ VI beim Zwergpinscher wird durch einen erblich bedingten Enzymbefehl der Arylsulfatase B (ARSB) verursacht und gehört zur Gruppe der lysosomalen Speicherkrankheiten (angeborene Stoffwechselkrankheiten). Die Erkrankung folgt einem autosomal-rezessiven Erbgang. Betroffene Tiere zeigen bereits im sehr jungen Alter eine Trübung der Hornhaut, disproportionierten Minderwuchs mit kurzem Rumpf und gekrümmter Wirbelsäule (Kyphose) sowie eine auffällige Gesichtsanatomie (Gesichtsdysmorphie).

Bei Urinuntersuchungen können hohe Werte an ausgeschiedenem Dermatan- und Chondroitin-Sulfat gemessen werden und die Toluidinblau-Färbung ist stark positiv. Die ARSB-Enzymaktivität im Serum fehlt nahezu komplett.

Die ursächliche genetische Variante scheint beim Zwergpinscher relativ häufig vorzukommen. Betroffene Hunde benötigen intensive medizinische Pflege und müssen aufgrund der fortschreitenden schweren Symptome meist bereits im Welpen- bzw. im Jugendalter euthanasiert werden.

Mucopolysaccharidose Typ VII (MPS7)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay (1), Sequenzierung (2)
Rasse	Brasilianischer Terrier (1), Deutscher Schäferhund (2)

Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage: Brasilianischer Terrier; 1 – 2 Wochen: Deutscher Schäferhund

Erkrankung

Mucopolysaccharidose Typ VII gehört zu einer Gruppe seltener Erbkrankheiten des Glycosaminoglykan-Katabolismus und führt zu einer lysosomalen Speicherkrankheit. Klinische Symptome sind Trübung der Kornea und schwere Skelettdeformationen. Betroffene Hunde können auch im Alter mehrerer Wochen bis Monate noch nicht laufen.

Multiple okuläre Defekte (MOD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Bobtail
Erbgang	autosomal-dominant (siehe Infotext)
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Beim Bobtail konnte eine Variante des kollagenbildenden COL11A1-Gens mit einem okularen Syndrom in Verbindung gebracht werden. Da bei diesem Syndrom unterschiedliche Bereiche des Auges beeinträchtigt sein können, wird es auch als multipler okulärer Defekt (MOD) bezeichnet.

Von MOD betroffene Hunde leiden typischerweise an einer Katarakt (grauer Star), die im fortgeschrittenen Stadium zum Verlust des Sehvermögens führt. Weitere klinische Symptome können sein: Mikrophakie (kleine Linse), Kolobom (Spaltbildung) der Linse, Makrophthalmie (vergrößerter Augapfel), retinale Faltenbildungen und Ablösungen, Vitreopathie (Erkrankung des Glaskörpers) sowie sekundäre Glaukome. Das Alter zum Zeitpunkt der Diagnose ist variabel (6 Monate bis 10 Jahre), wobei das durchschnittliche Alter etwa 2 Jahre beträgt.

MOD folgt einem dominanten Erbgang, jedoch zeigen die homozygot betroffenen Hunde stärker ausgeprägte Symptome und/oder einen früheren Krankheitsbeginn als heterozygote Hunde.

Müller-Gang-Persistenz-Syndrom (PMDS)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Zwergschnauzer
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Das Müller-Gang-Persistenz-Syndrom (PMDS) wird durch eine Mutation im MISR2-Gen hervorgerufen. Die Auswirkungen sind eine fehlende Rückbildung des Müllerschen

Gangs während der Geschlechtsdifferenzierung bei Rüden. Die äußereren Genitalien sind im Normalfall voll ausgebildet. Bei 50 % der betroffenen Tiere sinken die Hoden während der Entwicklung nicht in den Hodensack ab, was zu Unfruchtbarkeit und ggf. Tumorbildung führen kann.

Muskeldystrophie (MD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay (1), Sequenzierung (2)
Rasse	American Staffordshire Terrier (2), Cavalier King Charles Spaniel (2), Golden Retriever (2), Landseer (1), Norfolk Terrier (2)
Erbgang	X-chromosomal-rezessiv (Cavalier King Charles Spaniel, Golden Retriever, Norfolk Terrier); autosomal-rezessiv (American Staffordshire Terrier, Landseer)
Dauer	3 – 5 Werkstage (2); 1 – 2 Wochen (1)

Erkrankung

Als Muskeldystrophie (MD) wird ein langsam fortschreitender, erblicher Muskelschwund bezeichnet.

Bei den Rassen Golden Retriever, Norfolk Terrier und Cavalier King Charles Spaniel wird die Muskeldystrophie durch eine X-chromosomal vererbte Variante verursacht. Typische Symptome bei betroffenen Hunden sind erhöhte Werte der Serum-Kreatinkinase, Rückbildung der Muskulatur (Muskelatrophie) mit Krämpfen, eine krankhafte Vermehrung des Bindegewebes (Fibrose) und Herzmuskelerkrankungen (Kardiomyopathie).

Beim Landseer führt eine autosomal-rezessiv vererbte Variante zu einer Muskelschwäche, die den ganzen Körper betrifft. Betroffene Hunde können sich nur sehr schwer und langsam bewegen, sie können keine längeren Strecken laufen oder teilweise auch gar nicht laufen. Die ersten Symptome der Krankheit zeigen sich meist im Alter von 3 – 6 Monaten. Die Lebenserwartung von Hunden mit MD liegt zwischen 4 und 24 Monaten. Bei der Rasse American Staffordshire Terrier wurde eine Variante im COL6A3-Gen identifiziert, die eine angeborene Muskeldystrophie verursacht. Erste Symptome wie fortschreitende Gangstörungen und Gelenkkontrakturen (Bewegungseinschränkung der Gelenke) machen sich im Alter von 6 Monaten bemerkbar. Betroffene Hunde zeigen diffuse Muskelatrophie und multifokale Gelenkkontrakturen mit eingeschränkter Bewegungsfreiheit und deutlicher Verdickung der Ellenbogen- und Kniegelenke, zusammen mit Gelenk-Hyperlaxität (überstreckbare Gelenke) der distalen Gliedmaßen. Weitere Symptome sind eine allgemeine Schwäche, Schwierigkeiten beim Aufstehen und Gehen, sowie eine Tetraparese mit einem steifen, abgehackten Gang mit kurzen Schritten in allen Gliedmaßen, jedoch ohne offensichtliche Ataxie. In allen Gliedmaßen waren schwache Rückzugsreflexe zu beobachten.

Musladin-Lueke-Syndrom (MLS)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay

Rasse	Beagle
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Das Musladin-Lueke-Syndrom (MLS) wird verursacht durch eine ausgeprägte Fibrose der Haut und Gelenke. Erste Symptome sind bereits im Alter von 2 – 4 Wochen zu erkennen. Im Laufe des ersten Jahres verschlimmert sich die Erkrankung, um sich dann mit 1 Jahr zu stabilisieren. Als Welpen gedeihen betroffene Hunde nicht gut. Außerdem weisen sie verkürzte äußere Zehen, einen festen Körperbau aufgrund der verstärkten Haut und Muskeln sowie eine typische flache Kopfform auf. Die Hunde laufen auf den vorderen Ballen, was zu einem Ballerina-ähnlichen Gang führt. Betroffene Hunde leiden weiterhin unter Arthrose und Steifheit. Sie zeigen ein ungewöhnlich freundliches Wesen.

Mycobacterium-avium-Komplex-Sensitivität (MAC)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Zwergschnauzer
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Unter Immundefizienzen versteht man Störungen des Immunsystems, durch die ein erhöhtes Risiko für Infektionen besteht. Hunde ohne Immunschwäche sind normalerweise resistent gegenüber Infektionen mit den ubiquitär vorkommenden Bakterien Mycobacterium avium mit seinen Subspezies (Mycobacterium-avium-Komplex, MAC) und Mycobacterium intracellulare. Die Arbeitsgruppe von Prof. Dr. Giger (Universität Pennsylvania, USA) konnte jedoch eine Genvariante beim Zwergschnauzer identifizieren, die mit einer genetischen Prädisposition und daher mit einer erhöhten Anfälligkeit gegenüber MAC einhergeht. An MAC erkrankte Hunde zeigen häufig die folgenden Symptome: Lethargie, Appetitlosigkeit, Schwäche, Nasenausfluss, Bindegautentzündung (Konjunktivitis), Durchfall, Schwellung der Lymphknoten, Vergrößerung der Leber und der Milz.

Die ersten Symptome zeigen sich üblicherweise im Alter von 1 – 8 Jahren. Durch die erbliche Immundefizienz sprechen die Infektionen nur unzureichend auf Behandlungen an. Die beschriebene Genvariante im CARD9-Gen wird autosomal-rezessiv vererbt und scheint eine wichtige Signalkaskade des Immunsystems zu beeinflussen.

Die Arbeitsgruppe von Prof. Dr. Giger hat eine große Anzahl an Hunden auf das Vorliegen einer genetischen Prädisposition für MAC untersucht und so den bei Laboklin verfügbaren Gentest entwickelt. Während beim Zwergschnauzer eine 100%ige Korrelation zwischen der beschriebenen Genvariante und der Erkrankung gefunden wurde, kann die untersuchte Variante sowohl bei anderen Rassen als auch bei anderen Schnauzer-Varietäten bislang nicht mit der Erkrankung in Verbindung gebracht werden.

Anhand des Gentests können nun sowohl erkrankte Hunde auf das Vorliegen der genetischen Prädisposition untersucht werden als auch Träger (bleiben asymptomatisch, geben aber das mutierte Gen an die Nachkommen weiter) identifiziert werden.

Mycobacterium avium und Mycobacterium intracellulare können vom Hund auf den Menschen übertragen werden. Dies stellt für Tierhalter mit geschwächtem Immunsystem eine Gefahr dar.

Myostatin-Mutation („Bully“-Gen)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Whippet
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Es wurde eine Mutation im Myostatin-Gen gefunden, bei der man einen signifikanten Zusammenhang zwischen der Mutation und der Renn-Leistungsfähigkeit beim Whippet feststellen konnte. Hunde mit einem „Bully“-Allel (heterozygoter Fall) waren deutlich häufiger in der Top-Renn-Klasse vertreten. Hunde mit zwei „Bully“-Allelen (homozygoter Fall) erscheinen extrem muskulär, jedoch ist ihre Lauffähigkeit eingeschränkt. Außerdem weisen sie einen ungewöhnlichen Körperbau mit einem breiten Kopf, einem betonten Überbiss, kurzen Beinen und einer dickeren Taille auf. Diese Whippets nennt man auch „Bully“ Whippets aufgrund ihres Körperbaus, jedoch nicht aufgrund ihres Temperaments. Diese Mutation wurde nicht in anderen Rassen mit erhöhter Muskelmasse wie Boxer und Mastiff oder in anderen Windhunderassen wie Greyhounds oder Afghanischen Windhunden gefunden.

Myotonia congenita

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung (1) bzw. TaqMan SNP Assay (2)
Rasse	Australian Cattle Dog (1), Border Collie (1), Labrador Retriever (1), Zwergschnauzer (2)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage: Zwergschnauzer; 1 – 2 Wochen: Australian Cattle Dog, Border Collie, Labrador Retriever

Erkrankung

Myotonia congenita ist eine Krankheit, die die Skelettmuskulatur betrifft. Verursacht wird sie von einer Genmutation, die die Funktion der Chlorid-Kanäle beeinflusst und die entgegen vorheriger Annahmen autosomal-rezessiv vererbt wird. Symptome der Krankheit sind vor allem ein steifer, staksiger Gang, der sich allerdings durch Übung wieder verbessern lässt. Oft werden Schwierigkeiten beim Schlucken ebenso wie übermäßiges Speicheln beobachtet.

Alle betroffenen Zwergschnauzer zeigten eine abnorme Bezahlung und einen Überbiss, in manchen Fällen auch abnormes Bellen. Für andere Hunderassen und andere Spezies ist dies kein typisches Krankheitsbild.

Nachtblindheit (CSNB)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Fragmentlängenanalyse
Rasse	Briard
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Fragmentlängenanalyse 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die Krankheit ist gekennzeichnet durch eine angeborene Nachtblindheit, genannt Congenital Stationary Night Blindness (CSNB), aufgrund einer Mutation im RPE65-Gen. Betroffene Tiere zeigen bereits im Alter von ca. 6 Monaten ein stark beeinträchtigtes Nachtsehvermögen. Nach einigen Jahren findet sich bei einigen dieser Hunde auch eingeschränktes Sehvermögen unter Tageslichtbedingungen und es kann zur vollständigen Erblindung kommen. Klinisch kann die Erkrankung nach Ausbruch durch ein abnormes Elektroretinogramm mit normaler Wellenform, aber deutlich verringelter Amplitude diagnostiziert werden.

Narkolepsie

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung (1) bzw. TaqMan SNP Assay (2)
Rasse	Dackel (1), Dobermann (1); Labrador Retriever (2)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage: Labrador Retriever; 1 – 2 Wochen: Dackel, Dobermann

Erkrankung

Narkolepsie ist eine neurologische Erkrankung, die sich durch Tagesschläfrigkeit mit einem unwiderstehlichen Schlafdrang zu völlig falschen Zeiten auszeichnet. Das Tier leidet unter Schlafattacken, Kataplexie und Schlaflähmung, welche teilweise dem REM-Schlaf ähnelt. Verursacht wird diese Erkrankung durch eine Mutation in dem Gen für den Hypocretin (Orexin)-Rezeptor 2.

Nekrotisierende Meningoenzephalitis (NME/PDE)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Mops
Erbgang	autosomal-rezessiv mit unvollständiger Penetranz; nachgewiesen wird ein Risikofaktor, der mit der NME/PDE assoziiert ist
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die nekrotisierende Meningoenzephalitis (NME; Pug Dog Encephalitis, PDE) ist eine erbliche Autoimmunerkrankung, die sich in einer schweren Entzündung des zentralen Nervensystems äußert. Dabei kommt es zu einer genetisch festgelegten Überreaktion des Immunsystems, bei der die Abwehrzellen die Nervenzellen des Gehirns schädigen. Betroffene Hunde zeigen die ersten Symptome normalerweise in einem Alter von 6 Monaten bis zu 3 Jahren. Diese äußern sich in Orientierungslosigkeit, Krämpfe und Zusammenbrüchen. Erkrankte Hunde neigen oder schütteln ihren Kopf, zittern, zeigen einen wackeligen Gang, stolpern und fallen häufig. Es wurde beobachtet, dass betroffene Hunde dauerhaft im Kreis laufen oder sich den Kopf kratzen, um Druck und Schmerzen abzubauen. Völlige Verwirrung und Koma sind späte Symptome. Der Hund stirbt 3 – 6 Monate nach dem Auftreten der ersten Symptome.

Nekrotisierende Myelopathie (ENM)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung
Rasse	Kooikerhondje
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei der Rasse Kooikerhondje wurde eine Variante im IBA57-Gen gefunden, die eine nekrotisierende Myelopathie (ENM) verursacht. Erste klinische Anzeichen wie Lähmungserscheinungen (Parese) und Ataxie der Hintergliedmaßen setzen im Alter zwischen 3 und 12 Monaten ein. Die Schwere der Symptome nimmt mit voranschreitendem Alter zu und führt vor dem 2. Lebensjahr zur vollständigen Lähmung aller vier Extremitäten (Tetraparesie). Die neurologische Untersuchung ergab gesteigerte spinale Reflexe an den Hintergliedmaßen. Bei routinemäßigen Blutuntersuchungen konnten keine Auffälligkeiten festgestellt werden. Aufgrund der Verschlechterung ihres Gesundheitszustandes mussten die betroffenen Hunde eingeschläfert werden. Eine MRT-Untersuchung zeigt Anomalien, die auf eine Rückenmarkserkrankung hindeuteten. Die Obduktion der betroffenen Hunde ergab eine symmetrische bilaterale nekrotisierende Myelopathie mit Malazie (abnormale Erweichung) in der ventralen und dorsalen weißen Substanz des Rückenmarks der Halswirbelsäule.

Nemalin-Myopathie (NM)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	American Bulldog
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die Nemalin-Myopathie (NM) beim American Bulldog ist eine erbliche Krankheit, die durch eine rezessive Mutation im NEB-Gen verursacht wird.

Betroffene Hunde zeigen eine Vielzahl muskulärer Störungen wie Muskelschwäche, Muskelhypotonie, Hypoventilation und Schluckbeschwerden. Typischerweise finden sich stäbchen- oder fadenförmige Strukturen, die Nemalin-Körperchen, in einer Muskelbiopsie.

Neonatale cerebelläre Abiotrophie (NCCD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse (1) bzw. Sequenzierung (2)
Rasse	Beagle (1), Magyar Vizsla (2)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die cerebelläre Abiotrophie ist eine Erbkrankheit, die zum programmierten Zelltod der Purkinje-Zellen im Kleinhirn führt. Durch das Absterben der Zellen kommt es zu Störungen der Motorik und des Gleichgewichtes. Betroffene Tiere zeigen schon kurz nach der Geburt oder im sehr jungen Alter Symptome wie Tremor, Ataxien und spastische Lähmungen.

Neonatale Enzephalopathie (NEWS)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung
Rasse	Pudel
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei der neonatalen Enzephalopathie (NEWS) handelt es sich um eine Fehlbildung des Kleinhirns aufgrund einer Mutation im CFA36-Gen, die beim Pudel beschrieben ist. Das CFA36-Gen codiert für den Activating Transcription Factor 2 (ATF-2), ein vollständiger Verlust dieses Proteins bei homozygot betroffenen Hunden führt zu einem verkleinerten Cerebellum, das häufig Fehlbildungen aufweist. Erkrankte Welpen sind bereits bei der Geburt relativ klein und schwach, viele von ihnen sterben in der ersten Lebenswoche. Diejenigen, die die erste Woche überleben, entwickeln starke Ataxie und Tremor. Zwischen der 4. und 6. Lebenswoche treten häufig generalisierte, tonisch-klonische Krampfanfälle auf, die kaum therapeutisch behandelt werden können. Bislang starben alle betroffenen Welpen oder mussten eingeschläfert werden, bevor sie 8 Wochen alt waren.

Neuralrohrdefekt (NTD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung

Rasse	Weimaraner
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Neuralrohrdefekte werden durch einen abnormalen Verschluss oder eine abnormale Entwicklung des Neuralrohrs während der Embryogenese verursacht. Beim Weimaraner konnte eine Mutation im Homeobox-Gen NKX2-8, welches im Neuronalrohr exprimiert wird, gefunden werden. Der Neuralrohrdefekt beim Weimaraner ist durch eine nicht-progressiv verlaufende Form der Ataxie gekennzeichnet und verursacht folgende Symptome: ungewöhnliche Haarstreifen am Rücken, geknickter Schwanz, Skoliose in der Lendenregion, Paraparese, hasenähnliches Hüpfen, geduckte Haltung.

Neuroaxonale Dystrophie (NAD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay und ggf. Sequenzierung
Rasse	Lagotto Romagnolo, Miniature American Shepherd, Papillon, Rottweiler, Spanischer Wasserhund
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Als Neuroaxonale Dystrophie (NAD) wird eine heterogene Gruppe neurodegenerativer Erkrankungen bezeichnet, die bei verschiedenen Säugetierarten beschrieben wurde. Neben der erblich bedingten Form (primäre NAD) kann die Erkrankung auch in Folge eines Traumas, einer Infektion oder durch Kontakt mit Toxinen ausgelöst werden (sekundäre NAD). In den unterschiedlichen Spezies konnten mehrere genetische Varianten als Ursache einer NAD identifiziert werden. Die Auswirkungen der jeweiligen NAD hängen dabei sowohl vom Beginn der Erkrankung, dem klinischen Erscheinungsbild und der spezifischen Variante ab. Allen gemeinsam sind jedoch stark ausgeprägte Schwellungen der Axone (sogenannte „Spheroide“) im zentralen und/oder peripheren Nervensystem, eine Atrophie (Gewebeschwund) der distalen Axone und eine sekundäre Myelin-Degeneration als charakteristische Symptome einer NAD.

Beim Papillon wurde eine genetische Variante des PLA2G6-Gens identifiziert, welche mit einer NAD assoziiert werden kann. Betroffene Welpen zeigen bereits im jungen Alter von 3 – 4 Monaten einen Intentionstremor und Hypermetrie (weit ausladende Bewegungen). Gangauffälligkeiten, Koordinationsprobleme, Schwäche der Gliedmaßen, Astasie (Unfähigkeit zu Stehen), Schielen und Schwierigkeiten bei der Nahrungsaufnahme sind weitere typische Anzeichen der Erkrankung. Die Symptome verstärken sich im Verlauf bis hin zur zerebellären Ataxie, Tetraplegie, Erblindung und Taubheit.

Beim Rottweiler konnte eine Variante des VSP11 (Vacuolar Protein Sorting 11)-Gens mit einer NAD in Verbindung gebracht werden. Die betroffenen Rottweiler zeigen, analog zur Rasse Papillon, Haltungsauffälligkeiten, Ataxie, Hypermetrie (weit ausladende

Bewegungen), Intentionstremor und Nystagmus (Augenzittern). Beim Rottweiler werden die ersten Anzeichen der NAD im frühen Erwachsenenalter sichtbar und die betroffenen Hunde haben meist einen milden Krankheitsverlauf.

Bei den Rassen Spanischer Wasserhund und Lagotto Romagnolo korreliert eine genetische Variante des TECPR2-Gens mit einer NAD. Die betroffenen Hunde weisen die gleichen Symptome auf wie bei den Rassen Papillon und Rottweiler. Zusätzlich wurden Verhaltensveränderungen (Trägheit, Nervosität, häufiges Bellen) sowie Inkontinenz, teilweise in Kombination mit unkontrolliertem Kotabsatz, beobachtet. Bei beiden Rassen werden die ersten Symptome im jugendlichen Alter (6 – 11 Monate) sichtbar, mit einer langsamem Steigerung der neurologischen Anzeichen.

Bei der Rasse Miniature American Shepherd wurde eine genetische Variante im RNF170-Gen identifiziert, die NAD verursacht. Erste klinische Anzeichen zeigen sich im Alter von etwa zwei Jahren. Betroffene Hunde entwickeln eine langsam fortschreitende Schwäche und Koordinationsprobleme der Hintergliedmaßen bis hin zu einer beidseitigen unvollständigen Lähmung. Es können langsam fortschreitende Anzeichen einer Schädigung des Rückenmarks im Bereich der Brust- und Lendenwirbelsäule beobachtet werden. Auch Halswirbelsäule, Kleinhirn oder Vorderhirn können betroffen sein. Bei den betroffenen Hunden werden keine Schmerzen oder Gleichgewichtsprobleme festgestellt. Die Auffälligkeiten im Gangbild erscheinen beim Gehen ausgeprägter als bei schnelleren Gangarten. Die fortschreitenden Symptome führen zu einer eingeschränkten Lebensqualität, doch die Lebenserwartung der betroffenen Hunde ist per se nicht deutlich verkürzt.

Neuronale Ceroidlipofuszinose (NCL)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung (1); Sequenzierung (2)
Rasse	American Bulldog (1), Australian Cattle Dog (1), Australian Shepherd (1), Border Collie (1), Cane Corso Italiano (2), Chihuahua (2), Chinese Crested Dog (2), Dackel (2), English Setter (1), Golden Retriever (1), Gordon Setter (1), Miniature American Shepherd (1), Saluki (2), Schapendoes (2), Schweizer Niederlaufhund (2), Tibet-Terrier (1)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen: (1) 1 – 2 Wochen: (2)

Erkrankung

Es handelt sich hierbei um eine neurodegenerative Erkrankung aufgrund von lysosomalen Speicherdefekten. Klinische Symptome sind Verhaltensänderungen (Unruhe, Aggressivität, Angst). Die Hunde können auch unter epileptischen Anfällen und Sehstörungen leiden. Die meisten Tiere verlieren die Fähigkeit, die alltäglichen Muskelaktivitäten wie Fressen und Laufen zu koordinieren. Das Alter, in dem die Erkrankung beginnt, sowie der Schweregrad können stark variieren.

Neuronale Ceroidlipofuszinose (NCL) beim American Staffordshire Terrier

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	American Staffordshire Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktagen

Erkrankung

siehe Erkrankung neuronale Ceroidlipofuszinose (NCL)

Nierendysplasie und Leberfibrose (RDHN)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Norwich Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Unter Ziliopathien versteht man strukturelle oder funktionelle Defekte primärer Zilien. Primäre Zilien sind antennenähnliche Strukturen, die bei Wirbeltieren auf den Zelloberflächen von fast allen Zelltypen vorkommen. Sie spielen eine wichtige Rolle bei der Signalweiterleitung und Organogenese und fungieren als Sensoren für die extrazelluläre Umgebung. Bei der Rasse Norwich Terrier kann eine Genvariante mit einer letalen Ziliopathie in Verbindung gebracht werden, welche eine zystische Nierendysplasie und Leberfibrose verursacht. Bei betroffenen Welpen konnten die folgenden Symptome beobachtet werden: vergrößerte und diffus zystische Nieren, Leberfibrose, subkutane Ödeme, Wasser im Brust- und/oder Bauchraum, unterentwickelte Lungen, Gaumenspalte, Ausstülpung des Zwerchfells bzw. Zwerchfellbruch. Betroffene Welpen sterben in der Regel direkt nach der Geburt oder wenige Tage danach.

Nierenzellkarzinom und noduläre Dermatofibrose (RCND)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung
Rasse	Deutscher Schäferhund
Erbgang	autosomal-dominant
Dauer	3 – 5 Werktagen, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Eine Mutation im BHD-Gen verursacht in der Rasse Deutscher Schäferhund ein multifokales Nierenzellkarzinom und eine noduläre Dermatofibrose (RCND). Heterozygot betroffenen Hunden entwickeln bilaterale, multifokale Tumore in der Niere, knotige Wucherungen in der Muskulatur der Gebärmutter (Myome) von Hündinnen und aus

dichten Kollagenfasern bestehende Knötchen in der Haut. Diese Mutation scheint bei den meisten homozygot betroffenen Hunden embryonal letal zu sein, sodass der Fötus häufig vor der Geburt stirbt.

Oberes Luftweg-Syndrom (UAS)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Norwich Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Der Norwich Terrier wird als „mesocephale“ Rasse eingestuft. Während brachycephale Rassen eine Prädisposition für das Brachycephalic Obstructive Airway Syndrome (BOAS) tragen, kann bei Norwich Terriern häufig das Upper Airway Syndrome (UAS) gefunden werden. Bei beiden Syndromen (UAS und BOAS) kann es durch Einengungen der Atemwege zu Atemproblemen, Hitze- und Belastungsintoleranz, Zyanose und Kollaps kommen. Beim Norwich Terrier wurde eine Variante im ADAMTS3-Gen gefunden, die mit dem Upper Airway Syndrome (UAS) assoziiert werden kann. Homozygot betroffene Hunde besitzen ein verlängertes Gaumensegel, das über den Kehldeckel hervorsteht. Zudem sind die Knorpel gekippt und reichen in den Luftweg hinein, die normalerweise am Kehlkopf vorhandenen Schleimhautaussackungen (Larynx-Ventrikel) sind evertiert (nach innen zum Kehlkopf „umgestülpt“) und es kann zu Stimmfalten-Ödemen kommen.

Osteochondrodysplasie (OCD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Zwergpudel
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Beim Zwergpudel wurde eine genetische Variante des Sulfattransporters SLC13A1 identifiziert, die bei dieser Rasse mit Osteochondrodysplasie in Verbindung gebracht werden kann. Der SLC13A1-Transporter ist für die Regulation des Sulfat-Levels im Serum verantwortlich. Die beschriebene Variante des SLC13A1-Gens führt zu einer Störung des Sulfatstoffwechsels. Da die Sulfatierung von Proteoglykanen des Knorpelgewebes eine wichtige Rolle bei der Entwicklung des Skeletts spielt, bedingt diese genetische Variante beim Zwergpudel einen deutlich sichtbaren Kleinwuchs sowie abnormale Bewegungsabläufe.

Betroffene Welpen zeigen erste Symptome meist bereits im Alter von 3 Wochen. Auffällig sind weit ausgestellte Hinterläufe, vergrößerte Gelenke, einen abgeflachten Brustkorb, verkürzte und verbogene Röhrenknochen, Unterbiss und verformte Pfoten (ähnlich

zu Klumpfüßen). Aufgrund der Fehlentwicklung der Knochen und Gelenke ist die Mobilität der betroffenen Hunde oft stark eingeschränkt und Arthritis stellt eine häufige Folgeerkrankung dar.

Paradoxe Pseudomyotonie (PP)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	English Cocker Spaniel, English Springer Spaniel
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Eine genetische Variante des SLC7A10-Gens konnte als mögliche ursächliche Variante für die Paradoxe Pseudomyotonie (PP) beim English Cocker Spaniel und English Springer Spaniel gefunden werden.

Die Erkrankung lässt sich durch das Auftreten von bewegungsinduzierten Episoden mit Muskelversteifungen charakterisieren, welche einer Myotonie ähneln und in unterschiedlichem Schweregrad vorliegen können. Die Anfälle sind in den meisten Fällen nicht schmerhaft und verschwinden üblicherweise innerhalb von 45 Sekunden von selbst. In schweren Fällen kann es jedoch zu lebensbedrohlichen Episoden mit Atemstillstand und aufgrund von Sauerstoffmangel zu Verfärbungen der Haut (Zyanose) kommen. Zudem ist bei kalten oder heißen Temperaturen bereits eine geringe Anstrengung ausreichend, um Muskelversteifungen und Schwäche hervorzurufen. Erste Symptome der Paradoxaen Pseudomyotonie können im Alter zwischen 3 und 24 Monaten auftreten. Es kommt jedoch üblicherweise zu keiner Steigerung im Verlauf der Erkrankung. Sowohl die hämatologischen Tests als auch die Urinalysen der betroffenen Hunde sind unauffällig und die Episoden sind im EMG nicht messbar.

Bei Hunden mit milden Symptomen können die Anfälle durch das Vermeiden der typischen Auslöser reduziert oder gar verhindert werden. Bei stark betroffenen Hunden mit Episoden von Atemnot und Zyanose kann eine medikamentöse Behandlung die Häufigkeit und den Schweregrad der Anfälle verringern.

Paroxysmale Dyskinesie (PxD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Irischer Soft Coated Wheaten Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Paroxysmale Dyskinesie umfasst eine Gruppe von heterogenen Bewegungsstörungen. In der Rasse Irischer Soft Coated Wheaten Terrier zeigt sich eine frühe Form dieser Störung, die autosomal-rezessiv vererbt wird. Betroffene Hunde leiden unter Episoden von un-

willkürlichen, plötzlichen, unregelmäßigen und nicht vorhersehbaren Bewegungen der Extremitäten, insbesondere der Hinterbeine, sog. Hyperkinesien. Diese Anfälle dauern Minuten bis Stunden und treten bis zu 10-mal am Tag auf. Die Symptome beginnen typischerweise in einem Alter von 2 Jahren und verschlechtern sich im Laufe des Lebens.

Paroxysmale exercise-induced Dyskinesie (PED)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Shetland Sheepdog (Sheltie) (1), Weimaraner (2)
Erbgang	(1) wahrscheinlich autosomal-dominant (noch in Erforschung), (2) autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Paroxysmale Bewegungsstörungen sind eine Gruppe unterschiedlicher neurologischer Erkrankungen, die sich durch Episoden unwillkürlicher Bewegungen kennzeichnen lassen. Die paroxysmale exercise-induced Dyskinesie (PED) stellt eine Form dieser Bewegungsstörungen dar, bei der die Anfallserscheinungen durch Stress oder Aufregung ausgelöst werden können.

Beim Shetland Sheepdog konnte eine Variante im PCK2 (phosphoenolpyruvate carboxykinase 2)-Gen gefunden werden, die mit PED assoziiert ist. Die betroffenen Hunde zeigen Episoden von Störungen der Bewegungskoordination (Ataxie) mit einem auffälligen Gangbild (Hypermetrie) und einer erhöhten Muskelspannung (Hypertonie) in allen vier Beinen sowie einer verminderten mentalen Aktivität und einem milden Tremor (Muskelzittern). Die Episoden können von wenigen Minuten bis hin zu mehreren Stunden andauern und werden durch innere Anspannung ausgelöst, wie beim Spielen, nach dem Erschrecken durch unerwartete Geräusche oder bei heißem Wetter. Blutuntersuchungen zeigen eine milde Lactatacidose und Lactaturie, leicht erhöhte Serum-Creatinkinase (CK)-Werte sowie Hypoglykämie (Unterzuckerung). Ein gutes Stressmanagement, eine spezifische Diät (gluten- und getreidefrei, Meeresfrüchte-basiert mit hohem Tryptophan-Anteil) sowie eine Therapie mit antiepileptischen Medikamenten (Carboanhydrasehemmer) können die Frequenz der Episoden beeinflussen und die Symptome vermindern.

Bei der Rasse Weimaraner wurde eine Variante im TNR (Tenascin-R)-Gen gefunden, die autosomal-rezessiv vererbt wird und PED verursacht. Betroffene Hunde zeigen Symptome wie einen abnormalen Gang, der durch verstärkte Muskelkontraktionen (Dystonie), Ataxie und Hypermetrie gekennzeichnet ist und gelegentlich zu einem Kollaps führt. Eine Verkrümmung der Wirbelsäule und eine niedrige Kopfhaltung waren ebenfalls typische klinische Symptome. Einige Hunde zeigten auch ungleiche Pupillengrößen. Erste klinische Anzeichen der Erkrankung wurden im Alter zwischen 3 und 7 Monaten sichtbar. Diese Episoden werden durch erhöhte emotionale Erregung und körperliche Anstrengung ausgelöst, können mehrmals täglich auftreten und halten 5 bis 15 Minuten an. Körperlische und neurologische Untersuchungen, Muskel- und Nervenbiopsien, Elektrophysiologie sowie MRT waren unauffällig.

Phosphofruktokinase-Defizienz (PKD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	American Cocker Spaniel, Deutscher Wachtelhund, English Springer Spaniel, Whippet
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei dieser Erkrankung handelt es sich um einen vererbten Mangel des Enzyms Phosphofruktokinase. Die Phosphofruktokinase gilt als das zentral regulierende Enzym in der Glykolyse. Ohne dieses können Muskelzellen und rote Blutkörperchen nicht ausreichend Energie für ihren Bedarf produzieren. Der Enzymmangel führt durch die Zerstörung von roten Blutkörperchen zur Rottfärbung des Harns, zur Blutarmut und Gelbsucht. Weitere Symptome dieser Erkrankung sind Bewegungsintoleranz und Muskelkrämpfe. Ausgelöst werden solche Krisen insbesondere durch Aufregung, anstrengende Bewegung oder ausgiebiges Bellen.

**Plattenepithelkarzinom (PEK) der Zehe - Risikoanalyse
beim schwarzen Riesenschnauzer und schwarzen Pudel**

Material	1 ml EDTA
Methode	digitale droplet PCR
Rasse	Riesenschnauzer (schwarz), Pudel (schwarz)
Erbgang	Risikoanalyse

Erkrankung

Der Test auf Plattenepithelkarzinom (PEK) der Zehe ermöglicht eine Einschätzung des individuellen Risikos der Entstehung von akralen Plattenepithelkarzinomen bei schwarzen Riesenschnauzern und schwarzen Pudeln. Es wird eine strukturelle Veränderung, eine sog. Copy Number Variation, im c-KIT-Liganden-Gen (KITLG) untersucht. Eine erhöhte Anzahl der Kopienzahl des KITLG-Gens lässt auf ein erhöhtes Risiko für PEK schließen.

Polyzystische Nierenerkrankung (PKD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Bull Terrier
Erbgang	autosomal-dominant
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die polyzystische Nierenerkrankung führt neben der Bildung von Zysten in Leber und Bauchspeicheldrüse zur Bildung von flüssigkeitsgefüllten Zysten in der Niere, die letztendlich das Nierenversagen verursachen, das zum Tode eines betroffenen Hundes führt. Die PKD tritt beim Bull Terrier im mittleren Alter auf.

Postoperative Blutung (P2Y12)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Großer Schweizer Sennenhund
Erbgang	autosomal-dominant
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Beim Großen Schweizer Sennenhund führt eine Mutation im P2Y12-Gen zu schweren Gerinnungsstörungen. Problematisch ist dabei, dass betroffene Tiere normalerweise keine früh erkennbaren spontanen Blutungen zeigen. Erst bei größeren chirurgischen Eingriffen oder schwereren Verletzungen entstehen starke Blutungen, die häufig tödlich enden. Daher ist der genetische Test als präventive Maßnahme vor einer Operation diagnostisch sinnvoll.

Postoperative Blutungsneigung (DEPOH)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Greyhound, Scottish Deerhound
Erbgang	autosomal-dominant mit unvollständiger Penetranz
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei den beiden Rassen Greyhound und Scottish Deerhound wurde eine Variante des SERPINF2-Gens identifiziert, die bei dieser Rasse mit einem höheren Risiko für die Entwicklung einer postoperativen Blutungsneigung (DEPOH) verbunden ist. Klinische Anzeichen sind unerwartete, übermäßige Blutungen oder Blutergüsse, die 1 bis 4 Tage nach einem chirurgischen Eingriff einsetzen. Die Symptome reichen von offenen Blutungen aus der Wunde bis hin zu übermäßigen und auch fortschreitenden Blutergüßen in den Bereichen, die die Wunde umgeben, und Hämoabdomen. Die Ergebnisse des Gerinnungsscreenings wie die Messung der Thromboplastinzeit, der partiellen Thromboplastinzeit und des Von-Willebrand-Faktor-Antigens sowie der Thrombozytenzahl sind unauffällig.

Prækallikrein-Defizienz (KLK)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Shih Tzu
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die Präkallikrein-Defizienz (KLK) führt zwar zum Ausfall von Präkallikrein, einem Bestandteil der Gerinnungskaskade, ist jedoch nicht mit einer verstärkten Blutungsneigung assoziiert. Lediglich im Zusammenhang mit anderen Ausfällen in der Gerinnungskaskade (Defizienzen der Faktoren VII, VIII und IX) wurde eine verstärkte Blutungsneigung in wenigen Fällen beschrieben. Die ursächliche Mutation ist beim Shih Tzu bekannt.

Primäre ciliäre Dyskinesie (PCD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung (1); Sequenzierung (2)
Rasse	Alaskan Malamute (2), Australian Shepherd (2), Bobtail (1), Miniature American Shepherd (2)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen: Bobtail; 1 – 2 Wochen: Alaskan Malamute, Australian Shepherd, Miniature American Sheperd

Erkrankung

Bei der primären ciliären Dyskinesie (PCD) handelt es sich um eine genetisch bedingte Erkrankung, die zur Gruppe der Ziliopathien (Funktionsstörungen der Zilien) gehört. Aufgrund einer gestörten Bewegungsfähigkeit der Zilien (Zellfortsätze) können diese ihre Funktion nicht oder nur stark eingeschränkt erfüllen und es kommt zu gesundheitlichen Problemen in verschiedenen Organsystemen, insbesondere in den Atemwegen. Bei betroffenen Tieren besitzen die Zilien der Epithelschleimhaut (Flimmerhärrchen) eine unzureichende Motilität, sodass die Schleimabfuhr aus den Atemwegen stark eingeschränkt wird, was wiederum zu chronischen Entzündungen der Atemwege führt. Bei Hunden der Rassen Alaskan Malamute und Bobtail kann es zudem zu einer verminderten Fertilität kommen. Zusätzlich tritt bei etwa 50 % der PCD-betroffenen Bobtails ein Situs inversus (Kartagener-Syndrom, spiegelverkehrte Lage der inneren Organe) auf und beim Alaskan Malamute liegt in einigen Fällen ein Hydrocephalus vor.

Primäre Hyperoxalurie (PH)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Coton de Tuléar
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die primäre Hyperoxalurie (PH) ist eine seltene Erbkrankheit. Bei PH ist der Glyoxylat-Stoffwechsel, der für die Neubildung von körpereigener Glukose notwendig ist, gestört. Eine Punktmutation im Gen für die Expression der Stoffwechselenzyme Alanin-Glyoxylat-

Aminotransferase bzw. der Glyoxylat-Reduktase führt zu einer verminderten Produktion dieser Stoffe. Dadurch kommt es zur Ansammlung von Oxalat und anschließender Bildung von Calciumoxalat-Kristallen in den Harnorganen. Die Kristalle lagern sich zusätzlich im Nierengewebe an und können zu einer eingeschränkten Nierenfunktion führen.

Primäre Immundefizienz Typ 2 (PIP2)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstriche
Methode	Sequenzierung
Rasse	Cavalier King Charles Spaniel
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei der Rasse Cavalier King Charles Spaniel wurde eine Variante im CARMIL2-Gen identifiziert, die eine primäre Immundefizienz mit erhöhter Anfälligkeit für Erreger der Atemwege verursacht. Die betroffenen Hunde hatten eine Infektion mit den Erregern *Pneumocystis* oder *Bordetella bronchiseptica* und zeigten Symptome einer Lungentzündung. In der medizinischen Vorgeschichte der betroffenen Hunde waren Infektionen mit gastrointestinale Parasiten und chronischer Durchfall sowie Hauterkrankungen und Abszessbildung dokumentiert.

Primäre Linsenluxation (PLL)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	American Eskimo Dog, American Hairless Terrier, Australian Cattle Dog, Chinese Crested Dog, Dansk-Svensk Gardshund, Deutscher Jagdterrier, Fox Terrier, Jack Russell Terrier, Lakeland Terrier, Lancashire Heeler, Lucas Terrier, Miniature Bull Terrier, Mops, Norfolk Terrier, Norwich Terrier, Parson Russell Terrier, Patterdale Terrier, Rat Terrier, Sealyham Terrier, Teddy Roosevelt Terrier, Tenterfield Terrier, Tibet-Terrier, Toy Fox Terrier, Volpino Italiano, Welsh Terrier, Westfalen Terrier, Yorkshire Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv; in der Literatur wird beschrieben, dass trotz des autosomal-rezessiven Erbgangs auch 2 – 20 % der PLL-Trägertiere (N/PLL) im Laufe ihres Lebens an PLL erkranken können
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Die Linse wird von den sog. Zonulafasern an ihrem Platz im Auge gehalten. Fehlt dieser Halt, kann sich die Linse verschieben (luxieren). Hierdurch kann es in der Folge zu schmerzhaften Glaukomen und völliger Erblindung kommen. Eine Linsenluxation (PLL)

kann angeboren oder erworben sein, daher kann auch bei einem genetisch nicht betroffenen Hund eine Linsenluxation auftreten. Im Falle der genetisch bedingten Form der PLL kann man bereits im Alter von 20 Monaten Veränderungen in der Struktur der Zonulafasern nachweisen. Die Luxation erfolgt typischerweise im Alter zwischen 3 und 8 Jahren.

Primäres Weitwinkel-Glaukom (POAG)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung (1) bzw. Fragmentlängenanalyse (2)
Rasse	Basset Fauve de Bretagne (1), Basset Hound (1), Beagle (1), Kleiner Basset Griffon Vendeen (2), Norwegischer Elchhund (1)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Beim primären Weitwinkel-Glaukom handelt es sich um eine genetisch bedingte Bindegewebsstörung im Auge. Diese hat zur Folge, dass das Kammerwasser nicht richtig abfließen kann und sich der Druck im Auge erhöht. Dadurch werden schließlich der Sehnerv und die Netzhaut beeinflusst, was zu Sehaußfällen und letztlich Blindheit führen kann. Erste Symptome umfassen geweitete Pupillen, rote Augen, trübe Hornhaut und einen erhöhten Augeninnendruck. Bei weiterer Zunahme des Drucks entstehen Schmerzen, die zu Fressunlust, Kratzen am Auge, Reiben des Kopfes an Gegenständen und Aggressivität führen können. Bei frühzeitiger Diagnose kann eine Schädigung des Sehnervs und der Netzhaut durch ständige medikamentöse Senkung des Augeninnendrucks vermieden werden. Die Ausprägung ist von Rasse zu Rasse unterschiedlich. Während die Symptomatik beim Beagle zum Beispiel bereits im Alter von 8 – 16 Monaten beginnt, wird die klinische Ausprägung beim Norwegischen Elchhund erst im mittleren bis späten Lebensalter sichtbar.

Beim Kleinen Basset Griffon Vendeen kommt es zu einem leicht, aber dauerhaft erhöhten Augeninnendruck (IOP) und einer Linsenluxation. Die ersten Symptome treten ab einem Alter von 3 – 4 Jahren auf und nehmen mit der Zeit immer weiter zu. Im späteren Stadium kommt es zur Vergrößerung des Augapfels, zur Degeneration der Retina sowie zur Deformation der Sehnervenpapille. Man geht davon aus, dass POAG bei dieser Rasse keine Schmerzen auslöst. Daher nehmen die Besitzer betroffener Hunde die Erkrankung meist erst durch die Vergrößerung des Augapfels und die Sehbeeinträchtigungen wahr.

Primäres Weitwinkel-Glaukom und Linsenluxation (POAG/PLL)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Shar Pei
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Das primäre Weitwinkel-Glaukom (POAG) ist eine genetisch bedingte Bindegewebsstörung im Auge. Diese bewirkt, dass das Kammerwasser nicht richtig abfließen kann. Der dadurch steigende Innendruck im Auge belastet den Sehnerv und die Netzhaut, ist für den Hund schmerhaft und kann letztlich zur Erblindung führen. Die Symptome umfassen geweitete Pupillen, rote Augen, trübe Hornhaut und einen erhöhten Augeninnendruck. Bei starker Zunahme des Drucks entstehen große Schmerzen, die zu Fressunlust, Kratzen am Auge, Reiben des Kopfes an Gegenständen und Aggressivität führen können. Die Bindegewebsstörung verursacht oftmals auch eine Luxation der Linse im Auge (PLL). Die meisten betroffenen Hunde erkranken etwa mit 4 – 6 Jahren.

Progressive Retinaatrophie (PRA)

Die progressive Retinaatrophie (PRA) steht für eine Gruppe von erblich bedingten Photorezeptor-Störungen der Netzhaut, die bei verschiedenen Hunderassen durch unterschiedliche Mutationen hervorgerufen werden. Die progressive Retinaatrophie (PRA) ist eine fortschreitende Erkrankung der Netzhaut (Retina). Dabei werden die Photorezeptoren des Auges im Laufe der Zeit zerstört. Die Veränderungen verlaufen bilateral und symmetrisch.

Die Netzhaut ist eine Schicht von spezialisiertem Nervengewebe an der hinteren Innenseite des Auges. Man unterscheidet in der Netzhaut 2 Photorezeptortypen: Stäbchen und Zapfen. Die Stäbchen (rod) sind spezialisiert auf die Signalaufnahme im Dämmerlicht. Die Zapfen (cone) dagegen sind zuständig für die Verarbeitung des Tageslichts und für das Farbsehen.

Bei den meisten PRA-Formen verlieren zuerst die Stäbchenzellen ihre normale Funktion. Dies führt zu zunehmender Nachtblindheit sowie dem Verlust der Anpassung des Sehvermögens. Durch die Degeneration der Zapfenzellen kommt es schließlich zur völligen Erblindung des Hundes. Der Beginn der Erkrankung variiert innerhalb einer Rasse, häufig erfolgt aber die Diagnose erst im Alter von ca. 6 Jahren. Man unterscheidet sich spät entwickelnde degenerative Veränderungen von sich bereits im Welpenalter klinisch manifestierenden dysplastischen Störungen. Abgesehen vom Lebensalter, in dem die Erkrankung in Erscheinung tritt, sind die klinischen und ophthalmologischen Symptome ähnlich. Betroffene Hunde zeigen eine bilaterale Mydriasis, das Tapetum lucidum reflektiert verstärkt und das retinale Gefäßnetz erscheint atrophisch.

Typen der progressiven Retinaatrophie:

Progressive Retinaatrophie (Bas-PRA1)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Basenji
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Die mittels Gentest nachweisbare Form der PRA beim Basenji beginnt mit etwa 5 Jahren. Nicht alle erkrankten Hunde tragen die bisher bekannte Mutation, auch Bas-PRA1 genannt, sodass es eine oder mehrere weitere genetische Ursachen für die PRA geben muss.

Progressive Retinaatrophie (BBS2-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Shetland Sheepdog (Sheltie)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Beim Shetland Sheepdog (Shelti) konnte eine genetische Variante im Bardet-Biedl-Syndrom 2 (BBS2)-Gen identifiziert werden, welche, neben der bereits bekannten CNGA1-Variante, mit einer PRA einhergeht. Typischerweise zeigen die betroffenen Hunde zunächst eine Nachtblindheit, gefolgt von einer deutlichen Verschlechterung des Sehens bei Tageslicht und in manchen Fällen auch einer sekundären Katarakt (grauer Star). Beschrieben wurden die ersten Symptome ab einem Alter von 8 – 10 Jahren. Zusätzlich zur PRA können betroffene Hunde auch rasseuntypische phänotypische Merkmale aufzeigen, wie eine aufwärts gekrümmte Schnauze, eine untypisch wellenförmige Haarstruktur und dentale Auffälligkeiten. Diese Eigenschaften sind vergleichbar mit den Kennzeichen des humanen Bardet-Biedl-Syndroms.

Progressive Retinaatrophie (BBS4-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Puli
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Beim Puli wurde eine genetische Variante im BBS4-Gen gefunden, die mit einer PRA einhergeht. Bei betroffenen Hunden wurde im Alter von 2 Jahren eine PRA diagnostiziert, Symptome waren verringertes Sehvermögen durch ophthalmologische Veränderungen wie eine verringerte Myelinisierung des Sehnervs. Weitere klinische Anzeichen waren Fettleibigkeit (Adipositas) und Unfruchtbarkeit (Infertilität). Diese sehr variablen Symptome zeigen sich in unterschiedlicher Ausprägung bei den betroffenen Hunden.

Progressive Retinaatrophie (CNGA1-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung
Rasse	Shetland Sheepdog (Sheltie)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Erste Anzeichen der PRA beim Shetland Sheepdog können ab dem zweiten Lebensjahr, möglicherweise auch vorher diagnostiziert werden. Die beim Sheltie ebenfalls auftretende „Langsam voranschreitende Retinopathie“ (SPR) ähnelt in der Symptomatik der PRA in den Anfangsstadien und kann ophthalmologisch nur durch ein ERG unterschieden werden. Neben der durch diesen Gtentest erfassten Mutation im CNGA1-Gen scheint noch mindestens eine weitere Mutation zu existieren, die für die Ausprägung einer PRA beim Shetland Sheepdog verantwortlich ist. Diese ist Gegenstand fortlaufender Forschung.

Progressive Retinaatrophie (cord1-PRA/crd4-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	Beagle, Bolonka Zwetna, Clumber Spaniel, Curly Coated Retriever, Dackel, English Springer Spaniel, Französische Bulldogge
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 14 Werkstage

Erkrankung

Während es bei den meisten anderen vererb baren Erkrankungen der Netzhaut zuerst zu einer Zerstörung der Stäbchenzellen und nachfolgend zu einer Zerstörung der Zapfenzellen der Retina kommt, ist für die cord1-PRA der frühzeitige Verlust der Zapfenzellen der Netzhaut charakteristisch.

Die ersten klinischen Symptome der cord1-PRA können im Alter von 6 Monaten auftreten, manche genetisch betroffenen Hunde zeigen allerdings auch in höherem Alter keine sichtbaren klinischen Symptome.

Der Zusammenhang zwischen der bekannten genetischen Variante der cord1-PRA und dem Auftreten der Erkrankung wird wissenschaftlich noch diskutiert.

Progressive Retinaatrophie (crd-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	Dackel
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die crd-PRA beim Dackel ist eine Erkrankung der Netzhaut (Retina) des Auges, die eine Deletion im Nephronophthisis-4-Gen (NPHP4) zugrunde liegt. Während es bei den meisten anderen vererb baren Erkrankungen der Netzhaut zuerst zu einer Zerstörung der Stäbchenzellen und nachfolgend zu einer Zerstörung der Zapfenzellen der Retina kommt, ist für die crd-PRA der frühzeitige Verlust der Zapfenzellen der Netzhaut charakteristisch. Durch diese Zerstörung kommt es hauptsächlich zu einem Verlust des Farbsehens. Die Funktion der Stäbchen (Nachsicht) bleibt lange erhalten.

Die ersten klinischen Symptome der crd-PRA können im Alter von 6 Monaten auftreten. Nach ca. 1 – 2 Jahren kommt es zur Ausprägung des vollständigen Krankheitsbildes mit Verlust des Tagsehens (Tagblindheit).

Progressive Retinaatrophie (crd1-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	American Staffordshire Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Für die crd-PRA ist der frühzeitige Verlust der Zapfenzellen der Netzhaut charakteristisch. Durch diese Zerstörung kommt es hauptsächlich zu einem Verlust des Farbsehens (Tagblindheit). Die Funktion der Stäbchen (Nachsicht) bleibt zunächst größtenteils erhalten.

Die ersten klinischen Symptome der crd-PRA können im Alter von 6 Monaten auftreten. Nach ca. 1 – 2 Jahren kommt es zur Ausprägung des vollständigen Krankheitsbildes (Blindheit).

Progressive Retinaatrophie (crd2-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	American Pitbull Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

siehe Text crd1-PRA

Progressive Retinaatrophie (crd3-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse (Gel)
Rasse	Irischer Glen of Imaal Terrier

Erbgang	vermutlich autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die Retina der betroffenen Hunde zeigt im jungen Alter zunächst keine Auffälligkeiten, im Alter von 12 – 24 Monaten kommt es aber zuerst zu einer Degeneration der Zapfen- und später auch der Stäbchen-Photorezeptorzellen. Erste Anzeichen der Erkrankung sind typischerweise Probleme beim Ausweichen vor Hindernissen im Dämmerlicht. Die Degeneration der Photorezeptoren nimmt mit der Zeit immer weiter zu; bis zur vollständigen Erblindung können aber mehrere Jahre vergehen. So kann diese Form der PRA meist auch erst im Alter von 3 – 5 Jahren durch ophthalmologische Untersuchungen erkannt werden.

Progressive Retinaatrophie (dominante Form)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Bullmastiff, Mastiff
Erbgang	autosomal-dominant
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die PRA bei diesen beiden Rassen wird im Gegensatz zu den meisten anderen bekannten Formen der PRA autosomal-dominant vererbt. Somit gibt es keine Träger, die Hunde sind entweder normal oder betroffen. Die Rassen Bullmastiff und Mastiff sind von der späten Form der PRA betroffen. Der Verlust der Sehfähigkeit erfolgt erst relativ spät und wird daher zunächst meist nicht bemerkt. Da die Erblindung erst erkannt wird, wenn der Hund mehrere Jahre alt ist, ist es wichtig, vor einem Zuchteinsatz des Hundes zu wissen, ob es sich bei diesem um einen Betroffenen handelt.

Progressive Retinaatrophie (eo-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Portugiesischer Wasserhund, Spanischer Wasserhund
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Beim Portugiesischen und Spanischen Wasserhund kommt neben der prcd-PRA, deren Symptome eher in einem fortgeschrittenem Alter auftreten, die sogenannte early-onset-PRA (eo-PRA) vor, die schon in einem jungen Alter zu Sehbeeinträchtigungen führen kann. Besitzer von eo-PRA betroffenen Hunden berichten von ersten Sehstörungen im Alter von etwa 1,5 Jahren, während die Hunde im Alter von 4,5 Jahren bereits als weitgehend blind beschrieben werden. Die eo-PRA wird durch eine Variante im PDE6B-

Gen verursacht, die autosomal-rezessiv vererbt wird. Bei dieser Form der PRA kann die Diagnose durch eine klinische Augenuntersuchung häufig erst einige Zeit später gestellt werden, nachdem die Besitzer bereits erste Veränderungen festgestellt haben.

Progressive Retinaatrophie (generalisierte PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Schapendoes
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

siehe Einleitungstext zur progressiven Retinaatrophie (PRA)

Progressive Retinaatrophie (GR-PRA1 und GR-PRA2)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Golden Retriever
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Der Beginn der Erkrankung variiert innerhalb der Rasse, häufig erfolgt aber die Diagnose erst im Alter von ca. 5 Jahren. Bislang sind zwei für den Golden Retriever spezifische Mutationen bekannt, die als GR-PRA1 und GR-PRA2 bezeichnet werden. Klinisch unterscheiden sich die Symptome kaum voneinander, ebenso wie von der auch in der Rasse vorkommenden pcd-PRA.

Progressive Retinaatrophie (GUCY2D-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Spitz
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Eine genetische Variante des GUCY2D-Gens kann mit einer frühen Form der PRA beim Spitz assoziiert werden. Die betroffenen Hunde zeigen bereits im Alter von 3 Monaten ein eingeschränktes Sehvermögen, sowohl bei Tageslicht als auch bei Nachtlicht. Sie besitzen eine blasses Papille, die Anzahl der retinalen Blutgefäße ist leicht verringert und manche betroffenen Welpen leiden ebenfalls an Nystagmus (Augenzittern). Während die Funktion der Photorezeptoren bereits im Alter von wenigen Monaten stark beeinträchtigt ist, kann die Diagnose durch eine klinische Untersuchung erst später gestellt werden.

tigt oder gar vollständig gestört ist, scheint die retinale Struktur zunächst gut erhalten zu bleiben. Erst bei älteren betroffenen Hunden kann eine leichte Verdünnung der Retina beobachtet werden.

Progressive Retinaatrophie (IFT122-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay und ggf. Sequenzierung
Rasse	Lappländischer Rentierhund
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Beim Lappländischen Rentierhund kommen unterschiedliche Formen erblicher retinaler Dystrophien vor. Es können jedoch nicht alle dieser Fälle durch die bereits bekannten genetischen Varianten der pcd-PRA und der caninen multifokalen Retinopathie 3 (CMR3) erklärt werden. Eine Variante des Intraflagellar-Transport 122 (IFT122)-Gens konnte nun mit einer weiteren Form der PRA beim Lappländischen Rentierhund assoziiert werden. Die IFT122-PRA-Variante wird autosomal-rezessiv vererbt. Das erste Anzeichen der Erkrankung ist typischerweise zunehmende Nachtblindheit, die durch die Degeneration der Stäbchenzellen bedingt wird. Diese Form der PRA wird meist im Alter von 5 – 12 Jahren diagnostiziert. Da die Erkrankung langsam fortschreitet, besitzen manche betroffenen Hunde aber auch im Alter von 13 Jahren noch einen Teil ihres Sehvermögens.

Progressive Retinaatrophie (JPH2-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Shih Tzu
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Beim Shih Tzu konnte eine genetische Variante im JPH2 (Junctophilin)-Gen gefunden werden, die mit einer PRA einhergeht. Über erste Anzeichen der PRA bei dieser Rasse wurde von den Besitzern betroffener Hunde ab einem Alter von 5 – 9 Jahren berichtet.

Progressive Retinaatrophie (MERTK-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Schwedischer Wallhund (Västgötaspets)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei der Rasse Schwedischer Wallhund (Västgötaspets) wurde eine Mutation im MERTK-Gen identifiziert, die progressive Retinaatrophie (PRA) verursacht. Das Erkrankungsalter und die Schwere der Symptome variieren. Auch das Alter der Diagnosestellung ist sehr variabel (1 – 13 Jahre).

Progressive Retinaatrophie (NECAP1-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung
Rasse	Riesenschnauzer
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Beim Riesenschnauzer wurde eine Variante im sogenannten NECAP1-Gen gefunden, die mit einer neuen Form der PRA assoziiert werden kann. Die ersten Symptome dieser PRA-Form werden in einem Alter von etwa 4 Jahren beschrieben. Das NECAP1-Gen codiert für ein Protein, das an der Clathrin-vermittelten Endozytose (CEM) in den Synapsen beteiligt ist. Man geht davon aus, dass durch das Verhindern dieser CEM in der Retina betroffener Hunde Rhodopsin in den Photorezeptoren akkumuliert, was zu Zelltod und einer Degeneration der Retina führt.

Progressive Retinaatrophie (pap-PRA1)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Papillon, Phalène
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Der Erkrankungsbeginn sowie die Stärke der Symptome variieren bei dieser PRA-Form stark, vermutlich abhängig vom unterschiedlichen genetischen Hintergrund. Die mit diesem Gentest nachweisbare Mutation erklärt etwa 70 % der PRA-Fälle, woraus zu folgern ist, dass es mindestens noch eine weitere genetische Ursache für PRA in diesen Rassen geben muss.

Progressive Retinaatrophie (PRA3)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Tibet Spaniel, Tibet-Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei den Rassen Tibet Spaniel und Tibet-Terrier konnte eine genetische Variante des FAM161A-Gens gefunden werden, welche die sogenannte PRA3 auslöst. Das FAM161A-Gen codiert für ein Protein der Zilien und wird an den Photorezeptorzellen der Retina exprimiert. Betroffene Hunde zeigen die PRA-typischen Symptome erst relativ spät, etwa ab 5 Jahren. Jedoch können nicht alle ophthalmologisch von PRA betroffenen Fälle der Tibet Spaniels und Tibet-Terrier anhand der PRA3-Variante erklärt werden. Man geht davon aus, dass weitere bislang unbekannte PRA-auslösende Varianten neben der PRA3-Variante, und auch neben der rcd4-PRA-Variante beim Tibet-Terrier, vorkommen können.

Progressive Retinaatrophie (PRA4)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	Lhasa Apso
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

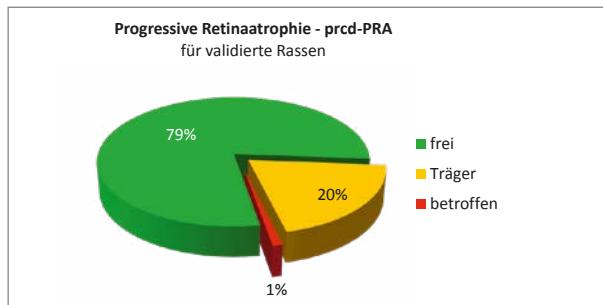
Beim Lhasa Apso konnte eine Variante im IMPG2-Gen mit einer progressiven Retinaatrophie assoziiert werden. Die ersten klinischen Anzeichen der Erkrankung können bereits im Alter von 2,5 Jahren auftreten, wobei das Alter aber sehr variabel ist. Zudem bemerken die Besitzer betroffener Hunde die Sehbeeinträchtigungen oft erst mehrere Jahre nach dem Beginn der Erkrankung.

Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Es werden zwei Typen von Photorezeptoren unterschieden: Stäbchen und Zapfen. Die Stäbchenzellen sind spezialisiert auf das Dämmerungs- (Hell-Dunkel-) und Kontrastsehen. Die Zapfenzellen hingegen konzentrieren sich auf das Tages- und Farbsehen. Bei der prcd-PRA verlieren zuerst die Stäbchenzellen ihre normale Funktion, dies führt zu fortschreitender Nachtblindheit und einem Verlust der Anpassung des Sehvermögens. Im späteren Stadium werden auch die Zapfenzellen zerstört, sodass es schließlich zur völligen Erblindung des Hundes kommt. Die klinischen Symptome treten in der Regel schon in der frühen Jugend auf, bei den verschiedenen Hunderassen allerdings zu unterschiedlichen Zeitpunkten.



Progressive Retinaatrophie (rcd1-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung
Rasse	Irish Red and White Setter, Irish Red Setter
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die rcd1-PRA ist durch einen frühen Krankheitsbeginn gekennzeichnet. So tritt eine vollständige Erblindung der betroffenen Hunde bereits mit ein bis zwei Jahren auf.

Progressive Retinaatrophie (rcd1a-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Sloughi
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Beim Sloughi handelt es sich um eine Dysplasie von Zapfen und Stäbchen, eine sog. rod cone dysplasia type 1 (rcd1). Diese ist als rcd1a beschrieben. Die rcd1-Mutation wird autosomal-rezessiv vererbt und ist durch einen frühen Krankheitsbeginn gekennzeichnet.

Progressive Retinaatrophie (rcd2-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	Collie (Kurzhaar/Langhaar)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die „Collie-PRA“ oder auch genannt Rod-cone-Dysplasie Typ 2 (rcd2) stellt beim Langhaar- und Kurzhaarcollie seit Jahrzehnten ein gesundheitliches Problem dar. Eine abnorme Entwicklung der Zapfen und Stäbchen führt zu einem frühzeitigen Auftreten der Nachtblindheit, die typischerweise bei den Welpen etwa ab einem Alter von 6 Wochen auftritt. In den meisten Fällen erblindet ein rcd2-betroffener Hund im Alter von 1 Jahr vollständig.

Progressive Retinaatrophie (rcd3-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Chinese Crested Dog, Welsh Corgi Cardigan, Zwergspitz
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Es handelt sich um eine sog. Rod-cone-Dysplasie Typ 3 (rcd 3), die zum ersten Mal bereits 1972 beschrieben wurde. Ophthalmologisch kann diese Erkrankung beim Welsh Corgi Cardigan im Alter zwischen 6 und 16 Wochen detektiert werden. Betroffene Hunde erblinden, bevor sie ein Jahr alt sind. Manche Tiere behalten noch eine Restsehfähigkeit bis zum Alter von 3 – 4 Jahren.

Progressive Retinaatrophie (rcd4-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Altdänischer Vorstehhund, Australian Cattle Dog, Bolonka Zwetna, English Setter, Gordon Setter, Irish Red and White Setter, Irish Red Setter, Kleiner Münsterländer, Polnischer Niederungshütehund (PON), Pudel, Tatra-Schäferhund, Tibet-Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei der rcd4-PRA handelt es sich um eine Dysplasie von Zapfen und Stäbchen, einer sogenannten Rod-cone-dysplasia type 4 (rcd4). Sie wurde zuerst beim Gordon Setter beschrieben, kommt aber auch bei einigen weiteren Rassen vor. Erste Symptome treten bei dieser Form typischerweise erst relativ spät im Alter zwischen 5 – 12 Jahren auf, weshalb man auch von einer Late-Onset-PRA (LOPRA) spricht. Ein erstes Anzeichen für diese Form der PRA ist die Nachtblindheit betroffener Hunde.

Bitte beachten Sie, dass bei einigen der angegebenen Rassen neben der rcd4-PRA weitere PRA-Formen auftreten können.

Progressive Retinaatrophie (Typ B1-PRA, HIVEP3)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Zwergschnauzer
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Neuesten wissenschaftlichen Untersuchungen zufolge ist eine Mutation im HIVEP3-Gen für die frühe Form der Typ B1-PRA beim Zwergschnauzer verantwortlich. Der bisher angebotene Typ B1-PRA-Test über Optigen (mittlerweile GeneSeek) hat eine genetische Variante im PPT1-Gen untersucht, die Abweichungen im Bezug auf Genotyp und Phänotyp zeigte. Die neu entdeckte HIVEP3-Variante weist eine bessere Korrelation auf, weshalb wir empfehlen, den neueren Test nach Kaukonen et. al. durchzuführen.

Progressive Retinaatrophie (XL-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Husky, Samojede
Erbgang	X-chromosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die sogenannte X-Linked-PRA (XL-PRA) ist eine Sonderform im Vergleich zu anderen PRAs, da die zugrunde liegende Mutation auf dem X-Chromosom liegt. Da männliche Tiere nur ein X-Chromosom besitzen, sind Rüden bei Vorliegen des Gendefekts immer betroffen. Bei Hündinnen müssen beide X-Chromosomen die Mutation tragen, damit die Krankheit in vollem Umfang ausbricht. Die XL-PRA ist eine spät einsetzende Form der Erkrankung. Die ersten Symptome zeigen sich erst mit 3 – 5 Jahren.

Progressive Retinaatrophie mit Neurodegeneration (PCYT2-Defizienz)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Saarlooswolfhund
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Eine genetische Variante des PCYT2-Gens kann bei Saarlooswolfhunden mit einer Erkrankung assoziiert werden, die sowohl zum Erblinden führt als auch eine Neurodegeneration mit sich bringt.

Betroffene Hunde leiden an einer retinalen Degeneration, die bereits im frühen Erwachsenenalter einsetzt. Es kommt zu den typischen ophthalmologischen Veränderungen

einer generalisierten Progressiven Retinaatrophie (PRA), während die ersten klinischen Anzeichen ab einem Alter zwischen 20 und 46 Monaten sichtbar werden. Zudem zeigen die betroffenen Hunde ab dem späteren Erwachsenenalter neurologische Defizite, wie Gangaufläufigkeiten, Schwäche der hinteren Gliedmaßen, Tremor, Ataxie, Rückgang der kognitiven Fähigkeiten und Verhaltensauffälligkeiten, vor allem Aggressivität gegenüber dem Besitzer. Bei manchen Hunden wurde auch von epileptischen Anfällen berichtet. Die betroffenen Hunde müssen oft aufgrund der fortschreitenden neurologischen Symptome und der dadurch entstehenden Beeinträchtigung der Lebensqualität euthanasiert werden.

Protein-Losing-Nephropathie (PLN)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Airedale Terrier, Irischer Soft Coated Wheaten Terrier
Erbgang	Risikoanalyse
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Die genetisch bedingte PLN beim Irischer Soft Coated Wheaten Terrier und Airedale Terrier zeigt sich als versteckte Proteinurie ab einem mittleren Alter. Die Erkrankung kann über Jahre stabil und mild verlaufen. In manchen Fällen kommt es jedoch zu schweren Komplikationen u.a. durch Nierenversagen oder Thrombosen. Der Gentest ermöglicht eine Risikoabschätzung für die Entstehung einer PLN. Heterozygote Tiere haben ein mittleres Risiko zu erkranken, homozygot betroffene Tiere haben ein sehr hohes Erkrankungsrisiko. Der Zeitpunkt des Erkrankungsbeginns sowie der Verlauf der Symptome sind sehr variabel und wohl abhängig von „Modifizierenden“ und Umweltfaktoren. Außerdem kann der Gentest nicht die erworbenen Formen einer PLN erfassen.

Pyruvatdehydrogenase-Phosphatase-1-Defizienz (PDP1)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Clumber Spaniel, Sussex Spaniel
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die Pyruvatdehydrogenase ist ein Multienzymkomplex, der für die Energiegewinnung aus Kohlenhydraten (Glukose) in der Zelle nötig ist. Das Enzym Pyruvatdehydrogenase-Phosphatase ist dabei für die Reaktivierung des Enzymkomplexes wichtig. Hunde, die unter PDP1-Defizienz leiden, zeigen nach kleinsten Anstrengungen starke Ermüdungserscheinungen, die bis zum Zusammenbruch führen können. Es können auch neurologische Symptome auftreten.

Pyruvatkinase-Defizienz (PK)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Basenji, Beagle, Cairn Terrier, Labrador Retriever, Mops, West Highland White Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Aufgrund der fehlenden Pyruvatkinase ist die Glykolyse in den Erythrozyten beeinträchtigt. Dadurch kommt es zur schweren, chronischen, regenerativen, hämolytischen Anämie und Retikulozytose. Weiterhin kommt es bei Hunden zur progressiven Myelofibrose und Osteosklerose. Dies sind mitunter die Hauptursachen für den frühen Tod der betroffenen Hunde. Klinische Symptome der Erkrankung sind allgemeine Schwäche und eine vergrößerte Milz.

Raine-Syndrom

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Border Collie
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Das Raine-Syndrom wurde beim Border Collie als rezessiv vererbte Krankheit beschrieben. Die Symptome sind analog zu denen der craniomandibulären Osteopathie (CMO). Betroffene Hunde zeigen sehr starke Abnutzung der Zähne und Zahnfleischentzündungen, die zum Verlust der Zähne führen können. Die übermäßige Abnutzung der Zähne resultiert aus einer fehlenden Mineralisierung sowie der folglich verminderten Härte des Zahnschmelzes. Auch andere Knochen sind bei diesen Tieren meist geringer mineralisiert.

Retinale Dysplasie (RD/OSD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Labrador Retriever
Erbgang	autosomal-dominant mit unvollständiger Penetranz
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die retinale Dysplasie (RD) oder retinale Falten sind eine relativ häufige klinische Beobachtung bei vielen Hunderassen, die per se keine Zuchteinschränkung bedeutet. Beim Labrador jedoch kann die retinale Dysplasie mit einem ernsthaften Syndrom,

der okulo-skeletalen Dysplasie (OSD), verknüpft sein. OSD geht einher mit Skelettmissbildungen, verkürzten Gliedmaßen (Zwergwuchs) sowie frühzeitiger Erblindung. Die Erblindung resultiert aus einer generalisierten Missbildung der Retina, teilweiser oder vollständiger Ablösung der Netzhaut und Katarakt. Der Erbgang ist bislang noch nicht völlig geklärt.

Retinale Dysplasie (OSD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Northern Inuit, Tamaskan
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei den Rassen Northern Inuit und Tamaskan konnte eine genetische Variante im COL9A3-Gen (Exon 14) gefunden werden, die mit einer okulo-skeletalen Dysplasie (OSD) einhergeht. Die Symptome einer OSD bei diesen beiden Rassen und beim Labrador Retriever ähneln sich sehr. Neben Zwergwuchs (verkürzte Gliedmaßen, aber normal proportioniertes Achsenskelett) und Skelettdysplasie kann es auch zu Einschränkungen des Sehvermögens bis hin zur Erblindung durch Netzhautablösung, Netzhautdegeneration und/oder Katarakt (Linsentrübung) kommen.

Robinow-like-Syndrom (DVL2)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	American Bulldog, American Pitbull Terrier, American Staffordshire Terrier, Bordeauxdogge, Boston Terrier, Continental Bulldog, Englische Bulldogge, Französische Bulldogge, Olde English Bulldogge, Shih Tzu, Staffordshire Bull Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv mit variabler Penetranz
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Es wurde eine genetische Variante des Dishevelled-2-Gens (DVL2) identifiziert, die bei den Rassen Englische Bulldogge, Französische Bulldogge und Boston Terrier fixiert vorliegt und mit dem rassettypischen brachycephalen Phänotyp einhergeht. Zudem korreliert die Variante mit Brust- und Schwanzwirbel-Fehlbildungen und trägt, zusammen mit den bereits bekannten Varianten in den Genen SMCO2 und BMP3, zum brachycephalen Phänotyp bei. Die Variante scheint dabei einem rezessiven Erbgang zu folgen, wobei sie in Bezug auf die Brustwirbel-Fehlbildungen eine unvollständige Penetranz zeigt, die sich von Rasse zu Rasse unterscheidet. Hinweise, dass die DVL2-Variante auch mit anderen Gesundheitsproblemen wie beispielsweise dem brachycephalen obstruktiven Atemwegssyndrom (BOAS) oder angeborenen Herzfehlern verknüpft sein könnte, sind noch Gegenstand aktueller Forschungen.

Neben den oben genannten Rassen konnte die DVL2-Variante im homozygoten oder heterozygoten Zustand auch bei den folgenden Rassen gefunden werden: American Pitbull Terrier, Staffordshire Bull Terrier, Shih Tzu, American Staffordshire Terrier, Bordeauxdogge, Olde English Bulldogge und American Bulldog. Bei diesen Rassen scheint die Variante ebenfalls mit dem brachycephalen Phänotyp sowie den Fehlbildungen der Schwanzwirbel assoziiert zu sein. Jedoch ist hier, im Gegensatz zu den Rassen mit Korkenzieherrute, die absolute Anzahl der Wirbel nicht reduziert und die Rute nicht komplett missgebildet. Zudem scheint bei diesen Rassen kein Zusammenhang zwischen der Variante und Fehlbildungen der Brustwirbel vorzuliegen, was aber auch durch die variable Penetranz bedingt sein könnte.

Schwere kombinierte Immundefizienz (SCID)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Friesischer Wasserhund, Jack Russell Terrier, Parson Russell Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die schwere kombinierte Immundefizienz (SCID) äußert sich in sehr niedrigen Immunoglobulinwerten und Lymphozytenzahlen, was zu einer schwerwiegenden Schwächung der zellulären und humoralen Immunantwort führt. Betroffene Hunde zeigen eine erhöhte Anfälligkeit für Viren und Bakterien und versterben meist an opportunistischen Infektionen im Alter von 8 – 12 Wochen.

Beim Friesischen Wasserhund liegt die Ursache für SCID in einer Punktmutation im RAG1-Gen, während beim Jack Russell Terrier die ursächliche Punktmutation auf dem caninen DNA-PKcs-Gen liegt.

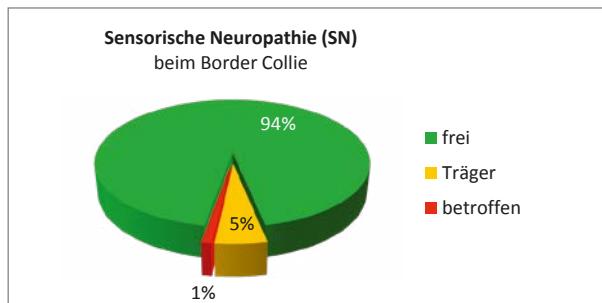
Sensorische Neuropathie (SN)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	Border Collie
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die sensorische Neuropathie beim Border Collie ist eine schwere neurologische Störung, die durch die Degeneration von sensorischen und (in geringerem Maße) motorischen Nervenzellen verursacht wird. Die ersten klinischen Anzeichen zeigen sich im Alter von 2 – 7 Monaten und beinhalten progressive propriozeptive Ataxie mit Hyperextension der Gliedmaßen und Wunden durch Selbstverstümmelung an den Gliedmaßen. Gewöhnlich sind die Hinterbeine stärker betroffen als die Vorderbeine. Die Eigen- und Schmerzwahrnehmung ist in allen Gliedmaßen vermindert bzw. im fortschreitenden Verlauf der

Krankheit nicht mehr vorhanden, in einigen Fällen wurde auch von Harninkontinenz und Erbrechen berichtet. Elektrophysiologische Untersuchungen zeigen verminderte oder fehlende sensorische Aktionspotentiale, normale oder reduzierte motorische Nervenleitgeschwindigkeiten und normale Elektromyographie in den innervierten Muskeln.



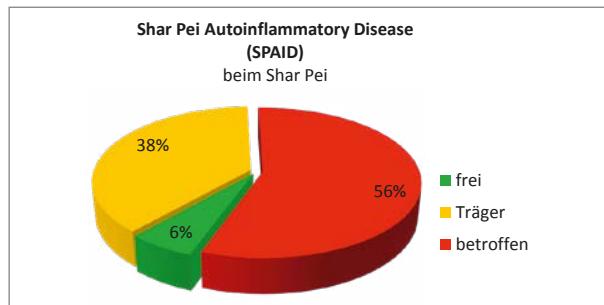
Shar Pei autoinflammatory disease (SPAID)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Shar Pei
Erbgang	autosomal-dominant mit variabler Penetranz
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Beim Shar Pei werden Entzündungssymptome wie Fieber und Arthritis häufig mit der rassespezifischen Prädisposition für das Syndrom „Shar Pei Autoinflammatory Disease“ (SPAID, Shar Pei-Fieber) in Verbindung gebracht. Neben dem typischen Fieber können bei SPAID noch folgende Symptome vorkommen: Arthritis, Dermatitis, Otitis, systemische Amyloidose, Hautrötungen im Bereich der Hautfalten, verklebte und verdickte Haut, Augen- und ständig wiederkehrende Darmentzündungen. Die ersten klinischen Symptome zeigen sich meist im Alter von 1 – 6 Jahren.

Bezüglich der Komplexität der Krankheit und des variablen Zeitpunkts der ersten Symptome ist SPAID humanen autoinflammatorischen Krankheiten wie zum Beispiel dem familiären Mittelmeerfieber sehr ähnlich. Es wurde eine Mutation im MTBP-Gen gefunden, die sehr stark mit SPAID beim Shar Pei assoziiert ist.



Spinocerebelläre Ataxie (SCA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay (1) bzw. Sequenzierung (2)
Rasse	Alpenländische Dachsbracke (2), Fox Terrier (1), Jack Russell Terrier (1), Parson Russell Terrier (1), Patterdale Terrier (1), Tenterfield Terrier (1), Toy Fox Terrier (1)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage: Fox Terrier, Jack Russell Terrier, Parson Russell Terrier, Patterdale Terrier, Tenterfield Terrier, Toy Fox Terrier; 1 – 2 Wochen: Alpenländische Dachsbracke

Erkrankung

Durch eine Mutation kann es bei betroffenen Tieren zu einer sich stetig verschlimmernden Störung des Bewegungsapparates kommen. Neben anfänglichen Koordinations- und Gleichgewichtsproblemen kann dies bis zur völligen Bewegungsunfähigkeit führen. Im Gegensatz zur Late onset-Ataxie (LOA) haben SCA-betroffene Hunde oft Muskelzuckungen oder -versteifungen. Betroffene Tiere entwickeln erste Symptome in der Regel ab einem Alter von 3 Monaten. Diese können sich mit der Zeit verstärken und erreichen meist im Alter zwischen 8 und 16 Monaten ihren Höhepunkt. Die Lebenserwartung betroffener Tiere liegt im Durchschnitt unter 3 Jahren.

Spondylokokstale Dysostose (Comma-Defekt)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung
Rasse	Zwergschnauzer
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die spondylo kostale Dysostose (Comma-Defekt) ist eine Erberkrankung, die vor allem durch Segmentationsstörungen der Wirbelsäule und der Rippen charakterisiert ist. Der Erkrankung liegt eine Deletion im Gen HES7 zu Grunde.

Betroffene Hunde zeigen disproportionierten Minderwuchs sowie Wirbelsäulenverkürzung und Rippedefekte schon als Neugeborene. Der Schädel weist eine prominente Stirn sowie ein ausladendes Hinterhaupt auf. Zusätzlich können Fehlbildungen der Zehen und Bauchwanddefekte auftreten. Die fehlgebildeten Rippen verursachen einen verkleinerten Brustkorb, wodurch die Lungenfunktion eingeschränkt und Ateminsuffizienz verursacht wird.

Spongiforme Leukoenzephalomyelopathie* (SLEM)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Partnerlabor
Rasse	Border Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	5 – 6 Wochen

Erkrankung

Beim Border Terrier konnte eine genetische Variante als Ursache für eine degenerative neurologische Erkrankung gefunden werden, die als spongiforme Leukoenzephalomyelopathie (SLEM) oder shaking puppy syndrome bezeichnet wird.

Veränderungen der isolierenden Myelinschicht um die Nervenfasern der weißen Substanz des Gehirns resultieren in einer reduzierten Weiterleitung der Nervenimpulse und letztendlich in neurologischen Symptomen wie mangelnder Koordination, Zittern und Anfallserscheinungen. Die ersten Symptome werden üblicherweise sichtbar, sobald die Welpen beginnen zu stehen und zu laufen, i. d. R. im Alter von etwa 2 Wochen. Zunächst zeigt sich ein Zittern der Hinterläufe, später breitet sich das Zittern auf den ganzen Körper aus und wird von einer allgemein schlechten Koordinationsfähigkeit begleitet. Die betroffenen Welpen sind meist kleiner und leichter als ihre gesunden Wurfgeschwister. Manche betroffenen Welpen zeigen jedoch bis zum Alter von 10 – 12 Wochen weder Koordinationsprobleme noch Zittern, und auch der Schweregrad der klinischen Symptome kann sehr unterschiedlich sein. Daher geht man von weiteren Genvarianten oder Umweltfaktoren aus, die das Fortschreiten der Myelindefekte beeinflussen könnten.

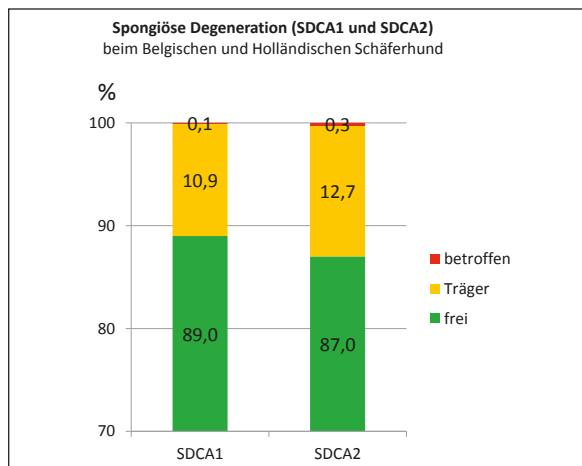
Zurzeit gibt es noch keine effektive Therapie für SLEM-betroffene Welpen, sodass diese aufgrund der schlechten Lebensqualität meist euthanasiert werden müssen.

Spongiöse Degeneration mit cerebellärer Ataxie (SDCA1 und SDCA2)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay (SDCA1), Fragmentlängenanalyse (SDCA2)
Rasse	Belgischer Schäferhund, Holländischer Schäferhund
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage: SDCA1; 1 – 2 Wochen: SDCA2

Erkrankung

Spongiosa Degeneration mit cerebellärer Ataxie (SDCA) ist eine neurodegenerative Krankheit beim Belgischen und Holländischen Schäferhund, welche durch eine Mutation in den Genen KCNJ10 (SDCA1) und ATP1B2 (SDCA2) verursacht wird. Welpen mit SDCA zeigen bereits im Alter von 5 – 8 Wochen klinische Symptome. Sie weisen einen ataktischen Gang auf, was hauptsächlich an den hinteren Extremitäten sichtbar wird. Weitere klinische Symptome sind Straucheln und Torkeln, Intentionstremor, Muskelpasmen sowie der Verlust der Balance und Hinfallen. SDCA ist eine progressive Erkrankung, sodass die Tiere meist im Alter von 12 Wochen euthanasiert werden müssen.



Stargardt-Syndrom (retinale Degeneration) (STGD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Labrador Retriever
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktagen

Erkrankung

Morbus Stargardt ist eine humane erblich bedingte Augenerkrankung, die bereits im Kindes- bzw. Jugendalter Sehschwäche oder Blindheit verursachen kann. Bei der Rasse Labrador Retriever konnte eine Variante im ABCA4-Gen gefunden werden, die mit einer caninen Form der Stargardt-Erkrankung assoziiert werden kann und ähnliche klinische Symptome auslöst wie beim Menschen. Das ABCA4-Gen codiert für ein Membrantransporter-Protein, welches im äußeren Segment der Stäbchen- und Zapfen-Photorezeptoren lokalisiert ist und eine wichtige Rolle im visuellen Kreislauf spielt. Die beschriebene Variante führt zu einer erhöhten Akkumulation von Lipofuszin im retinalen

Pigmentepithel (RPE) und zu einer Degeneration der Stäbchen- und Zapfen-Photorezeptoren. Dadurch kommt es bei betroffenen Hunden zu einer Beeinträchtigung der Sehfähigkeit sowohl bei Tageslicht als auch bei Dämmerlicht. Weitere Symptome sind: fokale Hypertrophie und Hyperplasie im RPE, geweitete Pupillen bei Tageslicht, abnormale Pupillenlicht- und Blendreflexe. Typischerweise ist die Funktion der Zapfen-Zellen (verantwortlich für Lichtadoptions-Reaktionen) früher beeinträchtigt als die der Stäbchen-Zellen (verantwortlich für die Dunkel-Adaption), welche auch bei älteren Hunden noch besser erhalten sind als die Zapfen. Im Gegensatz zu vielen anderen erblich bedingten Augenerkrankungen bleibt bei betroffenen Hunden mit Stargardt-Syndrom trotz der Erkrankung eine geringe Sehfähigkeit bis zum Ende ihres Lebens erhalten.

Startle Disease

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse (1) bzw. Sequenzierung (2)
Rasse	Australian Shepherd (2), Bobtail (2), Galgo Espanol (2), Irischer Wolfshund (1), Miniature American Shepherd (2)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 14 Werkstage: (1); 1 – 2 Wochen: (2)

Erkrankung

Die Startle-Krankheit oder Hyperekplexie ist eine erblich bedingte neurodegenerative Erkrankung, die mit einem gestörten Transport des Neurotransmitters Glycin zusammenhängt. Individuelle Mutationen im SLC6A5-Gen wurden bei den Rassen Bobtail, Irischer Wolfshund und Galgo Espanol gefunden, während bei Australian Shepherd und Miniature American Shepherd eine Variante im GLRA1-Gen gefunden wurde, die die Startle-Krankheit verursacht.

Betroffene Welpen zeigen bereits in sehr jungem Alter erste Symptome, beim Irischen Wolfshund beispielsweise bereits 5 – 7 Tage nach der Geburt. Klinische Symptome sind übertriebene Steifheit der Beinmuskeln und Muskelzittern als Reaktion auf akustische oder taktile Stimuli. Die Welpen können weder stehen noch gehen und zeigen eine starre Streckhaltung aller vier Gliedmaßen. Die Symptome lassen nach, wenn die Hunde entspannt sind oder schlafen und nehmen bei Bewegung zu. Außerdem kann eine Zyanose während des Säugens auftreten. Betroffene Welpen müssen eingeschläfert werden.

Subakute nekrotisierende Enzephalopathie (SNE)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	Yorkshire Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die subakute nekrotisierende Enzephalopathie (SNE) beim Yorkshire Terrier ist gekennzeichnet durch einen abnormalen Gang, Ataxie und Spastizität sowie zentralnervöse Seh- und Wahrnehmungsstörungen. Erste Symptome treten im ersten Lebensjahr auf. Die Erkrankung führt letztlich zum Tod.

Succinat-Semialdehyd-Dehydrogenase-Defizienz (SSADHD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Saluki
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Beim Saluki wurde eine genetische Variante identifiziert, die mit einer neurometabolischen Erkrankung namens Succinat-Semialdehyd-Dehydrogenase-Defizienz (SSADHD) assoziiert werden kann. SSADHD wird durch einen Enzymmangel verursacht, der den Metabolismus von Gamma-Aminobuttersäure (GABA) beeinflusst; GABA ist ein wichtiger Neurotransmitter des Zentralen Nervensystems.

Die ersten Anzeichen der Erkrankung zeigen die betroffenen Welpen meist ab einem Alter von 6 – 10 Wochen. Typische Symptome sind neurologische Störungen, Krampfanfälle und Verhaltensänderungen. Besitzer betroffener Tiere berichteten von Phasen mit andauernden Lautäußerungen, milder Ataxie des ganzen Körpers und allgemeiner Lethargie, sodass die Besitzer oft Schwierigkeiten hatten, die Welpen aufzuwecken. Weitere Auffälligkeiten sind fehlende Schutzreflexe an beiden Augen, Bewegungsstörungen der Vorderläufe und verzögerte sensomotorische Bewegungsabläufe aller vier Beine. Im Serum können erhöhte Konzentrationen von Gamma-Hydroxybuttersäure (GHB) und im Urin erhöhte Konzentrationen von Succinat-Semialdehyd (SSA) gemessen werden. Aufgrund der schweren Symptomatik werden die betroffenen Welpen meist im Alter von 3 – 9 Monaten eingeschläfert.

Thrombozytopathie

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung
Rasse	Basset Hound, Landseer
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die Thrombozyten spielen eine wichtige Rolle bei der Stillung von Blutungen. Hunde, die unter dieser erblichen Form der Thrombozytopathie leiden, weisen ungewöhnlich viele Äderungen und Hämatome auf, da ihre Thrombozyten nicht richtig auf Aktivierungssignale antworten.

Trapped Neutrophil Syndrome (TNS)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Border Collie
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktagen

Erkrankung

TNS ist eine Erbkrankheit, bei der das Knochenmark neutrophile Granulozyten (weiße Blutkörperchen) produziert, aber nicht in der Lage ist, diese an den Blutkreislauf abzugeben. Demzufolge haben betroffene Welpen ein geschwächtes Immunsystem und können Krankheitserreger nicht effektiv bekämpfen. Die Welpen zeigen eine Vielzahl von Symptomen, je nach Art der Infektion, von der sie befallen sind. Ebenso variieren Beginn und Schweregrad der Erkrankung, die meisten Hunde werden jedoch nicht älter als 4 Monate. In seltenen Fällen können jedoch Antibiotika- und Steroid-Therapien betroffenen Hunden ein nahezu beschwerdefreies Leben ermöglichen.

Van den Ende-Gupta-Syndrom (VDEGS)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Fox Terrier, Toy Fox Terrier
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktagen

Erkrankung

Das Van den Ende-Gupta-Syndrom wurde beim Fox Terrier als rezessiv vererbte Krankheit beschrieben. Die Symptome sind analog zu denen, die für die craniomandibuläre Osteopathie (CMO) beschrieben sind.

Alle betroffenen Hunde zeigten ohne Ausnahme einen deutlichen Unterbiss bei verkürztem Oberkiefer. Zusätzliche Symptome umfassen fehlende Mineralisierung der Knochen, geschwollene Kniegelenke und Ellenbogen- wie auch Patellaluxationen.

Ventrikuläre Arrhythmie (IVA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Rhodesian Ridgeback
Erbgang	unbekannt
Dauer	3 – 5 Werktagen

Erkrankung

Beim Rhodesian Ridgeback konnte eine genetische Variante des QIL1-Gens gefunden werden, die mit einer Herzerkrankung namens ventrikuläre Arrhythmie (IVA) einhergeht. Das

QIL1-Gen codiert für ein Protein, das am Aufbau und der Verteilung der mitochondrialen Membraneinstülpungen beteiligt und somit wichtig ist für die zelluläre Energieproduktion. Die betroffenen Hunde zeigen ventrikuläre und/oder supraventrikuläre Tachykardie (Herzrasen) und Herzrhythmusstörungen, meist in einem Alter zwischen 6 – 18 Monaten. In manchen Fällen kann dies sogar zum plötzlichen Herztod führen. Die Erbkrankheit hat eine variable Penetranz und Expression. Daher kommt es bei manchen genetisch betroffenen Hunden nicht zur Erkrankung. Nur etwa 60 % der Hunde, welche die Variante tragen, zeigen abnormale Herzrhythmen und bei manchen Hunden verschwinden die Symptome mit dem Alter wieder. Die Träger der Variante sollten regelmäßig mit Hilfe eines Langzeit-Elektrokardiogramms auf Unregelmäßigkeiten untersucht werden.

Anhand des genetischen Tests können Trägerhunde sicher identifiziert werden, um die Verteilung der Variante in der Rasse zu reduzieren. Allerdings gibt der Test weder Auskunft darüber, ob die Trägerhunde tatsächlich Symptome entwickeln werden, noch über die individuelle Ausprägung der Symptome.

Verhaltensanomalie

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	Belgischer Schäferhund (Malinois)
Erbgang	siehe Text
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Der Malinois ist eine Varietät des Belgischen Schäferhundes und bekannt als aktiver und intelligenter Hund mit einem außergewöhnlich hohen Energieniveau. Diese Charaktereigenschaften können für das tägliche Zusammenleben mit dem Malinois herausfordernd sein, insbesondere für Besitzer, die ihrem arbeitsfreudigen Hund nicht die Auslastung bieten können, die er benötigt. Auf der anderen Seite machen sie den Malinois aber auch zu einem hervorragenden Arbeitshund für Personenschutz, Polizeiarbeit oder als Sporthund (z. B. für Agility oder Schutzhundesport).

Neben der bei der Ausbildung der Hunde angestrebten Form der Aggressivität, die provoziert wurde und eindeutig einer bestimmten, klar-definierten Situation zugeordnet werden kann („zielgerichtete Aggression“), berichten manche Besitzer von einer willkürlichen und episodenhaften Aggression, welche die Hunde schwierig im Handling und zum Teil auch gefährlich macht. Diese unerwünschte Form der Aggressivität tritt nach Angaben der Besitzer ohne ersichtlichen Grund und völlig unvorhersehbar auf. Während der Phasen der Aggression sind die Hunde nicht kontrollierbar, da sie auf keine externen Einflüsse mehr reagieren. Dabei werden die Augen der Hunde oft glasig und zum Teil kann es auch zu Beißhandlungen oder Krampfanfällen kommen.

Eine genetische Variante im Dopamintransporter-Gen (SLC6A3) wurde häufiger bei Hunden gefunden, die diese unerwünschte Form der Aggressivität zeigen. Es konnten bislang drei verschiedene Allele dieses Gens identifiziert werden: Die Allele A0 und A10

werden nicht mit dem aggressiven Verhalten assoziiert, während das Allel A22 häufiger bei Hunden mit willkürlicher Aggression auftritt. Hunde mit heterozygotem Genotyp (A0/A22 oder A10/A22) zeigen laut deren Besitzern häufiger unerwünschte aggressive Verhaltensweisen. Bei den Hunden mit den extremsten Verhaltensauffälligkeiten wurde dagegen besonders häufig der homozygote Genotyp A22/A22 nachgewiesen.

Bitte beachten Sie, dass das Verhalten der Hunde neben dieser genetischen Variante auch durch viele weitere Faktoren beeinflusst wird, die ebenfalls aggressive Verhaltensweisen hervorrufen können (wie zum Beispiel durch Schmerzen, dauerhaften Stress oder ungeeignete Erziehungsmethoden). Zudem gibt dieser Test nur Auskunft über eine genetische Prädisposition und lässt keine Aussage über die aktuelle Ausbildungsfähigkeit oder das kommunikative Verhalten des Hundes zu.

Vitamin-D-abhängige Rachitis (VDR)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Zwergspitz
Erbgang	unbekannt
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die erbliche Form der Vitamin-D-abhängigen Rachitis vom Typ II wird von einem Defekt im Vitamin-D-Rezeptor (VDR)-Gen ausgelöst, wodurch das aktive Hormon Calcitriol nicht mehr binden kann. Infolgedessen kann Calcium im Darm nicht mehr aufgenommen werden, was während der Wachstumsphase im jungen Alter zu Fehlbildungen im Knochenbau und Hypomineralisierung der Knochensubstanz führt. Da das VDR-Gen auch für den Haarwachstumszyklus verantwortlich ist, kann auch Alopezie auftreten.

Von-Willebrand-Krankheit (vWD)

Die Von-Willebrand-Krankheit (vWD) ist die häufigste vererbte Blutgerinnungsstörung von unterschiedlichem Schweregrad, die aus einem defekten oder gar fehlenden Von-Willebrand-Faktor (vWF) im Blut resultiert. Der vWF ist ein wichtiger Bestandteil der Blutgerinnung. Ein fehlender oder defekter vWF hat zur Folge, dass betroffene Tiere bei Verletzungen sehr lange nachbluten und u. U. verbluten können. Die Blutungen betreffen Schleimhautoberflächen und verschlimmern sich durch physischen und psychischen Stress und andere Krankheiten. Typische Anzeichen sind: wiederholte Magen-Darm-Blutungen mit oder ohne Durchfall, Nasenbluten, Zahnfleischbluten, verlängerte Blutung bei der Läufigkeit, Lahmheiten durch Blutungen in den Gelenken, Blutergüsse auf der Körperoberfläche, exzessive Blutungen von zu kurz geschnittenen Krallen oder nach Operationen.

Man unterscheidet drei verschiedene Formen dieser Erkrankung (Typ 1, Typ 2 und Typ 3).

Von-Willebrand-Krankheit Typ 1 (vWD 1)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen
Erbgang	autosomal-dominant mit extrem variabler Penetranz
Dauer	3 – 5 Werktagen

Erkrankung

Die vWD Typ1 ist die mildeste der drei Formen. Mit einer Prävalenzrate von ca. 70 % erkranken Hunde der Rasse Dobermann besonders häufig an der vWD Typ 1.

Von-Willebrand-Krankheit Typ 2 (vWD 2)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Deutsch Drahthaar, Deutsch Kurzhaar
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktagen

Erkrankung

Die vWD Typ 2 verläuft in der Regel schwerwiegender im Vergleich zum Typ 1. Bisher wurden nur von vWD Typ 2 betroffene Hunde bei den Rassen Deutsch Drahthaar und Deutsch Kurzhaar beschrieben.

Von-Willebrand-Krankheit Typ 3 (vWD 3)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay (1) bzw. Sequenzierung (2)
Rasse	Kooikerhondje (2), Schottischer Terrier (1), Shetland Sheepdog (1)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktagen: Schottischer Terrier, Shetland Sheepdog; 1 – 2 Wochen: Kooikerhondje

Erkrankung

Die vWD Typ 3 ist als die schwerwiegendste der 3 Formen bekannt. Zu den klassischen Symptomen gehören schwerwiegende Blutungen nach einer Verletzung bzw. postoperativ oder auch schwere spontane Blutungen. Eine relative hohe Prävalenzrate der vWD Typ 3 ist für die Rassen Schottischer Terrier und Shetland Sheepdog beschrieben.

Xanthinurie Typ II

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Cavalier King Charles Spaniel, Dackel, Englischer Toy Terrier, English Cocker Spaniel, Manchester Terrier

Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Als erbliche Xanthinurie bezeichnet man eine Erbkrankheit, bei der es zu einer erhöhten Ausscheidung von Xanthin, einem Nebenprodukt des Purinstoffwechsels, über den Urin kommt. Aufgrund der niedrigen Löslichkeit geht eine erhöhte Xanthin-Konzentration mit einem höheren Risiko für die Bildung von Xanthin-Kristallen und Harnsteinen sowie für sekundäre Nierenschäden einher.

Typische Symptome sind Beschwerden beim Urinieren und häufigerer Harnabsatz sowie häufiger Harndrang, evtl. Blut im Urin; lebensbedrohliche Blockaden der Harnwege und auch Nierenleiden können Folge der Erkrankung sein. Das Alter bei Auftreten der Symptome ist sehr variabel und kann sowohl wenige Wochen als auch mehrere Jahre betragen.

Es konnten mehrere genetische Varianten bei unterschiedlichen Rassen identifiziert werden, die eine Xanthinurie auslösen können. Varianten im Xanthin-Dehydrogenase (XDH)-Gen werden als Xanthinurie Typ 1 bezeichnet, Varianten im Molybdän-Cofaktor-Sulfurase (MOCOS)-Gen als Xanthinurie Typ 2, wobei beide Gene für Enzyme des Purin-Stoffwechselweges codieren.

Der genetische Test ermöglicht eine schnelle Diagnose und Behandlung der betroffenen Hunde. Purinarme Diäten und eine erhöhte Wasseraufnahme können das Risiko für die Bildung von Steinen verringern. Zudem können anhand der Genuntersuchung die asymptomaticischen Trägertiere identifiziert und so eine Auswahl der geeigneten Zuchtpartner getroffen werden.

X-chromosomale retinale Dysplasie (XLRD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	English Cocker Spaniel
Erbgang	X-chromosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei der Rasse English Cocker Spaniel wurde eine Variante im Gen NDP gefunden, die eine X-chromosomale retinale Dysplasie verursacht. Die betroffenen Welpen zeigen in ungewohnter Umgebung ein Verhalten, das auf schwere Sehstörungen hindeutet. Symptome sind ein fehlender Blend- und Pupillenlichtreflex, Augenzittern (Nystagmus) und eine verdunkelte Iris. Es können ausgedehnte Blutungen im hinteren Augenabschnitt sowie eine vollständige Netzhautablösung auftreten.

X-chromosomale schwere kombinierte Immundefizienz (X-SCID)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung

Rasse	Basset Hound, Welsh Corgi Cardigan, Welsh Corgi Pembroke
Erbgang	X-chromosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die geschlechtsgebundene X-chromosomale schwere kombinierte Immundefizienz (X-SCID) ist gekennzeichnet durch einen starken Defekt der zellulären und humoralen Immunität. Betroffene Hunde leiden an Entwicklungsstörungen, erhöhte Empfindlichkeit gegenüber viralen und bakteriellen Pathogenen und einer Degeneration peripherer Lymphknoten. Betroffene Hunde sterben etwa im Alter von 4 Monaten. Die Ursache ist eine Mutation innerhalb des für den Interleukin-2-Rezeptor codierenden Gens. Beim Basset Hound beruht die Krankheit auf einer 4-Basenpaar-Deletion in diesem Gen, während beim Welsh Corgi eine zusätzliche Base eingeschoben ist. Durch diese Mutationen wird die Bildung eines funktionellen Rezeptors verhindert, wodurch die Fähigkeit der Lymphozyten, Interleukin-2 zu binden und zu proliferieren, herabgesetzt wird.

X-linked Myopathie (XL-MTM)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Labrador Retriever, Rottweiler
Erbgang	X-chromosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die X-linked Myopathie (XL-MTM) ist eine Erkrankung, bei der die gesamte Skelettmuskulatur betroffen ist. Im Gegensatz zur ebenfalls beim Labrador Retriever vorkommenden centronukleären Myopathie (CNM) liegt hier das defekte Gen auf dem X-Chromosom. Das MTM1-Gen ist für die Herstellung von Myotubularin zuständig, welches für die Entwicklung und vor allem für die Aufrechterhaltung der muskulären Funktion wichtig ist. Kann es durch einen Defekt im MTM1-Gen nicht mehr produziert werden, ist die Kopplung zwischen der Anregung des Muskels und der Muskelkontraktion gestört. Anzeichen für diese Erkrankung sind bereits ab Geburt erkennbar. Symptome sind Muskelhypotonie, Muskelatrophie sowie eine fortschreitende Schwächung der Hinterläufe. Begleitet wird dies durch eine beeinträchtigte Atmung, die letztendlich zum Erstickungstod führen kann.

ZNS-Atrophie mit cerebellärer Ataxie (CACA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	Belgischer Schäferhund
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Beim Belgischen Schäferhund kommen verschiedene erbliche Formen der Ataxie vor. Eine der bereits bekannten genetischen Varianten löst eine neurologische Erkrankung namens ZNS-Atrophie mit cerebellärer Ataxie (CACA) aus. Die betroffenen Welpen zeigen unkoordinierte Bewegungen, Intentionstremor, kurze Episoden mit spastischen Anfällen, eine generell erhöhte Muskelspannung sowie einen verminderten Schluckreflex. Zudem nehmen die Welpen langsamer an Gewicht zu als ihre gesunden Wurfgeschwister. Die ersten Anzeichen der Erkrankung können bereits etwa zwei Wochen nach der Geburt beobachtet werden. Die Intensität der Symptome ist dabei jedoch sehr variabel. Die meisten betroffenen Welpen müssen bereits im Alter von wenigen Wochen euthanasiert werden, es wurde aber auch von einem betroffenen Hund mit milderer Symptome berichtet, der 10 Jahre alt wurde.

Zwergwuchs (Skeletale Dysplasie 2) (SD2)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Labrador Retriever
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Die skeletale Dysplasie 2 ist eine Erbkrankheit beim Labrador Retriever, die zu einem frühzeitigen Stillstand des Knochenwachstums der langen Röhrenknochen führt. Anders als bei anderen Formen des Zwergwuchses entstehen so „disproportionierte“ Hunde. Diese erkennt man an verkürzten Vordergliedmaßen und überbauter Hinterhand bei unveränderter Rumpflänge und -tiefe. Betroffene Hunde zeigen nach bisherigem Kenntnisstand keine gesundheitlichen Probleme wie missgestaltete Genitalien oder neuronale Erkrankungen.

Zwergwuchs (hypophysäre Form)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse (1) bzw. Sequenzierung (2)
Rasse	Deutscher Schäferhund (1), Karelischer Bärenhund (2), Lappländischer Rentierhund (2), Saarlooswolfhund (1), Tibet-Terrier (1), Tschechoslowakischer Wolfhund (1), Weißer Schweizer Schäferhund (1)
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Zwergwuchs zeichnet sich normalerweise durch einen stark verkleinerten Körperbau mit veränderten Proportionen bei den Gliedmaßen aus. Bei Schäferhunden und Wolfshunden existiert hingegen eine Form des Zwergwuchses, bei der perfekt proportionierte,

jedoch stark miniaturisierte Hunde entstehen. Dem liegt ein genetischer Defekt zu Grunde, der zu einer Fehlfunktion der Hypophyse führt. Dadurch werden geringere Mengen Wachstumshormone und Thyroxin ins Blut abgegeben, was zum Stillstand des Wachstums mit etwa 3 – 8 Lebenswochen führt. Betroffene Hunde zeigen ein fuchsnäherliches Aussehen mit weit auseinander stehenden Ohren, einer spitzen Schnauze und leichtem Überbiss, zusätzlich blinzeln sie verstärkt in hellem Sonnenlicht. Unbehandelte Hunde behalten ihren Welpenflaum oder verlieren ihr Fell komplett. Deckfell bildet sich meist nur an Kopf- und Fußregionen, was zum Aussehen eines chinesischen Schopfhundes führt. Das Fehlen oder die Missbildung der Geschlechtsorgane kann eine weitere Folge der veränderten Hormonzusammenstellung sein. Mit der Gabe von Wachstumshormonen und Thyroxin kann den Hunden ein relativ normales Leben ermöglicht werden. Betroffene Karelische Bärenhunde, Tibet-Terrier und Lappländische Rentierhunde erscheinen bei der Geburt zunächst normal, nehmen aber langsamer an Gewicht zu als ihre Wurfgeschwister. Die Hunde behalten ihr Welpenfell anstatt des typischen Erwachsenenfells. Andere leiden im Alter von 2 – 3 Jahren an starkem Haarausfall, zum Teil mit relativ dünner Haut und Anzeichen von Hautentzündungen.

2.2 Fellfarbe und Haarstruktur beim Hund

Fellfarbe

Die Fellfarbe eines Hundes wird durch das Zusammenspiel mehrerer Gene bestimmt, die die Bildung und Verteilung der beiden Hauptpigmente Eumelanin (schwarz) und Phäomelanin (rot/gelb) regulieren.

Die Produktion wird gesteuert von dem Gen MC1R (Melanocortin-Rezeptor, E-Lokus), andere Gene sind verantwortlich für die Farbvarianten und Muster. Das Gen für die Fellfarbe Braun (TYRP1, B-Lokus) modifiziert das schwarze Pigment zu Braun ohne Beteiligung des roten Pigments. Andere an der Fellfarbe beteiligte Gene sind Agouti (ASIP, A-Lokus), welches für die Verteilung von schwarzem und rotem Pigment verantwortlich ist, und Dilution (MLPH, D-Lokus), welches Schwarz zu Grau verdünnt bzw. Rot zu Cream. Es gibt weitere Gene für die Verteilung von weißen Mustern und andere Verdünnungsgene, die nur in bestimmten Rassen eine Rolle spielen. Im Folgenden finden Sie eine ausführliche Beschreibung der Gentests für die Vererbung der Fellfarbe beim Hund, die bei LABOGEN durchgeführt werden.

A-Lokus (Agouti) (ASIP-Analyse)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay + Fragmentlängenanalyse
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Bisher wurden am A-Lokus (ASIP) folgende Allele befunden: Ay, Aw, at und a. Hierbei stand das Allel Ay für dominantes Gelb, das Allel Aw für Wildfarben (Agouti), das Allel at für black and tan und das Allel a für rezessives Schwarz.

Mit dieser klassischen Befundung ließ sich nicht unterscheiden, ob ein dominant gelber Hund dunkle Haarspitzen (sogenanntes shaded sable) oder nicht (clear sable) hat.

Ebenso wenig ließ sich unterscheiden, ob ein Hund mit dem Genotyp at/at (bzw. at/a) black and tan oder saddle tan ist.

Eine neuere Analyse, basierend auf den Ergebnissen einer internationalen Forschergruppe, bei der verschiedene Promotoren im Bereich des Gens ASIP identifiziert und differenziert werden, ermöglicht nun eine genauere Befundung, die die Zuordnung eines Genotyps zu folgenden Zeichnungsmustern erlaubt:

- dominantes Gelb ohne schwarze Haarspitzen (dominant yellow, DY)
- dominantes Gelb mit dunklen Haarspitzen (shaded yellow, SY)
- Wildfarben (agouti, AG)
- Saddle tan (black saddle, BS)
- Black and tan (black back, BB)
- rezessives Schwarz

Man unterscheidet bei den Promotoren so genannte Ventralse Promotoren (VP) und Haarzyklus-Promotoren (HCP). Die VP steuern die Ausdehnung von Eumelanin (dunkles Pigment) über den gesamten Hundekörper. Die HCP steuern die Ausdehnung von Eumelanin entlang der einzelnen Haarschäfte. Der neue Test unterscheidet zwischen zwei verschiedenen VP-Typen (VP1 und VP2) und fünf verschiedenen HCP-Typen (HCP1, HCP2, HCP3, HCP4 und HCP5). In Abhängigkeit davon, welcher VP und welcher HCP sich im individuellen Fall jeweils auf einem Chromosom (im so genannten Haplotyp) befindet, wird diesem Haplotyp jeweils die Bezeichnung DY, SY, AG, BS oder BB zugeordnet. Die Befundung von rezessivem Schwarz (Genotyp a/a) hat sich nicht verändert und wird wie bisher analysiert und befunden.

Es ergeben sich somit folgende Kombinationsmöglichkeiten der neuen Haplotypen:

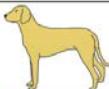
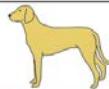
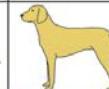
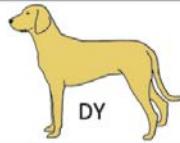
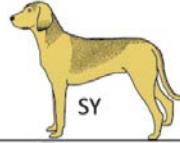
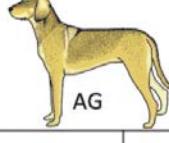
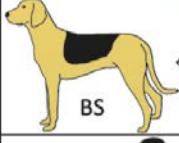
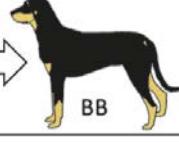
Haplotypen- Allel	DY	SY	AG	BS	BB1-3	a
DY						
SY						
AG						
BS						
BB1-3						
a						

Tabelle 1: Die neuen Allele setzen sich immer aus der Kombination eines VP mit einem HCP zusammen.

Folgender Tabelle können Sie die Bezeichnung der bisherigen Allele und die jeweilige Zuordnung zur neuen Bezeichnung entnehmen:

Alte Befundung	Neue Befundung
Allel Ay	 DY
	 SY
Allel Aw	 AG
Allel at	 BS  BB Ko-Dominanz
Allel a	 Allel a

Dominanzfolge absteigend

Mit Hilfe der neuen Befundung lassen sich auch Fälle erklären, die bei der herkömmlichen Befundung des A-Lokus Fragen aufwarfen, etwa black and tan-farbene Hunde mit dem Genotyp Aw/Aw, was vereinzelt zum Beispiel beim Border Collie, Zwergschnauzer, Pudel und nordischen Rassen vorkam.

Außerdem lassen sich mit Hilfe der neuen Befundung black and tan und saddle tan sowie clear sable und shaded sable voneinander differenzieren.

Wie schon bei der herkömmlichen Befundung gilt jedoch auch zukünftig: Das endgültige Aussehen eines Hundes wird nicht nur vom A-Lokus bestimmt, sondern ist immer das Resultat des Zusammenspiels aller Genorte. So muss ein Hund zum Beispiel am K-Lokus den Genotyp ky/ky haben, damit sich der A-Lokus vollständig ausprägen kann. Auch der E-Lokus mit seinen vielen möglichen genetischen Varianten (z.B. e1, eA, eg) kann die Ausdehnung von Eumelanin mehr oder weniger stark beeinflussen und so die über den A- und den K-Lokus determinierten Phänotypen noch modifizieren.

B-Lokus (Allele: bd, bc, bs) (braun, chocolate, liver(nose))

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	3x TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen
Dauer	3 – 5 Werkstage

Ausprägung

Die braune Fellfarbe wird vom TRP1-Gen am B-Lokus bestimmt. Zwei Allelformen sind möglich: B (dominant) ist verantwortlich für die Grundfarbe, b (rezessiv) verursacht die Fellfarbe Braun. Zwei Kopien des rezessiven b-Allels sind nötig, um Schwarz zu Braun aufzuhellen. Bei roten bzw. gelben Hunden hat b keine Auswirkung auf die Fellfarbe, jedoch ändert sich die Farbe der Nase und der Fußballen von Schwarz zu Braun, wenn b homozygot vorliegt. Beim Gентest am B-Lokus ist Folgendes zu beachten: Es gibt 3 Mutationen am B-Lokus, die für fast jede Art von Braun, Liver oder Chocolate ursächlich sind. Bei der Französischen Bulldogge löst die genetische Variante „cocoa“ ebenfalls eine braune Fellfarbe aus, die von den bisher bekannten Färbungen über den B-Lokus optisch nicht zu unterscheiden ist.

B-Lokus b4, be, bh (seltere Varianten)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstriche
Methode	TaqMan SNP Assay (b4) bzw. Sequenzierung (be, bh)
Rasse	b4: Australian Shepherd, Miniature American Shepherd; be: Lancashire Heeler; bh: Husky
Dauer	3 – 5 Werkstage (b4) bzw. 1 – 2 Wochen (be, bh)

Ausprägung

Die braune Fellfarbe wird vom TRP1-Gen am B-Lokus bestimmt. Zwei Allelformen sind möglich: B (dominant) ist verantwortlich für die Grundfarbe, b (rezessiv) verursacht die Fellfarbe Braun. Zwei Kopien des rezessiven b-Allels sind nötig, um Schwarz zu Braun aufzuhellen. Bei gelben Hunden hat b keine Auswirkung auf die Fellfarbe, jedoch ändert sich die Farbe der Nase und der Fußballen von Schwarz zu Braun, wenn b homozygot vorliegt. Neben den bei allen Rassen vorkommenden Varianten bc, bd und bs gibt es seltener bei den Rassen Australian Shepherd und Miniature American Shepherd eine ursächliche Variante b4 sowie beim Lancashire Heeler eine ursächliche Variante be und beim Husky eine ursächliche Variante bh.

C-Lokus: Albino

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay und ggf. Sequenzierung (1) bzw. Sequenzierung (2)
Rasse	Bullmastiff (2), Französische Bulldogge (1), Großspitz (1), Lhasa Apso (1), Pekingese (1), Zwergspitz (1)

Dauer

3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Ausprägung

Der Begriff „Albinismus“ beschreibt eine Gruppe von Erscheinungen, bei denen die Melanin-Synthese gestört ist. Man unterscheidet zwei Arten von Albinismus: okulokutaner Albinismus (OCA), bei dem Augen und Haut betroffen sind, und okulärer Albinismus (OA), bei dem nur die Augen betroffen sind. Je nach Funktion und Art der Mutation wird die Synthese der beiden Pigmente Eumelanin und Phäomelanin vollständig oder teilweise verhindert. Im Falle einer vollständigen Blockade der Pigmentsynthese erscheinen die Hunde weiß mit rosaarbener Haut, Nasenspiegel, Pfoten, Lippen und rosaarbener bzw. roter Iris.

Es wurden bereits mehrere rassespezifische Mutationen im SLC45A2-Gen als Ursache für Albinismus bei Hunden gefunden. Das Genprodukt von SLC45A2 ist ein Membran-assoziiertes Transporterprotein (MATP), welches an der Pigmentierung beteiligt ist. So kommt es durch eine Mutation in SLC45A2 zu einer Reduktion der Melaninsynthese. Eine der bislang bekannten Mutationen liegt im Exon7 des SLC45A2-Gens und bedingt Albinismus bei den Rassen Französische Bulldogge, Lhasa Apso, Pekingese und beim Zwerghundspitz. Das Allel wird mit caL bezeichnet und wird autosomal-rezessiv vererbt. Obwohl angenommen wird, dass diese Mutation im homozygoten Zustand bei verschiedenen kleinen, langhaarigen Hunderassen Albinismus auslöst, kann Albinismus nicht bei allen kleinen Hunderassen über das Auftreten von caL erklärt werden, da beispielsweise bei einem Albino-Mops homozygot das Wildtyp-Allel an dieser Stelle gefunden wurde. Bei einer Großspitz-Familie konnte eine weitere Albinismus-assoziierte Mutation im OCA2-Gen (okulokutaner Albinismus Typ 2) nachgewiesen werden. Das OCA2-Genprodukt spielt eine wichtige Rolle in der Melanosom-Biosynthese und der Eumelanin-Synthese. Die gefundene Mutation im OCA2-Gen bedingt eine Hypopigmentierung der Haut, Haare und Augen. Die betroffenen Welpen der untersuchten Großspitz-Familie zeigten statt der erwarteten schwarzen Fellfarbe ein hellbraunes Fell, schwach pigmentierte Lippen und Nase sowie eine blaue Augenfarbe. Die hellbraune Fellfarbe wurde mit dem Alter der Hunde dunkler und die blauen Augen wechselten zu einer grünen Farbe, möglicherweise durch eine Akkumulation an Pigmenten. Bei den betroffenen Welpen konnte auch eine durchsichtige Iris und ein Schielen im hellen Licht (Photophobie) beobachtet werden. Die Variante im OCA2-Gen wird autosomal-rezessiv vererbt. Beim Bullmastiff konnte ebenfalls eine Variante des SLC45A2-Gens gefunden werden, die zu OCA führt. Hunde, welche die Variante (OCA4) homozygot tragen, wurden als nahezu weiß beschrieben, da die Produktion von Phäomelanin und Eumelanin fast komplett verhindert wird. Sie zeigen nur eine minimale blasse Pigmentierung der Haut und der Haare und besitzen blaue Augen. Weitere gesundheitliche Probleme (wie z.B. Augenblinzeln oder Photophobie) sind jedoch nicht bekannt.

Cocoa

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay

Rasse	Französische Bulldogge
Dauer	3 – 5 Werktage

Ausprägung

Die rezessive genetische Variante „cocoa“ löst eine braune Fellfarbe bei der Französischen Bulldogge aus, die von den bisher bekannten Färbungen über den B-Lokus optisch nicht zu unterscheiden ist. Cocoa liegt nicht am B-Lokus und ist nicht direkt mit den dort gefundenen Varianten kompatibel. Daher muss die braune Fellfärbung durch cocoa separat betrachtet werden.

Diese Variante ist daher eine mögliche Erklärung für „chocolate“-farbene Bulldoggen, welche über den B-Lokus nicht erklärt werden können. Bei Cocoa-Hunden wurde neben der Fellfarbvariante auch ein Funktionsdefekt der Thrombozyten festgestellt, die Ge- rinnungswerte der untersuchten Hunde liegen jedoch innerhalb des Referenzbereichs. Dennoch sollten, solange eine Blutungsneigung nicht sicher ausgeschlossen werden konnte, bei homozygoten Cocoa-Hunden Notfallmedikamente bereithalten werden, um in besonderen Situationen schnell eingreifen zu können.

Synonyme: Braun, Dunkelbraun, chocolate, dark chocolate, „nicht testbares Schoko“

D-Lokus d1 (Dilution, Farbverdünnung)

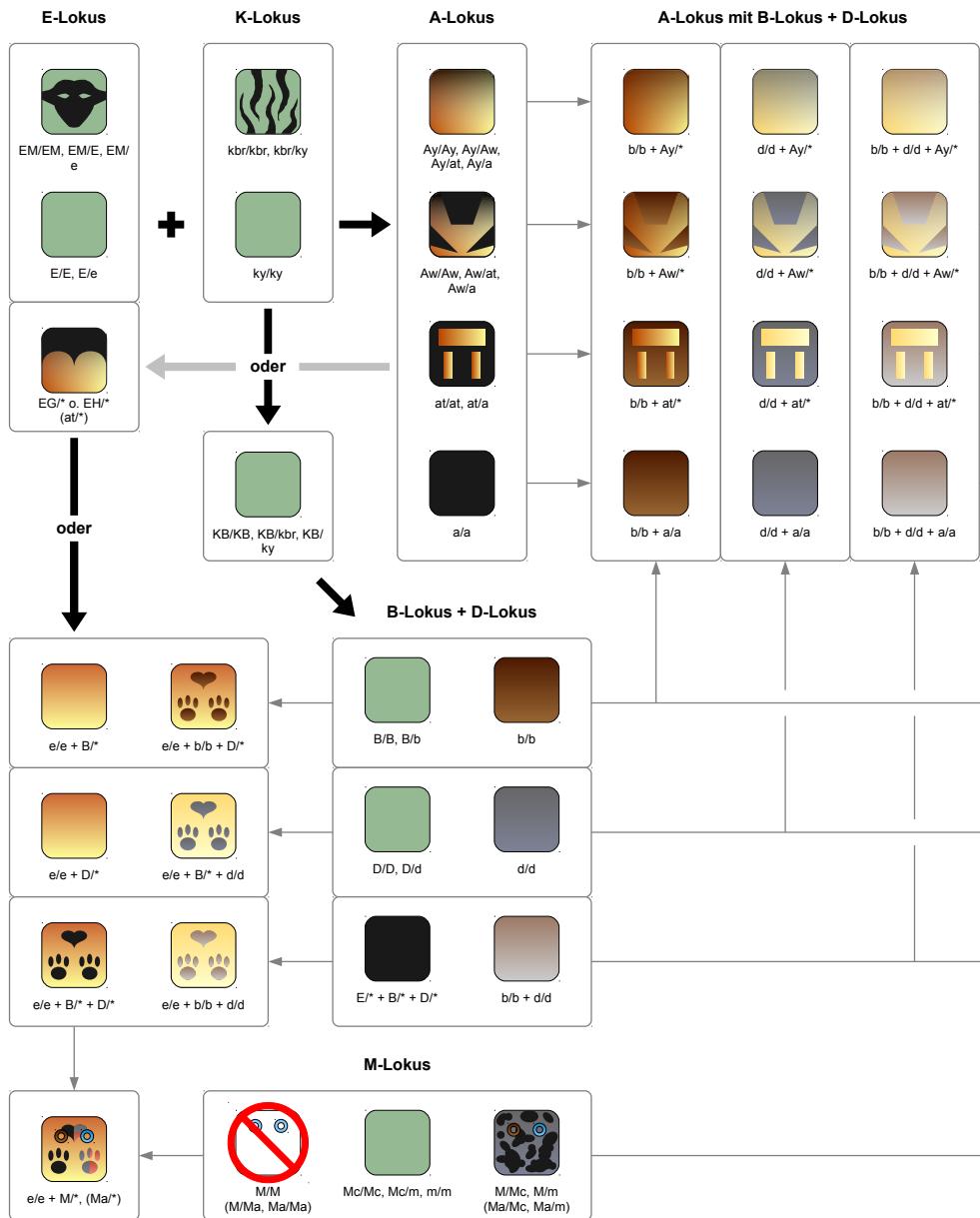
Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen
Dauer	3 – 5 Werktage

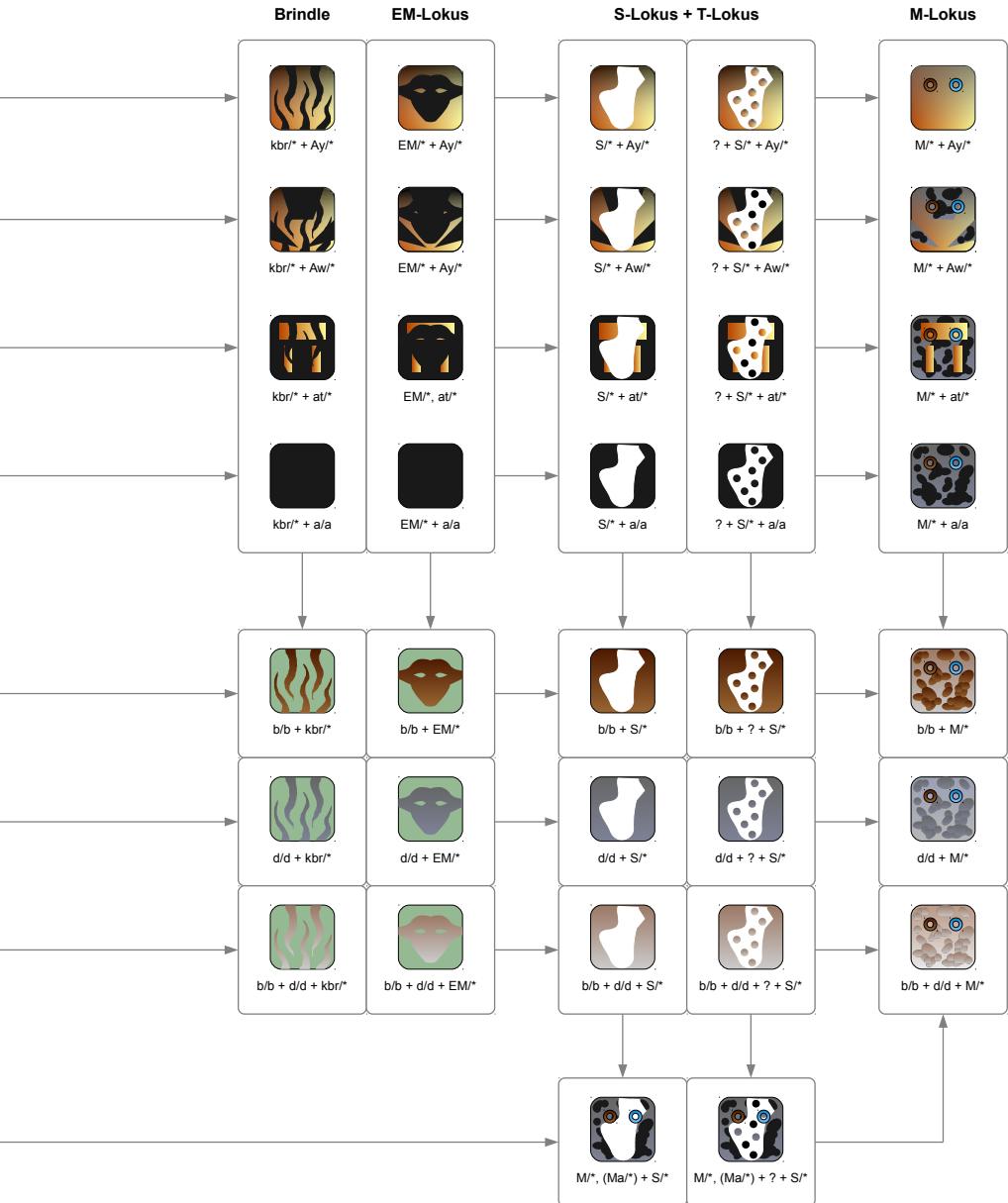
Ausprägung

Hervorgerufen durch eine Mutation am D-Lokus treten in einigen Hunderassen Tiere mit verdünnter oder aufgehellerter Grundfarbe auf. Der Erbgang ist autosomal-rezessiv, d.h. die Farbverdünnung entsteht nur, wenn das mutierte d-Allel homozygot vorliegt. Unter dem Einfluss des defekten Gens kommt es zur Verklumpung der Pigmente im Haar, das dann heller erscheint. Sowohl Eumelanin als auch Phäomelanin sind davon betroffen. In den verschiedenen Hunderassen wird die resultierende Fellfärbung unterschiedlich benannt (z.B. Lilac, Silber, Isabella, Pink, Champagner, Creme).

Fälle von Haarausfall über die sogenannte Colour Dilution Alopecia (CDA) sind eng mit der Farbverdünnung verknüpft. Bisher ist jedoch kein genetischer Faktor bekannt, der zwischen verdünnten Tieren mit und ohne Symptome einer CDA unterscheidet. Grundsätzlich gilt, dass Bereiche mit kräftigem Eumelanin stärker von einer CDA betroffen sind, als hell pigmentierte Fellbereiche.

Es sind momentan 3 genetische Varianten bekannt, die unabhängig voneinander zur Aufhellung des Felles führen, genannt d1, d2 und d3. Die Variante d1 kann bei allen Rassen vorkommen, während d2 bisher in den Rassen Chow Chow, Sloughi und Thailand-Ridgeback und d3 in den Rassen Chihuahua, Italienisches Windspiel, Pumi und Mudi nachgewiesen werden konnte. In diesen Rassen empfiehlt sich also die Testung beider relevanter Mutationen.





D-Lokus d2, d3 (seltene Varianten)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	d2: Chow Chow, Sloughi, Thailand-Ridgeback
Dauer	d3: Chihuahua, Italienisches Windspiel, Mudi, Pumi uvm. 1 – 2 Wochen

Ausprägung

siehe D-Lokus d1

E-Lokus e1: gelb, lemon, rot, cream, apricot

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen
Dauer	3 – 5 Werkstage

Ausprägung

Das MC1R-Gen am E-Lokus beinhaltet verschiedene Allelformen: E (schwarz), EG (domino/grizzle), EH (zobel), EM (Schwarzmaskenallel) und e (rot/gelb). E, EG, EH und EM sind dominant über e, d.h. ein Hund muss zwei Kopien des e-Allels haben, um die rote bzw. gelbe Farbe auszuprägen. Der Gentest für die Fellfarbe Rot/Gelb erkennt auch heterozygote Träger, die selbst eine andere Farbe haben, er erkennt jedoch nicht die Domino/Grizzle-Zeichnung oder das Schwarzmaskenallel. Für diese Merkmale sind separate Tests erhältlich. Es sind momentan 2 genetische Varianten bekannt, die zur Ausprägung von Rot/Gelb führen, genannt e1 und e2. Die Variante e1 kann bei allen Rassen vorkommen, während e2 bisher nur in der Rasse Australian Cattle Dog nachgewiesen werden konnte. In dieser Rasse empfiehlt sich die Testung beider Mutationen.

E-Lokus e2 (seltene Varianten)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Australian Cattle Dog
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

siehe E-Lokus e1

E-Lokus (Sonderfarben): EG, EH, eA

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay (EH, eA) bzw. Sequenzierung (EG)
Rasse	EG: Afghanischer Windhund, Barsoi, Saluki EH: American Cocker Spaniel, English Cocker Spaniel eA: alle anderen Rassen

Dauer 3 – 5 Werkstage (EH, eA) bzw. 1 – 2 Wochen (EG)

Ausprägung

Das Allel EG codiert eine Fellzeichnung, die beim Afghanischen Windhund „Domino“, beim Saluki „Grizzle“ und beim Barsoi „Sable“ genannt wird. Charakteristisch für diese Zeichnung ist eine helle Maske mit sogenanntem „Witwenspitz“. Das Allel eA codiert die typische „Husky“-Zeichnung, die der „Domino“-Zeichnung gleicht. Die Allele EG und eA sind dominant über das Allel e, jedoch rezessiv gegenüber EM und E. Die typische „Domino“- bzw. „Husky“-Zeichnung kommt nur phänotypisch zur Ausprägung, wenn gleichzeitig die Allelkombinationen ky/ky am K-Lokus und at/at am A-Lokus vorliegen. In Kombination mit KB/- am K-Lokus entstehen grau melierte Färbungen, in Verbindung mit ky/ky Ay/- entstehen creme bis gelbliche Färbungen ohne dunkle Haarspitzen. Das Allel EH führt in Kombination mit dem Genotyp KB/- a/at zum „Zobel“ genannten Phänotyp beim Cocker Spaniel. Dieser zeichnet sich, ähnlich wie „Domino“ bei den entsprechenden Rassen, durch eine helle Gesichtsmaske und dunkle Decke aus. In Kombination mit dem Genotyp ky/ky führt EH/- zu einer schmutzig-rötlichen Farbe, die auch als „Goldzobel“ bezeichnet wird. Das Allel eh befindet sich auf dem E-Lokus zwischen E und e. Der Gentest ist für den Amerikanischen und den Englischen Cocker Spaniel verfügbar.

E-Lokus EM (Schwarzmaske)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen
Dauer	3 – 5 Werkstage

Ausprägung

Dieser Gentest kann zeigen, ob der Hund am E-Lokus ein oder zwei Kopien des Schwarzmaskenallels EM trägt. Dieses wird dominant vererbt und führt zur Ausprägung einer dunklen Maske um die Augen. Heterozygote Tiere können Nachkommen mit oder ohne Maske haben, homozygote Tiere, bei denen das Gen in zwei Kopien vorliegt, werden nur Nachkommen mit Maske haben. Der Test kann auch bei schwarzen (braunen, blauen oder lilac) Hunden durchgeführt werden, bei denen phänotypisch nicht ersichtlich ist, ob sie eine Maske tragen oder nicht.

H-Lokus (Harlekin)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Deutsche Dogge
Dauer	3 – 5 Werkstage

Ausprägung

Bei der Deutschen Dogge kommt eine besondere Fellzeichnung mit schwarzen Flecken auf weißer Grundfarbe vor. Diese sogenannte Harlequin-Färbung wird durch ein Modifier-Gen auf dem M-Lokus verursacht. Das dominante Harlequin-Allel H verändert die Struktur der vom Merle-Gen hervorgerufenen Färbung. Voraussetzung ist daher das dominante Merle-Allel M (Genotyp m/M), was in Kombination mit dem Harlequin-Genotyp H/h zur Ausprägung der Harlequin-Fellfärbung führt. Hunde mit dem Double-Harlequin-Genotyp H/H sind nicht lebensfähig und versterben bereits im Mutterleib.

I-Lokus (Phäomelanin-Intensität)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen
Dauer	3 – 5 Werktagen

Ausprägung

Der I-Lokus beeinflusst die Farbintensität des Phäomelanins. I steht hier für Intensität oder intensity. Das helle Pigment kann unterschiedliche Farbstufen annehmen: Von intensivem Rot oder Orange über Gelb und Creme bis hin zu Weiß.

Das dominante I-Allel steht für farbintensives Phäomelanin (Rot, Orange, Gelb), das rezessive i-Allel steht für Creme, Creme-Weiß oder Weiß.

Die grundsätzliche Ausprägung des Phäomelanins auf dem Hundekörper wird zunächst von den Genorten E-, K- und A-Lokus bestimmt. Der I-Lokus entscheidet dann, ob die hellen Bereiche eine zusätzliche Aufhellung zeigen.

K-Lokus (ausschließlich KB-Allel)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen
Dauer	3 – 5 Werktagen

Ausprägung

Der K-Lokus spielt eine entscheidende Rolle bei der Vererbung der Fellfarbe. Das dominante Allel am K-Lokus ist KB. Es ist verantwortlich für einfarbiges Fell in pigmentierten Bereichen. Diese Eigenschaft wurde früher dem Agouti (A-) Locus als AS zugeordnet, neueste Studien haben jedoch gezeigt, dass dies nicht der Fall ist.

Es gibt zwei weitere Allele am K-Lokus: kbr (Brindle) und ky, wobei KB dominant über kbr, und kbr dominant über ky ist. Beide rezessiven Allele erlauben die Ausprägung des A-Lokus. Jedes Tier mit mindestens einem KB-Allel ist einfarbig (in den pigmentierten Bereichen). Hunde mit kbr/kbr oder kbr/ky zeigen eine schwarze Stromung auf den vom A-Lokus codierten Färbungen, während ky/ky die vollständige Ausprägung des A-Lokus erlaubt.

Im Test wird ausschließlich das KB-Allel erfasst, sodass eine genetische Unterscheidung von kbr und ky nicht möglich ist.

K-Lokus (brindle)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Digitale PCR
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Beim Allel kbr, welches für die Stromung (brindle) verantwortlich ist, handelt es sich um eine heterogene Duplikation der Varianten KB und ky auf einem Chromosom. Die Auswirkung dieser Doppelung zeigen sich in der Stromung, also dunklen (Eumelanin) Streifen auf heller (Phäomelanin) Grundfarbe. Brindle wird nur in den Bereichen sichtbar in denen ansonsten eine helle Farbe vorliegt (z.B. in den hellen Abzeichen einer black&tan Färbung). Das kbr-Allel verhält sich zu KB rezessiv, zu ky jedoch dominant. Die Ausprägung der Stromung ist sehr variabel und kann sich in wenigen vereinzelten Streifen, bis hin zu nahezu komplett dunklen Hunden zeigen. Eine Aussage, wie stark die Ausprägung von brindle sein kann, ist bisher über die Genetik nicht möglich. Man kann kbr auch als KB+ky definieren, weshalb im klassischen Nachweis der Varianten KB und ky für Hunde mit mindestens einem kbr-Allel immer der Genotyp KB/ky ermittelt wird. Daher ermöglicht erst ein zusätzliches Analyseverfahren bei Hunden mit dem Genotyp KB/ky im klassischen K-Lokus Test die tatsächliche Aufteilung in die möglichen Genotypen KB/ky, KB/kbr, kbr/kbr und kbr/ky und damit auch eine korrekte Aussage zur möglichen Vererbung dieses Merkmals. Je nach Rasse oder Farbe des Hundes kann der einfache Test des K-Lokus ausreichen, oder die Kombination der Analyseverfahren notwendig sein.

M-Lokus*: (Merle-Allele: Mh, M, Ma+, Ma, Mc+, Mc, m und Mosaike)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Partnerlabor
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Die Fellfarbe Merle (M) bezeichnet eine Fellscheckung, bei der sowohl Areale mit voll pigmentiertem Fell als auch Areale mit verdünntem Farbpigment entstehen. Die Merle-Insertion bewirkt eine Farbverdünnung, die nicht über das ganze Fell verteilt ist, sondern unregelmäßige, zerrissen wirkende unverdünnte Farbflecken stehen lässt. M (Merle) verhält sich unvollständig dominant gegenüber der Normalform (m).

Verantwortlich für die Ausprägung der Fellfarbe Merle ist eine Insertion mit variabler Länge, welche in verschiedenen Allel-Varianten vorliegen kann. Bisher sind die Varianten Mh für „Harlequin“-Merle, M für Merle, Ma für atypisches Merle und Mc für cryptisches Merle beschrieben. Die unveränderte Genvariante wird mit m für „Non Merle“ bezeichnet.

Die unterschiedliche Länge der Insertion hat dabei auch unterschiedliche Ausprägungen der Merlezeichnung zur Folge. Bei Mc ist die Insertion so weit verkürzt, dass keine Veränderung der Grundfarbe auftritt.

Bei Hunden mit dem Genotyp M/M („Double Merle“) sowie allen genetischen Kombinationen von M oder Mh mit den Allelen Mh, M oder Ma können schwere Innenohrfehlbildungen auftreten, die zu Schwerhörigkeit oder Taubheit führen. Zudem können Fehlbildungen des Auges auftreten. Diese Tiere haben oft einen stark erhöhten Weißanteil oder sind vollständig weiß gefärbt. Das Zustandekommen dieser Tiere gilt in Deutschland als „Qualzucht“ und eine Verpaarung von zwei Trägertieren ist somit gesetzlich verboten.

Da die Ausprägung der Merlefärbung auch nur auf kleine Bereiche beschränkt sein kann („Minimal Merle“) oder durch eine andere Färbung verdeckt sein kann („Hidden Merle“), ist eine optische Identifikation dieser Tiere nicht immer möglich. Ein Gentest ist daher immer angeraten, wenn Merle in einer zur Zucht verwendeten Linie vorhanden ist oder vermutet wird.

Pandascheckung

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Deutscher Schäferhund
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Die dominante Weißscheckung beim Deutschen Schäferhund kann mit einer Mutation im sogenannten KIT-Gen assoziiert werden, welches für eine essentielle Komponente der Melanogenese codiert. Diese Mutation bedingt einen Mangel an Melanozyten, wodurch die betroffenen Hautpartien unpigmentiert bleiben. Der weißgescheckte Phänotyp ist gekennzeichnet durch weiße Flecken im Gesicht, am Bauch, an den Pfoten und an der Schwanzspitze. Der Umfang der Weißscheckung und der Grad der Symmetrie können dabei stark variieren. Die Pandascheckung wird autosomal-dominant vererbt, die Mutation ist homozygot letal.

Saddle-Tan

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Basset Hound, Welsh Corgi Cardigan, Welsh Corgi Pembroke
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Das at-Allel am A-Lokus ist für die grundsätzliche Ausprägung von Tan-Abzeichen verantwortlich. Diese können in einigen Rassen verschieden ausfallen. Große schwarze Flächen mit kleinen, klar abgetrennten Tan-Abzeichen werden als Black&Tan, der umgekehrte Fall als Saddle-Tan bezeichnet, da hier die schwarzen Fellbereiche wie ein Sattel auf dem Rücken des Tieres liegen.

Für Welsh Corgi und Basset Hound kann dieser Unterschied über einen Gentest erfasst werden. Dabei ist das Allel für Saddle-Tan bereits beim Wolf nachgewiesen und über die Duplikation, die für Black&Tan verantwortlich ist, dominant. Hunde mit Saddle-Tan-Abzeichen können somit die Genotypen $+/+$ oder $/+dup$ besitzen, Hunde mit der Farbe Black&Tan sind immer dup/dup .

S-Lokus (Weißscheckung, Piebald)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Studien haben ergeben, dass die Weißscheckung beim Hund vor allem durch Variationen am MITF (Microphthalmia-associated transcription factor) verursacht wird.

An diesem Genort kann eine Genvariante (Allel) auftreten, die als S-Allel bezeichnet und durch eine Mutation verursacht wird (Insertion). Durch diese wird die Weißscheckung ausgelöst. Das Allel für Nicht-Scheckung wird demnach mit „N“ bezeichnet.

Die Stärke der Ausprägung des Merkmals selbst ist über den Gentest nicht zu erfassen. Die Bandbreite reicht von einer nahezu mantelartigen Scheckung bis hin zur Extrem-scheckung. Der Erbgang zeigt keine klare Dominanz; es wurden bereits Trägertiere mit Scheckung identifiziert. Bei Hunden mit zusätzlicher irischer Scheckung (derzeit noch nicht testbar) kann bereits ein Allel S zu einer sogenannten „Weißüberzeichnung“ führen. Hierunter versteht man weiße Bereiche am Rumpf und/oder oberhalb der Kniegelenke. Hunde mit einer ausgeprägten Weißscheckung im Kopfbereich können unter Taubheit leiden.

Ticking (Tüpfelung, Stichelung, Schimmelung)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Am T-Lokus werden verschiedene Varianten vermutet, die einerseits das grundsätzliche Auftreten von pigmentierten Tüpfeln innerhalb der unpigmentierten Bereiche der Weißscheckung bedingen, andererseits die Ausprägung als Tüpfelung, Stichelung, Schimmel oder Punkte steuern. Neuere Studien haben die grundsätzliche Ursache des Merkmals im dominanten Tr-Allel gefunden. Dieses ist dominant gegenüber dem Wildtyp (N oder t) und wurde als genetisch ursächliche Variante für alle Formen des Ticking beschrieben. Der genetische Test des Tr-Allels erlaubt also eine Aussage zur Vererbung des Merkmals an sich, nicht jedoch zu dessen genauer Ausprägung.

Gentests zum Nachweis der Haarlänge und -struktur beim Hund

Das Hundefell hat bei verschiedenen Rassen eine unterschiedliche Beschaffenheit. Es kommen diverse Strukturen, wie rau, glatt, lang oder kurz in unterschiedlichsten Farben vor. Für viele Hundeliebhaber ist das Aussehen des Fells ein wichtiges äußerstes Merkmal für die Entscheidung zum Kauf eines Hundes. Vielen Hunderassen verleiht gerade die Haarlänge ihr charakteristisches Aussehen.

Für viele der registrierten Hunderassen erlaubt der Zuchtstandard nur eine Haarlänge, d.h. die Haarlänge gilt als zuchtausschließendes Merkmal.

Haarlänge (Kurzhaar/Langhaar)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen
Dauer	3 – 5 Werkstage

Ausprägung

Bei manchen Hunderassen (z. B. Welsh Corgi, Deutscher Schäferhund, Collie, Border Collie und Dackel) wurde nachgewiesen, dass nur ein Gen (FGF5) die Ausprägung der Haarlänge steuert.

Die Anlage für Kurzhaar (L) wird dominant über das Langhaar (l) vererbt. Ein Hund mit je einer Kopie des Kurzhaar- und Langhaar-Gens hat ein kurzes Fell. Erst wenn ein Hund beide Anlagen für langhaarig (ll) trägt, kommt Langhaarigkeit zum Vorschein. Es ist demnach möglich, dass ein Hund das Gen für Langhaarigkeit in sich trägt, ohne dass man es äußerlich erkennen kann. Der Hund selbst ist kurzhaarig, kann aber das Langhaar-Gen zu 50 % an seine Nachkommen weitervererben. Verpaart man zwei Langhaar-Anlageträger miteinander, so können 25 % der Nachkommen langhaarig werden.

Mittels DNA-Test kann man Anlageträger (Ll) sicher von reinerbig kurzhaarigen (LL) Tieren unterscheiden.

Bitte beachten Sie, dass bei folgenden Rassen neben dem Test auf Haarlänge I auch die Untersuchung auf **Haarlänge II** durchgeführt werden sollte:

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Afghanischer Windhund, Akita, Alaskan Malamute, Chow Chow, Eurasier, Französische Bulldogge, Husky, Prager Rattler, Saluki, Samojede, Shar Pei,
Dauer	1 – 2 Wochen

Furnishing (Langhaar/Rauhaar)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Bei einigen Hunderassen ist, unabhängig von der Länge des Deckhaars, das Gen RSPO2 maßgebend für die Variante „Rauhaar“. Bei diesen Hunden mit der Genvariante Furnishing sind die Haare an Bart und Augenbrauen deutlich länger als das übrige Deckhaar. Das Furnishing-Allel wird dominant über das „Unfurnished“ (=„Satin“)-Allel vererbt, d.h. ein rauhaariger Hund kann Träger von Satin sein. Bei der Verpaarung zweier solcher Trägertiere können dann Welpen ohne Furnishing fallen. Diese Fellvariante wird beim Portugiesischen Wasserhund auch „Improper Coat“ genannt.

Double Coat

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Die Haare eines Hundes variieren nicht nur in Länge und Struktur der Einzelhaare, sondern sind je nach Rasse als doppelte (double coat) oder einfache (single coat) Haarschicht zu finden. Die beiden Fellschichten unterscheiden sich in der Funktion und Struktur der Haare. Während die Primär- oder Deckhaare bei allen Hunden zu finden sind und eine Deckschicht bilden, die neben der Farbe des Hundes primär verschiedene Schutzfunktionen erfüllt, sind die zahlreichen feinen Haare der möglichen Unterwolle, die nur bei Hunden mit double coat zu finden sind, sehr weich und dienen der Isolierung. Der genetische Test unterscheidet zwischen dem als Wildtyp-Variante vermuteten Allel „A“ (ancestral), welches mit double coat assoziiert ist, und dem rezessiven Allel „D“ (derived), das in homozygoter Form hauptsächlich bei Hunden mit single coat vorkommt, und kann als Hilfestellung zur Auswahl von Hunden mit dem gewünschten Felltyp eingesetzt werden.

Haaren (Shedding)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Die Fellstruktur des Hundes wird von verschiedenen bekannten genetischen Merkmalen beeinflusst. Eine Variante des MC5R-Gens ist mit dem Haaren sowie der Haarlänge assoziiert.

Das rezessive sh-Allel (für shedding, Haaren) wurde in vielen Rassen reinerbig (Genotyp sh/sh) nachgewiesen, welche stark haaren. Hunde, die mindestens ein N-Allel (non-shedding) besitzen, verlieren weniger Haare.

Zusätzlich wird das Haaren auch durch das Furnishing des RSPO2-Gens beeinflusst. Unabhängig vom Genotyp der Shedding-Variante im MC5R-Gen haaren Hunde, die das dominante F-Allel für Furnishing reinerbig besitzen (Genotyp F/F), signifikant weniger. Die Haarlänge wird maßgeblich durch rezessive Varianten des FGF5-Gens (Haarlänge-Lokus) und die dominante Furnishing-Variante des RSPO2-Gens determiniert. Zusätzlichen Einfluss hat auch die Shedding-Variante des MC5R-Gens.

Längere Haare entstehen durch die rezessiven l-Allele (langhaarig), das dominante F-Allel (rauhaarig/furnished) sowie das rezessive sh-Allel (shedding), während kürzere Haare durch die dominanten L-Allele (kurzhaarig), das rezessive f-Allel (glatthaarig/unfurnished) und das dominante N-Allel (non-shedding) bedingt sind.

Vor allem mittlere Haarlängen bei genetisch kurzhaarigen (FGF5 L/L oder L/l) und glatthaarigen Rassen aus der Gruppe der Schäferhunde und Retriever können in einigen Fällen über die Shedding-Variante des MC5R-Gens erklärt werden.

Curly (Kraushaar: C1, C2)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay und Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Ein weiteres Gen für die Ausprägung der Fellstruktur ist das Gen KTR71, welches für die Phänotypen „Curly“ bzw. „Non-curly“ verantwortlich ist. Es wird unabhängig von den anderen beiden Genen für die Haarlänge vererbt, kommt aber nur bei langem Deckhaar zur Ausprägung. Wenn das Curly-Gen homo- oder heterozygot vorliegt, ist das Deckhaar gewellt bis gelockt (dominanter Erbgang), die rezessive Variante „Non-curly“ verursacht einen glatthaarigen Phänotyp. Bei der Rasse Curly Coated Retriever wurde eine neue Variante des KRT71-Gens identifiziert, die für das lockige Fell verantwortlich ist. Sie wurde mit geringeren Allelfrequenzen auch bei 5 anderen Rassen gefunden, darunter Chesapeake Bay Retriever, Lagotto Romagnolo, Spanischer Wasserhund, Bichon Frisé und Irischer Terrier.

Haarlosigkeit (Powderpuff)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse (1), Sequenzierung (2)
Rasse	Chinese Crested Dog (1), Mexikanischer Nackthund (1), Peruanischer Nackthund (1), Scottish Deerhound (2)
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Die genetisch bedingte Haarlosigkeit beim Chinese Crested Dog, Mexikanischen und Peruanischen Nackthund wird anhand des sogenannten FOXI3-Gens als autosomal kodominantes Merkmal vererbt. Hunde, welche die Variante heterozygot tragen, besitzen nur spärliche oder keine Körperbehaarung, zum Teil ein abnormales Gebiss und gelegentlich Missbildungen des Außenohrs und des Hörkanals. Deshalb wird der Phänotyp haarloser Hunde dieser Rassen als canine ektodermale Dysplasie (CED) klassifiziert. Träger der Variante können je nach Verpaarung sowohl behaarte als auch nackte Nachkommen hervorbringen. Hunde ohne Variante tragen dagegen ein normales Haarkleid und werden als „Powderpuff“ bezeichnet. Insbesondere beim Chinese Crested Dog ist eine rein phänotypische Unterscheidung der echten Nackthunde von den Powderpuffs schwierig, da die Nackthunde eine mehr oder weniger ausgeprägte Restbehaarung aufweisen. Embryonen, die die Genvariante homozygot tragen, sterben bereits während der Trächtigkeit ab. Beim Scottish Deerhound kann eine andere Variante im SGK3-Gen mit der juvenilen Alopezie assoziiert werden. Betroffene Welpen verlieren während der ersten Lebenswochen ihr Fell, was später auch dauerhaft so bleibt. Bei der Haarlosigkeit beim Scottish Deerhound handelt es sich um einen autosomal-rezessiven Erbgang. Bitte beachten Sie, dass diese Tests nicht für den Nachweis der Haarlosigkeit beim American Hairless Terrier geeignet sind.

Improper Coat

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Portugiesischer Wasserhund
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Beim Portugiesischen Wasserhund tritt eine nicht gewünschte Fellvariante auf. Diese nennt sich „Improper Coat“. Der Gentest kann das rezessive Allel bei Hunden mit normalem Fell nachweisen.

2.3 DLA-Typisierung

Material	1 ml EDTA-Blut/ Spezialabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

DLA-Gene (dog leukocyte antigen) kodieren für Proteine, die eine zentrale Rolle in der Immunantwort des Hundes spielen. Sie gehören zum sogenannten MHC-Komplex (major histocompatibility complex) der Klasse II, dessen Aufgabe es ist, körperfremde Stoffe zu erkennen und dem Immunsystem zu präsentieren, um eine gezielte Abwehrreaktion auszulösen.

Die drei wichtigsten, die in der Hundezucht analysiert werden, sind DLA-DRB1, DLA-DQA1 und DLA-DQB1. Diese Gene wirken zusammen und werden in festen Kombinationen (Haplotypen) vererbt. Eine hohe genetische Vielfalt (Diversität) innerhalb dieser Gene fördert die Effektivität des Immunsystems und senkt das Risiko für Autoimmunerkrankungen. Bei vielen Hunderassen ist diese Vielfalt jedoch stark eingeschränkt, was unter anderem auf eine enge Zuchtauswahl, die wiederholte Verwendung von Deckrüden (popular sires) und Inzucht zurückzuführen ist. Eine zunehmende Homozygotie innerhalb der DLA-Gene kann mit einer höheren Anfälligkeit für Autoimmunerkrankungen korrelieren. Des Weiteren haben wissenschaftliche Studien gezeigt, dass bestimmte DLA-Haplotypen rassespezifisch mit einem erhöhten oder verringerten Risiko für Autoimmunerkrankungen, wie z. B. Diabetes mellitus, Hypothyreose, exokrine Pankreasinsuffizienz und Morbus Addison, einhergehen.

Anhand der DLA-Typisierung werden die individuell vorliegenden DLA-Allele eines Hundes analysiert. Mit Hilfe der Untersuchung können optimale Paarungspartner ausgewählt werden, um eine möglichst heterozygote Verpaarung zu gewährleisten und damit die genetische Vielfalt zu erhöhen. Zudem lassen sich bestimmte Gen-Kombinationen vermeiden, die mit einem erhöhten Erkrankungsrisiko korrelieren.

2.4 Paket LABOGenetics XXL Hund

Das neue, umfassende Paket LABOGenetics XXL Hund untersucht über 340 genetische Varianten. Sie erhalten Informationen zu Erbkrankheiten, genetischen Risikofaktoren, Fellfarben und zu Fellmerkmalen.

Das Paket LABOGenetics XXL Hund eignet sich sowohl für alle Rassehunde als auch für Mischlinge. Sie erhalten die Ergebnisse aufgrund der umfangreichen Testung typischerweise innerhalb von 10 – 14 Werktagen. Tipp: Falls Sie schnellere Einblicke wünschen, dann informieren Sie sich über unsere große Auswahl an Einzeltests. Diese können oft mit einer deutlich geringeren Untersuchungszeit angeboten werden.

Das Paket LABOGenetics XXL Hund bietet folgende Vorteile:

Umfassende Testung: Sie erhalten detaillierte Ergebnisse für alle enthaltenen Gentests. So erfahren Sie, ob Ihr Hund Anlagen für genetische Krankheiten trägt. Darüber hinaus sind mit diesem Paket Fellfarben sowie weitere Fellmerkmale abgedeckt.

Universelle Anwendbarkeit: Das Paket ist zu empfehlen für Hunde aller Rassen und auch für Mischlinge mit unbekanntem genetischem Hintergrund, denn es enthält sowohl rassespezifische als auch rasseeübergreifende Tests.

Bonus-Informationen: Auch wenn Sie vor allem an einem speziellen Teil der Tests interessiert sind, gewinnen Sie durch die Wahl dieses Pakets kostenfrei weitere genetische Informationen.

Material	1 ml EDTA-Blut/Spezialabstriche nach Anforderung
Tierart	Hund
Rasse	alle Rassen und Mischlinge
Dauer	10 – 14 Werkstage

Tipp: Wir bieten auch ein Kombipaket aus LABOGenetics XXL Hund und dem Premium SNP DNA-Profil (ISAG 2020) an.

2.5 DNA-Profil beim Hund

Ein DNA-Profil ist der genetische Fingerabdruck Ihres Tieres. Es kann nicht manipuliert werden oder verloren gehen, bleibt ein Leben lang unverändert und ermöglicht eine eindeutige Identifizierung des Individuums. Alle DNA-Profile werden in einer DNA-Datenbank gespeichert und gewährleisten so eine kontinuierliche Verfügbarkeit.

Classic STR DNA-Profil (ISAG 2006)

Das Classic STR DNA-Profil (ISAG 2006) folgt den empfohlenen ISAG-Richtlinien (International Society for Animal Genetics) aus dem Jahr 2006, indem es 22 Mikrosatelliten-Marker – auch als STR-Marker (Short Tandem Repeat) bezeichnet – analysiert und eine internationale Vergleichbarkeit zwischen Laboratorien ermöglicht. Jeder STR-Marker beschreibt eine bestimmte Region auf dem DNA-Strang anhand seiner Länge. Die Testzuverlässigkeit und die Ausschlusswahrscheinlichkeiten für die Abstammungsanalyse liegen bei über 99,99 %.

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Tierart	Hund
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Premium SNP DNA-Profil (ISAG 2020)

Das Premium SNP DNA-Profil (ISAG 2020) folgt den empfohlenen ISAG-Richtlinien (International Society for Animal Genetics) aus dem Jahr 2020, indem 230 SNPs (Einzelnukleotidpolymorphismen) analysiert werden und ermöglicht eine internationale Vergleichbarkeit zwischen Laboratorien. Jeder SNP-Marker beschreibt einen bestimmten Ort auf der DNA. Testzuverlässigkeit und Ausschlusswahrscheinlichkeiten für die Abstammungsanalyse liegen weit über 99,99 %. Das Premium SNP DNA-Profil (ISAG 2020) hat auch das Potenzial, Abstammungsfälle zu lösen, bei denen nur ein Elternteil verfügbar ist (Rassen auf Anfrage). Darüber hinaus ist beim Premium SNP DNA-Profil (ISAG 2020) eine Analyse der genetischen Variabilität (Heterozygotie) enthalten (siehe unten).

Bitte beachten Sie: Premium SNP DNA-Profile (ISAG 2020) und Classic STR DNA-Profile (ISAG 2006) sind nicht kompatibel und können nicht gleichzeitig in derselben Abstammungsanalyse verwendet werden.

Material	1 ml EDTA-Blut oder Spezial-Backenabstrichtupfer
Tierarten	Hund
Rassen	alle Rassen
Dauer	2 – 3 Wochen

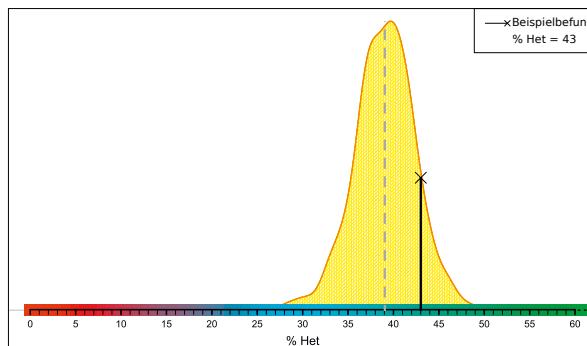
Genetische Variabilität (Heterozygotie)

Die Heterozygotie beschreibt den Prozentsatz an genetischen Merkmalen (SNPs), bei denen ein Hund unterschiedliche Varianten von Mutter und Vater vererbt bekommen hat. Im Rassevergleich sind Tiere mit hoher Heterozygotie nach aktuellem wissenschaftlichem Stand weniger von Inzucht betroffen als Tiere niedriger Heterozygotie.

Für die Berechnung der Heterozygotie verwenden wir den genetischen Fingerabdruck (das Premium SNP DNA-Profil) sowie hunderte weitere genetische Merkmale in der DNA des Hundes. Der untersuchte Hund ist in der Grafik mit einem Kreuz und einer schwarzen durchgezogenen Linie markiert. Sobald eine genügend große Referenzpopulation der entsprechenden Rasse bei LABOKLIN untersucht wurde, wird die genetische Variabilität der gesamten Rassepopulation als orange schraffierter Bereich angegeben. Der Mittelwert der Rasse ist als graue gestrichelte Linie gekennzeichnet.

Kleine Populationsgrößen und Inzucht können die Heterozygotie einer Rasse verringern. Tiere mit hoher Heterozygotie im Rassevergleich können daher in der Zucht zum Erhalt der genetischen Vielfalt einer Rasse beitragen.

Bitte beachten Sie jedoch, dass durch die Heterozygotie keine Rückschlüsse auf einzelne Faktoren wie Erbkrankheiten oder äußerliche Merkmale wie die Fellfarbe gezogen werden können. Der Erhalt von genetischer Variabilität kann ein Baustein in der verantwortungsvollen Hundezucht sein, darf aber nicht für sich allein betrachtet werden.



3. Katze

3.1 Erbkrankheiten bei der Katze

α -Mannosidose (AMD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Perser
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die α -Mannosidose (AMD) ist eine lysosomale Speicherkrankheit, die durch einen Mangel des Enzyms α -Mannosidase verursacht wird. Die ursächliche Mutation verhindert die Bildung des Enzyms, was zu einer intrazellulären Anreicherung von mannosereichen Oligosacchariden führt. Die klinischen Symptome sind unter anderem Fehlbildungen im Knochenbau sowie neurologische Erscheinungen wie Ataxie, Tremor oder eingeschränktes Sehvermögen. Von dieser seltenen Krankheit betroffene Katzen versterben meist bei der Geburt oder in den ersten Lebensmonaten.

Acrodermatitis enteropathica (AE)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Türkisch Van
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei der Türkisch Van löst eine genetische Variante im SLC39A4-Gen die Erkrankung Acrodermatitis enteropathica aus. Das SLC39A4-Gen codiert für einen Zinktransporter im Darm; der Verlust dieses Transporters führt zum systemischen Zinkmangel. Die betroffenen Kitten entwickeln sich in den ersten 6 Wochen zunächst normal. Im Alter von 6 – 8 Wochen zeigen sie jedoch Wachstumsverzögerung und Durchfall. Zudem leiden sie an schnell fortschreitenden dermatologischen Symptomen wie Schuppen, Alopezie (Haarlosigkeit), nässenden Hautentzündungen und schweren Erosionen und Läsionen an Bauch und Gliedmaßen. Massive Sekundärinfektionen können in den Hautläsionen entstehen. Die Erkrankung kann durch die orale Einnahme von hohen Zinkdosen behandelt werden, da ein weiterer intestinaler Zink-Transportweg existiert, der den Zinkmangel ausgleichen kann.

Autoimmunes lymphoproliferatives Syndrom (ALPS)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Britisch Kurzhaar, Schottische Faltohrkatze
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Das autoimmune lymphoproliferative Syndrom (ALPS) bei der Britisch Kurzhaar wurde bisher bei Katzen in Neuseeland und Australien festgestellt. Die Tiere weisen eine Lymphadenopathie und Splenomegalie bereits ab einem Alter von 8 Wochen auf.

Atherosklerose (ATH)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Korat
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die Atherosklerose ist eine chronisch-entzündliche Gefäßerkrankung, bei der es zu einer Anhäufung von LDL-Cholesterin in den arteriellen Gefäßwänden kommt.

Bei der Rasse Korat wird eine genetische Variante des LDLR-Gens mit einer Atherosklerose assoziiert, die sich durch eine schwere Hypercholesterinämie (hoher Cholesterinspiegel im Blut) und den klinischen Anzeichen einer Herzinsuffizienz kennzeichnen lässt und letztlich zum Tod führt. Bei einer histopathologischen Untersuchung zeigen sich atherosklerotische Läsionen, insbesondere bei den großen elastischen Arterien und Koronararterien. Es gibt Hinweise darauf, dass Veränderungen der Gefäßwände bei betroffenen Katzen zu Thrombosen führen können.

Klinische Anzeichen einer Atherosklerose treten erst im mittleren und fortgeschrittenen Alter auf, da die betroffenen Katzen zuvor über mehrere Jahre hinweg eine stille Progression der Krankheit durchleben.

Blauäugigkeit

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Maine Coon
Erbgang	autosomal-dominant mit vollständiger Penetranz für Blauäugigkeit und unvollständiger Penetranz für Taubheit
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Eine genetische Variante des PAX3-Gens verursacht die Ausprägung blauer Augen bei Maine Coon Katzen. Der dominante Faktor verändert nicht nur die Augenfarbe, sondern steht auch in Verbindung mit ein- oder beidseitiger Taubheit und einer minimalen Weißscheckung, die nicht durch die bereits bekannten für Weißscheckung verantwortlichen Varianten verursacht wird. Es gibt Hinweise darauf, dass das reinerbige Vorliegen der Variante zu embryonaler oder fetaler Letalität führt. Daher wird von einer Verpaarung heterozygoter Katzen zur Vermeidung tauber Nachkommen sowie der unbeabsichtigten Erzeugung eines homozygoten Embryos für dieses Allel dringend abgeraten. Ein Gen-Test kann Klarheit schaffen, ob es sich beim Vorliegen blauer Augen um diese Variante handelt.

Congenitale Hypothyreose (CH)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Eine genetische Variante im Thyreoperoxidase-Gen verursacht bei Katzen eine primäre congenitale Hypothyreose. Betroffene Katzen zeigen einen dysproportionalen Zwergwuchs. Bei einigen Katzen ist die Wachstumsverzögerung offensichtlich, während sie bei anderen weniger auffällig ist. Weitere Anzeichen können Struma mit beidseitiger Vergrößerung beider Schilddrüsenlappen, geistige Trägheit, Verstopfung und ein verzögter Zahndurchbruch sein. Die Gesamt-T4-Konzentrationen im Serum sind in einem niedrigen bis niedrig-normalen Bereich, während die TSH-Konzentrationen abnormal hoch sind. Die angeborene Hypothyreose wird in der Regel in einem jungen Alter diagnostiziert. Eine Supplementierung mit L-T4 führt zu einer klinischen Verbesserung sowie zu einem Anstieg der Serum-T4- und einem Rückgang der TSH-Konzentrationen.

Congenitales myasthenes Syndrom (CMS)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Devon Rex, Sphynx
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Das congenitale myasthene Syndrom (CMS) bei der Katze wird durch eine Mutation im COLQ-Gen ausgelöst. Die Symptome der Krankheit entsprechen denen von CMS beim Menschen; es fällt insbesondere eine generalisierte Muskelschwäche auf. Diese zeigt sich bereits im Alter von 3 Wochen und vor allem nach Stress oder Aufregung. Oft

nehmen betroffene Katzen eine Art „Eichhörnchen“-Körperhaltung ein und ruhen sich mit den Vorderpfoten auf entsprechend hohen Objekten aus. Die meisten Katzen mit CMS sterben innerhalb von 2 Jahren. Oft ersticken sie an Futter.

Cystinurie

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die Cystinurie ist eine erbliche Stoffwechselerkrankung mit Absorptionsstörung bestimmter Aminosäuren im proximalen Nierentubulus. Die Folge ist eine erhöhte Ausscheidung der Aminosäure Cystin über den Urin. Aufgrund der starken Akkumulation von Cystin im Harn und seiner schlechten Wasserlöslichkeit kristallisiert Cystin aus und es bilden sich Steine. Die Harnsteine, die die klinischen Symptome verursachen, treten schon im jugendlichen Alter auf. Dabei kann es zu einem lebensbedrohlichen Verschluss der Harnwege kommen.

Epileptische Enzephalopathie (EE)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Bengal
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei der Bengalkatze konnte eine genetische Variante des CAD-Gens gefunden werden, die mit einer epileptischen Enzephalopathie einhergeht. Ein betroffenes Kitten zeigte bereits im Alter von 3 Monaten Cluster von generalisierten tonischen Anfällen und abnormalem Verhalten.

Die Krampfanfälle traten während des Schlafes auf und waren gekennzeichnet durch plötzliches Aufspringen, gefolgt von einer Überstreckung des Rückens und Nackens (Opisthotonus), verbunden mit einem erhöhten Muskeltonus der Vordergliedmaßen, Kopfschütteln, Schmatzen, Kaubewegungen, Gesichtszuckungen, Speichelblut und Bewusstseinsstörungen. Die Krampfattacken dauerten von einigen Sekunden bis zu einer Minute, und auch danach schien die Katze orientierungslos zu sein.

Die betroffene Katze verhielt sich generell ruhiger als die gesunden Kitten und zeigte Episoden von abnormalem Verhalten mit Bewusstseinsstörungen und Unruhe sowie einem auffälligen Beißverhalten entweder in den Boden oder sogar in die eigenen Pfoten. Eine genaue Untersuchung der Katze offenbarte zudem Episoden von abnormaler mentaler Aktivität, beidseitig einen fehlenden Blinzelpunkt der Augen und einen

erhöhten Wert der Erythrozytenverteilungsbreite (RDW), eine sogenannte Anisozytose mit vergrößerten und verkleinerten Erythrozyten.

Das CAD-Gen kodiert für ein Protein, das für den Aufbau von Pyrimidin-Nukleotiden und Nukleinsäuren unerlässlich ist, und spielt eine wichtige Rolle bei der Protein-Glykosylierung, dem Lipidstoffwechsel, der Polysaccharid-Biosynthese und der Signaltransduktion. Da die Katze nur teilweise auf die Behandlung mit Antiepileptika ansprach, entschieden sich die Besitzer aufgrund der beeinträchtigten Lebensqualität für die Euthanasie.

Faktor XI-Defizienz (F11)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Maine Coon
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Der Koagulationsfaktor XI ist ein Plasmaprotein und beteiligt an der intrinsischen Kaskade der Blutgerinnung. Die Blutungstendenz bei Faktor XI-Mangel ist im Gegensatz zu Hämophilien nur geringgradig erhöht. Typisch sind Hämatome und andere leichte Blutungen, die nur manchmal nach Trauma oder chirurgischen Eingriffen auftreten.

Faktor XI-Mangel verlängert die partielle Thromboplastinzeit im Plasma, aber die Thromboplastinzeit bleibt normal. Laboklin hat Maine-Coon-Katzen mit erhöhter Blutungsneigung sowie deren Verwandte untersucht und einen Gendefekt im Faktor XI identifiziert. Dabei wurden auch homozygot erkrankte und Trägertiere (Carrier) in Europa nachgewiesen. Anhand dieses Gentests können Maine-Coon-Katzen, die ein erhöhtes Blutungsrisiko haben, aber auch symptomlose Trägertiere sicher identifiziert und die Verbreitung dieses Gendefektes bei der Zucht eingeschränkt werden.

Faktor XII-Defizienz (F12)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Der Koagulationsfaktor XII ist beteiligt an der intrinsischen Kaskade der Blutgerinnung. Im Faktor XII-Gen wurden zwei unterschiedliche Mutationen beschrieben, die einen Faktor XII-Mangel auslösen. Homozygot betroffene Katzen besitzen eine stark reduzierte Faktor XII-Aktivität, während in heterozygot betroffenen Katzen nur eine moderat verringerte Faktor XII-Aktivität messbar ist. Ein Faktor XII-Mangel verlängert die partielle Thromboplastinzeit (PTT) im Plasma, ohne die Blutungsneigung bei betroffenen Katzen zu erhöhen.

Gangliosidose (GM1 und GM2)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Balinese, Burma, Javanese, Korat, Orientalisch Kurzhaar, Peterbald, Seychellois, Siam, Thai, Tonkanese
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die Gangliosidose ist eine lysosomale Speicherkrankheit, die bei Menschen, Katzen und anderen Tieren auftritt. Bei einer lysosomalen Speichererkrankung werden die Stoffe, die aufgrund eines Enzymmangels nicht weiterverarbeitet werden können, in den Lysosomen abgelagert. Im Fall der Gangliosidosen kommt es zur Anreicherung von Gangliosiden (Fett-Zucker-Verbindungen) in Zellen des Gehirns. Dadurch werden lebenswichtige Zellfunktionen im Gehirn gestört, was zu den schweren Krankheitssymptomen führt. Die Gangliosidosen kommen in zwei verschiedenen Formen vor. Die GM1-Gangliosidose wird durch einen ererbten Mangel des Enzyms Beta-Galactosidase verursacht, wogegen bei der GM2-Gangliosidose das Enzym Beta-Hexosaminidase fehlt. GM1 und GM2 verursachen schwere fortschreitende Hirnerkrankungen. Erkrankte Katzen zeigen vor allem Störungen des Nervensystems. Beide Erkrankungen äußern sich durch Symptome wie Kopfzittern sowie eingeschränkte Bewegungsfähigkeit der Hinterbeine bis hin zur Lähmung. Bei der GM2-Gangliosidose (Burma, Korat) zeigt sich das Krankheitsbild in der Regel früher (etwa im Alter von 2 Monaten) und verschlimmert sich schneller. Bei der GM1-Gangliosidose (Siam, Korat) beginnen die neurologischen Symptome etwas später (3 Monate) und schreiten langsamer fort.

Glykogenspeicherkrankheit Typ IV (GSD4)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	Norwegische Waldkatze
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei der Glykogenspeicherkrankheit Typ IV handelt es sich um eine erbliche Fehlfunktion des Glukosestoffwechsels, die bei Norwegischen Waldkatzen beschrieben ist. Glukose wird in der Leber, den Muskeln und den Nervenzellen in Form von Glykogen gespeichert. Benötigt der Körper Energie, so wird Glukose vom Glykogen abgespalten und als Energiequelle genutzt. Die Fähigkeit, Glukose effizient an Glykogen zu binden und wieder abzuspalten, ist von der stark verzweigten Struktur des Glykogen abhängig. Das „Glycogen Branching Enzym“ (GBE) ist nötig für die Ausbildung dieser verzweigten Struktur. Ein Ausfall der GBE-Aktivität führt zur abnormalen Anhäufung von Glykogen in

verschiedenen Zelltypen, was zu fortschreitenden Organfehlfunktionen führt. Betroffene Kitten sterben meist bei oder kurz nach der Geburt, vermutlich durch Hyperglykämie. Kitten, die den Geburtsvorgang überleben, haben eine maximale Lebenserwartung von 10 – 14 Monaten; sie entwickeln sich zunächst normal, bis es im Alter von ca. 5 Monaten zu einer fortschreitenden neuromuskulären Degeneration kommt, die letztendlich zum Tode führt.

Head Defect

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	Burma
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Der Burmese Head Defect ist eine angeborene, kraniofaziale Missbildung, die in den heutigen Linien der Burmkatze weit verbreitet ist. Die ursächliche Mutation wurde vom Lyons Feline Genetics Research Laboratory an der UC Davis entdeckt und betrifft ein Gen, welches eine wichtige Rolle bei der Entwicklung des Gesichts spielt. Eine Kopie der Mutation verursacht keine „Missbildung“, ist aber häufig die Ursache für einen verkürzten Gesichtsschädel (Brachycephalie). Katzen, die die Mutation homozygot tragen, haben schwere kraniofaziale Missbildungen und sind nicht lebensfähig.

Hypertrophe Kardiomyopathie (HCM)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung
Rasse	Maine Coon (Mutation A31P), Ragdoll (R820W), Sphynx
Erbgang	autosomal-dominant mit unvollständiger Penetranz
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die hypertrophe Kardiomyopathie (HCM) ist eine durch eine konzentrische Hypertrophie des Ventrikels gekennzeichnete Erkrankung des Herzmuskels. Die HCM ist die am häufigsten diagnostizierte Herzkrankung bei Katzen. Wesentliche Krankheitszeichen sind eine Verdickung der Wand der linken Herzkammer (Ventrikel), die sowohl global als auch regional sein kann, eine Verdickung der Papillarmuskeln, eine systolische Vorwärtsbewegung der Mitralklappe (systolic anterior movement, SAM), schließlich eine Vergrößerung der linken Herzkammer und letztendlich Herzschwäche und Herzversagen. Der Tod durch HCM kann durch 3 Mechanismen erfolgen: durch plötzlichen Herztod, wie z.B. durch Rhythmusstörungen und Kammerflimmern, durch Herzversagen (Symptome sind Herzrasen, beschleunigte Atmung, Kurzatmigkeit, Lungenödem und Pleuraerguss) oder durch Thrombenbildung, einerseits im linken Vorhof durch abnorme Blutflüsse und den Rückstau des Blutes mit Erweiterung des Vorhofs und verlangsamtem

Blutfluss, andererseits in der Kammer bei hochgradiger Erweiterung und Herzschwäche. Die Thromben im Vorhof können abgelöst und in den arteriellen Kreislauf verschleppt werden (so kommt der sog. Sattelthrombus an der Aufzweigung der Becken- und Beinarterien mit Lähmung der Hinterbeine zustande). Die echokardiographische Untersuchung war bisher die einzige Möglichkeit, die Krankheit sicher zu diagnostizieren. Diese Untersuchung ist allerdings erst im Alter von einigen Jahren sinnvoll, wenn bereits krankhafte Veränderungen des Herzens aufgetreten sind.

Zwei identifizierte Mutationen im MYBPC3-Gen stellen nach derzeitigem Forschungsstand Hochrisikofaktoren bei Maine Coon bzw. Ragdoll dar: Bei diesen Rassen haben homozygote Träger ein vielfach höheres Risiko, an HCM zu erkranken als gesunde Tiere. Heterozygote Träger besitzen hingegen nur ein gering höheres Risiko. Bei der Sphynx konnte eine Variante im ALMS1-Gen gefunden werden, die ebenfalls mit einer HCM einhergeht. Das Alter der Katzen beim Auftreten der ersten Symptome sowie der Schweregrad der HCM können sehr variabel sein. Die Diagnose der HCM bei der Sphynx kann im Alter von 1 – 14 Jahren erfolgen. Da nicht alle genetisch betroffenen Katzen im Laufe ihres Lebens Symptome zeigen, spricht man von einer unvollständigen Penetranz. Bislang ist es unklar, ob das Risiko für die Ausprägung der Erkrankung bei homozygot betroffenen Sphynx-Katzen (HCM/HCM) höher ist als bei heterozygoten Katzen (N/HCM). Zudem geht man davon aus, dass neben dieser Variante mindestens noch eine weitere unbekannte Variante in dieser Rasse vorkommt, die eine HCM auslösen kann. Die Mutationen sind ausschließlich in den entsprechenden Rassen relevant.

Hypokaliämie

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Australische Schleierkatze, Burma und deren Auskreuzungen (z. B. Burmilla), Cornish Rex, Devon Rex, Singapura, Sphynx, Tonkanese
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Hypokaliämie bei der Katze, auch bekannt als „familiäre episodische hypokalämische Polymyopathie“, ist ein genetischer Defekt, der durch Muskelschwäche gekennzeichnet ist. Diese kann den ganzen Körper betreffen, manchmal aber auch nur auf wenige Muskeln begrenzt sein. Dies ist am auffälligsten bei den Nackenmuskeln, zum Teil ist aber auch nur die Bewegung der Beinmuskeln eingeschränkt. Erkrankte Katzen haben Probleme beim Laufen und Springen, ebenso mit der korrekten Kopfhaltung. Labordiagnostisch zeigen sich typischerweise erniedrigte Kalium- und erhöhte CK-Werte im Serum (CK=Creatinin-Kinase). Dies lässt sich mit einer speziellen Diät, bei der dem Futter Kalium zugesetzt wird, deutlich verbessern. Die genaue Zusammenstellung des täglichen Futters ist mit dem behandelnden Tierarzt abzusprechen.

Hypotrichose und Kurzlebigkeit

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Heilige Birma
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Hypotrichose ist eine Erbkrankheit der Heiligen Birma, die durch die Mutation des FOXN-1-Gens verursacht wird. Betroffene Neugeborene besitzen ein dünnes flaumiges Fell, das sie schon innerhalb einer Woche nach der Geburt verlieren. Dieses wächst bei wenigen Tieren innerhalb der ersten zwei Monate nach. Einige Kitten werden bereits gänzlich kahl geboren. Weitere klinische Symptome umfassen fettige und verkrustete Haut im Gesichtsbereich sowie Anomalien der Krallen, der Zunge und der Schnurrhaare. Die Erkrankung kann in einigen Fällen für Totgeburten und frühes Versterben der Kitten innerhalb der ersten Lebenswochen durch unzureichende Immunabwehr verantwortlich sein.

MDR1-Genvariante

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Der MDR1-Gendefekt korreliert mit einer Störung der Arzneimittelmetabolisierung und damit einer Überempfindlichkeit gegenüber verschiedenen Pharmazeutika wie Antiparasitika (z.B. Ivermectin), Antibiotika, Zytostatika oder auch Schmerz- und Narkosemitteln. Die Symptome nach Verabreichung dieser Arzneimittel sind vielfältig und umfassen unter anderem Schwierigkeiten beim Atmen, Bewegungsstörungen, Lethargie und erweiterte Pupillen sowie lebensbedrohliche Krämpfe. Bei Chemotherapeutika kann der veränderte Metabolismus zu Magen-Darm-Intoxikationen und zu Knochenmarksdepression führen. Der Erbgang ist autosomal-rezessiv, aber auch bei heterozygoten Tieren muss von einem eingeschränkten Transport der betroffenen Substanzen und einer eingeschränkten Verstoffwechselung der Wirkstoffe bzw. einer geringeren Verträglichkeit ausgegangen werden.

Mucopolysaccharidose Typ VI (MPS6)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Balinese, Europäisch Kurzhaar, Heilige Birma, Javanese, Orientalisch Kurzhaar, Peterbald, Ragdoll, Seychellois, Siam, Thai, Tonkanese

Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die Mucopolysaccharidose vom Typ VI (MPS6) ist eine lysosomale Speicherkrankheit, die durch zwei Defekte im Gen für das Enzym N-Acetylgalactosamin-4-Sulfatase ausgelöst wird. Die beiden bekannten Mutationen liegen im selben Gen, aber an unterschiedlichen Stellen. Die beiden Mutationen sind separat entstanden und liegen nie gleichzeitig auf demselben Chromosom vor, weshalb es 6 verschiedene Genotypen geben kann.

Die beiden Mutationen haben unterschiedliche Wirkung auf die Schwere der Erkrankung. Dabei gibt es eine milde Form (m), deren Symptome meist nur anhand bestimmter Laborwerte feststellbar sind, sowie eine schwere Form (s), die bei homozygot Betroffenen mit schweren Störungen des Knochenbaus, Nervensystems sowie Zwergwuchs einhergeht. Erste Anzeichen sind beim schweren Typ bereits nach wenigen Lebenswochen zu erkennen. Kombiniert-heterozygote Träger (Genotyp m/s) scheinen die Krankheit nicht auszuprägen.

Mucopolysaccharidose Typ VII (MPS7)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die Mucopolysaccharidose vom Typ VII (MPS7) ist eine seltene lysosomale Speicherkrankheit, die durch einen Defekt im Gen für das Enzym β-Glucuronidase (GUSB) ausgelöst wird. Bei heterozygoten Tieren (N/mps) wird nur die Hälfte der natürlichen Menge des Enzyms produziert, bei betroffenen Katzen (mps/mps) wird das Enzym gar nicht gebildet. Die daraus resultierende Störung des Abbaus von Mucopolysacchariden führt zu Knochen- und Knorpelfehlbau, Hornhauttrübung sowie Vergrößerung der Abdominalorgane, was bereits ab einem Alter von zwei Monaten feststellbar ist. Neben der hier getesteten Mutation wird noch mindestens eine weitere Mutation vermutet, die eine MPS VII auslösen soll.

Myotonia congenita

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Myotonia congenita ist eine Krankheit, die die Skelettmuskulatur betrifft. Verursacht wird sie von einer Genmutation, die die Funktion der Chlorid-Kanäle beeinflusst und autosomal-rezessiv vererbt wird. Symptome der Krankheit sind vor allem ein steifer, staksiger Gang, der sich allerdings durch Übung wieder verbessern lässt. Sichtbar ist auch eine hervortretende Zunge und ein kaum zu öffnender Unterkiefer. Oft werden Schwierigkeiten beim Schlucken ebenso wie übermäßiges Speicheln beobachtet.

Osteochondrodysplasie (OCD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Schottische Faltohrkatze
Erbgang	autosomal-dominant
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Eine Mutation im TRPV4-Gen führt zu den charakteristisch nach vorne gefalteten Ohren bei der Schottischen Faltohrkatze. Außerdem begünstigt diese Mutation die Ausbildung einer Osteochondrodysplasie, die sich in Missbildungen der Knochen und Gelenke in den distalen Gliedmaßen und dem Schwanz äußert. Homozygot betroffene Katzen entwickeln schwere Missbildungen; das Zustandekommen homozygot betroffener Tiere gilt in Deutschland als „Qualzucht“ und eine Verpaarung von zwei Trägertieren ist somit gesetzlich verboten.

Polydaktylie

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Erbgang	autosomal-dominant
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Polydaktylie (Vielzehigkeit) ist das Vorhandensein von mehr als der üblichen Anzahl an Zehen und zeichnet sich durch eine große phänotypische Vielfalt aus. Bisher wurden zwei morphologische Formen der Polydaktylie beschrieben: „Mitten-Paw“ und „Patty-Foot“. Bei der Mitten-Paw („Fäustling“)-Form sind die zusätzlichen Zehen kürzer als die übrigen Zehen und der Abstand zwischen den zusätzlichen Zehen und den übrigen Zehen ist größer als der Abstand zwischen den übrigen Zehen. Bei der Patty-Foot Form haben die zusätzlichen Zehen die gleiche Länge wie die übrigen Zehen und der Abstand zwischen den zusätzlichen und übrigen Zehen sowie zwischen den übrigen Zehen ist gleich (die breite Pfote sieht aus wie „Burger-Patty“).

Polydaktylie kann eine einzelne Pfote, zwei, drei oder alle vier Gliedmaßen betreffen, zumeist bilden sich die zusätzlichen Zehen jedoch an den vorderen oder an allen vier

Gliedmaßen aus. Auch die Anzahl der zusätzlichen Zehen ist dabei variabel. Es konnten bisher drei Varianten gefunden werden, die für Polydaktylie verantwortlich sind. Die drei Varianten befinden sich in einer regulatorischen Sequenz des Sonic Hedgehog (SHH)-Gens, der sogenannten „called zone of polarising activity regulatory sequence (ZRS)“, die bekanntermaßen an der Entwicklung der Gliedmaßen beteiligt ist. Sie wurden erstmals bei Hauskatzen in England (UK1- und UK2-Varianten) und bei Hemingway-Katzen in den USA (Hw-Variante) beschrieben. Alle drei Varianten werden autosomal-dominant vererbt, Katzen mit einer oder zwei Kopien dieser Varianten zeigen somit höchstwahrscheinlich Polydaktylie.

Polyzystische Nierenerkrankung (PKD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Angora, Britisch Kurz- und Langhaar, Chartreux, Colourpoint, Exotische Kurzhaar, Heilige Birma, Karthäuser, Perser, Ragdoll, Russisch Blau, Schottische Faltohrkatze, Selkirk Rex
Erbgang	autosomal-dominant
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Die polyzystische Nierenerkrankung ist eine weit verbreitete Erbkrankheit, die Perserkatzen und deren Abkömmlinge betrifft. Rund 38 % der Perserkatzen weltweit leiden an dieser Erkrankung, was einen Anteil von 6 % an der Gesamtkatzenpopulation ausmacht. Die PKD kann somit als bedeutendste vererbte Erkrankung bei der Katze angesehen werden. Sie führt neben der Bildung von Zysten in Leber und Bauchspeicheldrüse zur Bildung von flüssigkeitsgefüllten Zysten in der Niere, die letztendlich das Nierenversagen und den Tod der betroffenen Katze verursachen. Die PKD tritt im jugendlichen Alter der Katze auf. Die Diagnose mittels Ultraschall kann frühestens mit dem Auftreten erster Krankheitserscheinungen im Alter von ca. 8 Monaten gestellt werden.

Polyzystische Nierenerkrankung (PKD2)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Neva Masquerade, Sibirische Katze
Erbgang	autosomal-dominant
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei den Rassen Sibirische Katze und Neva Masquerade konnte eine genetische Variante identifiziert werden, die eine polyzystische Nierenerkrankung (PKD2) hervorruft. Dabei handelt es sich um eine fortschreitende Erkrankung, die durch multiple flüssigkeitsgefüllte Zysten in den Nieren gekennzeichnet ist und letztlich zu Nierenversagen führt.

Primäres erbliches Glaukom (PCG)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Siam
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Grundsätzlich werden zwei Arten von grünem Star unterschieden: das Primär- und das Sekundärglaukom. Katzen mit einem primären Glaukom haben angeborene Fehlbildungen im Auge, die einen erhöhten Augeninnendruck verursachen. Dadurch werden die retinalen Ganglienzellen und der Sehnerv geschädigt, was bereits im Laufe der ersten Lebensmonate zur Erblindung führt. Für ein Sekundärglaukom können verschiedene Augenerkrankungen oder -infektionen die Ursache sein.

Bei der Siam wurde eine Mutation im LTBP2-Gen nachgewiesen, die als ursächlich für das primäre erbliche Glaukom gilt.

Progressive Retinaatrophie (PRA)

Die progressive Retinaatrophie (PRA) ist eine Erkrankung der Netzhaut (Retina), die durch kontinuierliches Fortschreiten letztendlich zur Erblindung führt. Dabei werden die Photorezeptoren des Auges im Laufe der Zeit zerstört. Bislang sind bei Katzen die folgenden 4 Mutationen bekannt, die eine PRA auslösen sollen:

Progressive Retinaatrophie (b-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung
Rasse	Bengal
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die progressive Retinaatrophie bei der Bengal führt zur Zerstörung der Photorezeptoren in der Netzhaut. Der Verlust der Zellen beginnt etwa im Alter von 7 Wochen und schreitet langsam fort, bis die Katze mit ca. 2 Jahren bereits ein sehr eingeschränktes Sehvermögen hat. Bis zur vollständigen Erblindung dauert es unterschiedlich lang. Katzen mit PRA-b zeigen im Vergleich zu gesunden Katzen erweiterte Pupillen bei gleichen Lichtverhältnissen.

Progressive Retinaatrophie (pd-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung

Rasse	Angora, Britisch Kurz- und Langhaar, Chartreux, Colourpoint, Exotische Kurzhaar, Heilige Birma, Karthäuser, Perser, Ragdoll, Russisch Blau, Schottische Faltohrkatze, Selkirk Rex
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

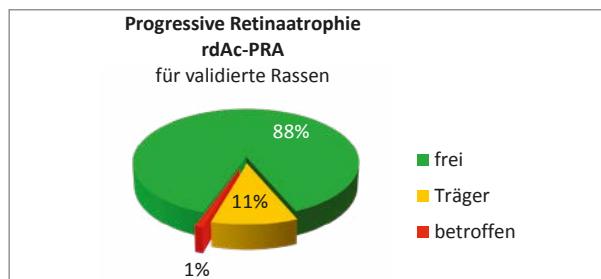
Die progressive Retinaatrophie (pd-PRA) hat bei betroffenen Tieren bereits im Alter von 5 Wochen einen Abbau der Photorezeptoren zur Folge, der bis 16 Wochen zur vollständigen Erblindung führt. Symptomatisch zeigt sich zumeist unkoordinierte Augenbewegung und erhöhte Reflektivität des Augenhintergrunds.

Progressive Retinaatrophie (rdAc-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Abessinier, American Curl, American Wirehair, Balinese, Bengal, Colourpoint, Cornish Rex, Javanese, Munchkin, Ocicat, Orientalisch Kurzhaar, Peterbald, Seychellois, Siam, Singapura, Somali, Thai, Tonkanese
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Die rdAc-PRA wird durch eine Mutation im CEP290-Gen hervorgerufen. Betroffene Katzen haben zum Zeitpunkt der Geburt ein normales Sehvermögen. Die klinischen Symptome treten in der Regel im Alter von 1,5 bis 2 Jahren auf (sog. late onset). Zuerst verlieren die Stäbchenzellen ihre normale Funktion, im weiteren Verlauf sind auch die Zapfenzellen der Netzhaut betroffen. Im Endstadium der Krankheit, meist im Alter von 3 – 5 Jahren, sind die Photorezeptoren dann völlig zerstört und die Katze erblindet vollständig.



Progressive Retinaatrophie (rdy-PRA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Abessinier, Ocicat, Somali
Erbgang	autosomal-dominant
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

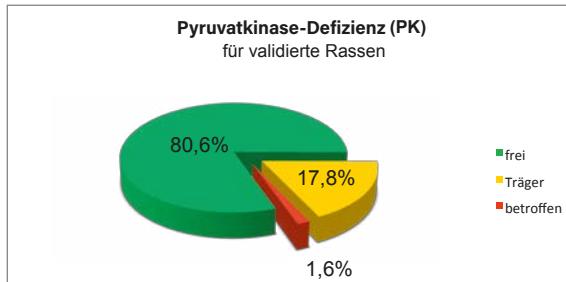
Die rdy-PRA wird durch eine Mutation im CRX-Gen hervorgerufen, die eine normale Photorezeptorbildung verhindert. Aufgrund des dominanten Erbgangs prägen auch heterozygote Träger die Krankheit aus. Bereits im Alter von ca. 3 Wochen sind Fehlbildungen in der Retina bei Untersuchungen erkennbar (sog. early onset). Zuerst sind die Zapfen-, danach die Stäbchenzellen betroffen. In der Regel erblinden betroffene Katzen fast vollständig in einem Alter von etwa 7 Wochen.

Pyruvatkinase-Defizienz (PK)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung
Rasse	Abessinier, Angora, Ägyptische Mau, Bengal, Europäisch Kurzhaar, LaPerm, Maine Coon, Norwegische Waldkatze, Ocicat, Savannah, Sibirische Katze, Singapura, Somali
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei dieser Erkrankung, die auch bei Mensch und Hund vorkommt, fehlt den roten Blutkörperchen das Enzym Pyruvatkinase, welches für die Energiegewinnung der Erythrozyten wichtig ist. Aufgrund einer beeinträchtigten Glykolyse in den Erythrozyten ist deren Lebensdauer stark verkürzt, wodurch eine chronische, regenerative, hämolytische Anämie hervorgerufen wird. Betroffene Tiere können neben immer wiederkehrenden Symptomen der Anämie wie blassen Schleimhäuten, Schwäche und Müdigkeit auch schwere „hämolytische Krisen“ mit Gelbsucht und Fieber entwickeln. Die Anzahl der roten Blutkörperchen kann von normal bis hochgradig vermindert sein. Verdächtig ist eine erhöhte Zahl juveniler Erythrozyten bei einer normalen Erythrozytenzahl. Gelegentlich ist eine vergrößerte Milz tastbar. Aufgrund des unterschiedlichen Krankheitsbildes ist es wichtig, dass eine Pyruvatkinase-Defizienz in Betracht gezogen wird, wenn die Routine-laboruntersuchungen nicht zu einer Diagnose führen. Da es bisher leider keine spezifische Therapie für die PK-Defizienz gibt, ist die zuchthygienische Vorbeugung wichtig. Zeigt ein erkranktes Tier eine schwere Anämie, können Bluttransfusionen lebensrettend sein. Daher ist die Durchführung einer Blutgruppenbestimmung ebenfalls wichtig. Bei betroffenen Tieren sollten sowohl Stress als auch Infektionen vermieden werden, da dadurch möglicherweise hämolytische Krisen ausgelöst werden können.



Skeletale Dysplasie (SD)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Britisch Kurzhaar, Schottische Faltohrkatze
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei der Rasse Britisch Kurzhaar wurde eine Mutation im Gen LTBP3 gefunden, die eine skeletale Dysplasie (angeborene Störung des Knochen- und Knorpelgewebes) verursacht. Erste Symptome wie eine Lähmung der Hinterbeine konnten bei betroffenen Kitten bereits im Alter von 8 Wochen beobachtet werden. Weitere Symptome waren eine Krümmung der Wirbelsäule (Lordose und Skoliose) und die Schädigung des Nervengewebes im Rückenmark (Myelopathie). Weiterhin wurde eine verminderte Bewegungsaktivität des Magen-Darm-Trakts im Alter von 10 Wochen festgestellt. Auf Röntgenaufnahmen wurde eine krankhafte Verformung der Wirbelsäule sichtbar.

Betroffene Kitten zeigten eine zunehmende Lähmung der Beine, eine Deformation mehrerer Brustwirbelkörper, eine Verengung des Wirbelkanals, Kompression des Rückenmarks und Koprostasen. Aufgrund der Schwere der Symptome mussten die betroffenen Kitten eingeschläfert werden.

Spinale Muskelatrophie (SMA)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	Maine Coon
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die spinale Muskelatrophie ist eine Motoneuronenerkrankung, d.h. eine Erkrankung von Nervenzellen, die die Muskulatur innervieren. SMA beeinträchtigt alle Muskeln des Körpers, wobei die sogenannten proximalen Muskeln häufig am schwersten betroffen

sind. Die spinale Muskelatrophie bei der Maine Coon ist dem SMA Typ III beim Menschen sehr ähnlich. Betroffene Katzen zeigen bereits im Alter von rund 12 Wochen Muskelschwund und Muskelschwäche verbunden mit einer Degeneration der spinalen Motoneurone. An spinaler Muskelatrophie erkrankte Katzen zeigen eine fortschreitende Instabilität des Ganges und Haltungsabnormalitäten, die man der symmetrischen Schwächung und dem Schwund der proximalen Muskeln zuordnen kann. Die Symptome der SMA treten schon in früher Jugend auf und führen zu einer fortschreitenden Behinderung und einer unterschiedlichen Verkürzung der Lebenszeit.

3.2 Fellfarbe und Haarlänge bei der Katze

Fellfarbe

Agouti

Der A- oder Agouti-Lokus ist verantwortlich für die Fellzeichnung und unterscheidet, ob das Fell mehrfarbig („Agouti“) oder einfarbig („Non-Agouti“) ist. Dies wird durch sogenanntes pigment-type-switching verursacht, also die Umstellung zwischen den beiden Pigmenten (dunkles Eumelanin oder rotes Pheomelanin) während des Haarwachstums. Das Agouti-Allel (A) ist dominant gegenüber dem Non-Agouti-Allel (a).

Farbvariante Agouti

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen
Dauer	3 – 5 Werktage

Ausprägung

Trägt eine Katze das Agouti-Gen (Genotyp AA oder Aa), so weist ihr Fell eine Fellzeichnung auf. Ist der Genotyp Non-Agouti (aa), ist ihr Fell einfarbig („solid“).

Farbvariante Charcoal

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Bengal
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Das Charcoal-Gen (A^{Pb}) ist ausschließlich in der Rasse Bengal vorhanden. Es ist eine Allel-Variante des Agouti-Lokus, die von der Asiatischen Leopardkatze in die Rasse eingebbracht wurde. Die Katze entwickelt den Charcoal-Phänotyp ausschließlich mit dem Genotyp $A^{Pb}a$. Dieser Test deckt auch den allgemeinen Agouti-Test mit ab.

Farbvariante Tabby (Mackerel, Blotched)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Die genetische Untersuchung auf Tabby ermöglicht die Unterscheidung zwischen einer getigerten Fellzeichnung (Mackerel Tabby) und einer gestromten Fellzeichnung (Blotched oder Classic Tabby). Mackerel-Tabby-Katzen zeichnen sich durch vertikale Streifen mit regelmäßigen Abständen aus, Blotched-Tabby-Katzen durch eine breite, weniger regelmäßige dunkle Musterung auf hellem Hintergrund. Verantwortlich für die Anordnung der dunklen Farbmuster sind verschiedene Varianten des Taqpep-Gens. Um die Allele des Tabby-Lokus ausprägen zu können, muss die Katze am A-Lokus den Genotyp AA oder Aa aufweisen. Mackerel Tabby wird dominant über Blotched Tabby vererbt.

Farbvariante Ticked

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Ausprägung

Als Ticked wird eine Fellzeichnung der Katze bezeichnet, bei der die Einzelhaare eine Bänderung aufweisen, die Katze insgesamt gesehen aber keine Musterung besitzt. Zwei verschiedene Varianten auf dem DKK4-Gen können zur Ausprägung des Phänotyps führen. Um die Allele des Ticked-Lokus ausprägen zu können, muss die Katze am A-Lokus den Genotyp AA oder Aa aufweisen. Nur bei Katzen, die am Ticked-Lokus N/N sind, kann der Tabby-Lokus ausgeprägt werden.

Farbvariante Gold (Kupfer/Sunshine)

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Britisch Kurzhaar, Kurilen Bobtail, Sibirische Katze
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Bei der Farbvariante Gold handelt es sich um eine Modifikation der Tabby-Zeichnung. Es sind 3 Varianten im CORIN-Gen bekannt, die zu den Farben „Kupfer“, „Sunshine“ und „Extreme Sunshine“ führen. Diese bewirken eine Zunahme der Phäomelanin-Bande der Einzelhaare sowie eine Verdrängung des Eumelanins an die Haarspitze.

Für die Kupfer-Variante reinerbige Tiere sind gekennzeichnet durch eine Aufhellung der Tabby-Zeichnung und einer Goldfärbung des Fells, die von einem Golden-Tipped-Phänotyp bis hin zu einem kupferfarbenen Phänotyp mit rot-goldenem Mantel und cremefarbenen Abzeichen an Bauch und Pfotenoberseiten („countershading“) reichen kann. Diese Variante wurde ursprünglich in der Rasse Britisch Kurzhaar beschrieben. Für die Sunshine-Variante reinerbige Tiere sind gekennzeichnet durch eine Aufhellung der Tabby-Kennzeichen, einen cremefarbenen bis weißen Bereich um die Nase, der sich bis auf die Brust erstreckt und eine rosa Nase ohne die für Tabby-Katzen typische dunkle Umrandung. Extrem-Sunshine-Katzen weisen eine noch stärkere Farbmodifikation auf und haben eine starke Aufhellung der Tabby-Zeichen, einen hellen, cremefarbenen Bauch und die gleiche rosa Nase ohne die dunkle Linie, die bei Sunshine-Katzen zu beobachten ist. Der Erbgang erfolgt nach der allelischen Reihe: N > wbeSib > wbSib. Diese Varianten wurden ursprünglich für die Rassen Sibirische Katze, Kurilen Bobtail und Toy Bob beschrieben.

Alle Farbvarianten können sich nur ausprägen, wenn die Katze am Agouti-Genort den Genotyp A/A oder A/a aufweist.

Braun

Der B- oder Brown-Lokus beschreibt die verschiedenen Allele auf dem TYRP1-Gen, das für die Produktion des Farbpigments Eumelanin verantwortlich ist. Dominant ist dabei das Allel „B“, in dem das Eumelanin in natürlicher Menge produziert werden kann. Die beiden Mutationen bewirken eine verringerte Produktion von Eumelanin und somit hellere Brauntöne des Fells. Die rezessiven Allele für Chocolate (b) und Cinnamon (b^l) stehen in der sogenannten allelischen Reihe in folgendem Dominanzverhältnis zueinander: B>b>b^l.

Fellfarbe Chocolate und Cinnamon

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen
Dauer	3 – 5 Werktage

Ausprägung

Am B- oder Braun-Genort ist die Farbe des dunklen Pigments Eumelanin festgelegt. Bekannt sind drei verschiedene Genvarianten (Allele) auf dem TYRP1-Gen, das für die Produktion des Farbpigments Eumelanin verantwortlich ist. Die rezessiven Allele für Chocolate (b) und Cinnamon (b^l) stehen in der sogenannten allelischen Reihe in folgendem Dominanzverhältnis zueinander: B>b>b^l. Das Allel B ist dominant und bestimmt die Ausprägung von schwarzem Eumelanin. Die beiden Genvarianten der Allele b und b^l bewirken einen vorzeitigen Abbruch der Eumelaninbildung und somit hellere Brauntöne des Fells in einem schokoladenbraun (b) oder einem zimtfarbenen Ton (b^l).

Fellfarbe Rot

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Die Fellfarbe Rot kommt durch eine genetische Variante des ARHGAP36-Gens zustande, welche sich auf dem X-Chromosom befindet und daher geschlechtsgebunden vererbt wird. Die Variante bewirkt eine Unterdrückung der Produktion des schwarz-braunen Pigments Eumelanin und eine Förderung des gelb-roten Pigments Phäomelanin.

Da männliche Katzen nur ein X-Chromosom haben, wird bei ihnen bei Vorliegen der Rot-Variante O auf diesem Gen die Fellfarbe Rot ausgeprägt (Genotyp X(O)/Y). Liegt die Variante nicht vor, so sind sie nicht rot (Genotyp X(o)/Y).

Weibliche Katzen haben zwei X-Chromosomen und benötigen zwei Kopien der Rot-Variante (Genotyp X(O)/X(O)), um komplett rotes Fell zu haben. Liegt dagegen nur auf einem der beiden X-Chromosomen die Rot-Variante vor (Genotyp X(O)/X(o)), so werden aufgrund der zufälligen X-Inaktivierung rote und nicht-rote Fellbereiche ausgeprägt, wodurch ein Schildpatt- bzw. Calico-Muster entsteht. Mit dem Genotyp X(o)/X(o) prägt eine Katze die Fellfarbe Rot nicht aus.

Colourpoint

Der C- oder Colourpoint-Lokus beschreibt verschiedene Stufen von Albinismus. Verantwortlich für diese Farbschattierungen sind Mutationen im Gen für das Enzym Tyrosinase, das für die Produktion von Melanin verantwortlich ist. Das dominante Wildtypallel (C) bewirkt die natürliche Vollfärbung. Mehrere Mutationen erzeugen Abweichungen von leichtem Albinismus bis hin zu einem vollständigen Albino. Die allelische Reihe des C-Lokus ist C>c^b>c^s>c.

Farbvariante Siam und Burma

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung
Rasse	alle Rassen außer Bengal
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Ausprägung

Die sogenannten Colourpoint-Restriction-Gene Burma (c^b) und Siam (c^s) sind verantwortlich für Phänotypen, die mildere Formen von Albinismus darstellen. Die temperatursensitiven Mutationen erlauben die Produktion des normalen Pigments nur an den kühleren Extremitäten des Körpers, was die „Maske“ des Gesichts, die dunklen Pfoten und den dunklen Schwanz verursacht. Der Burma-Genotyp (c^bc^b) erzielt dabei die mildere Form, bei dem das Fell an den Rumpfregionen nur leicht aufgehellt ist. Der Siam-Geno-

typ (c^sc^s) zeigt eine viel stärkere Aufhellung am Rumpf und einen höheren Kontrast als Burma. Da Burma unvollständig dominant gegenüber Siam ist, entsteht beim gemischt-heterozygoten Genotyp (c^bc^s) ein eigener Farbschlag, Mink, der farblich zwischen den beiden Varianten liegt.

Farbvariante Snow

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Bengal
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Snow ist die Bezeichnung für Bengalen mit Colourpoint-Allelen (c^bc^b , c^bc^s , c^sc^s).

Farbvariante Albino

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Das seltene Albino-Allel (c) erzeugt im homozygoten Genotyp (cc) einen vollständig unpigmentierten Albino-Phänotyp. Das Fell ist reinweiß und die Augen meistens hellblau oder hellrot. Das Allel ist rezessiv zu allen anderen Allelen des C-Lokus.

Dilution

Der D- oder Dilution-Lokus ist verantwortlich für die Stärke der Färbung des Fells oder eine Farbverdünnung. Er modifiziert dabei die durch andere Gene erzeugten Grundfarben und Farbfaktoren. Das Wildtyp-Allel (D) gewährleistet eine normale Farbstärke. Das rezessive Dilute-Allel (d) ist eine Mutation im MLPH-Gen, das eine Verklumpung der Pigmente im Haarschaft verursacht. Da die Farbe der Pigmente nur durchschimmert, erscheint sie aufgehellt.

Farbverdünnung Dilution

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen
Dauer	3 – 5 Werktage

Ausprägung

Für die Ausprägung einer Farbverdünnung muss der homozygot-rezessive Genotyp (dd) vorliegen. Die Kombination der Farbe Schwarz mit dem Dilute-Phänotyp führt zu einer Blue genannten, grauen Färbung, während die Verdünnung von Orange zur Farbe

Cream führt. Aus Chocolate wird Lilac und aus Cinnamon wird Fawn. Zeichnungen im Fell werden entsprechend ebenso aufgehellt.

Extension

Der E- oder Extension-Lokus beschreibt den Zustand des MC1R-Gens, das eine Veränderung des Typs von Melanin reguliert. Im Wildtyp-Allel (E) werden in pigmentierten Bereichen die von B- und A-Lokus festgelegten Pigmente beibehalten. Im rezessiven Amber-Allel (e) wird die Produktion von braunem Eumelanin in eine gelbe Variante des eigentlich roten Phäomelanins verändert.

Fellfarbe Amber

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Norwegische Waldkatze
Dauer	3 – 5 Werktage

Ausprägung

Katzen mit dem Amber-Genotyp (ee) sind bei der Geburt phänotypisch schwarz, werden aber im Laufe des ersten Lebensjahres immer heller, bis sie schließlich fast bernsteinfarben sind. Dies betrifft ausschließlich die Bereiche des Fells, in dem Eumelanin produziert wird. Fellzeichnungen von Agouti-Tieren werden nur in den dunklen Feldern zu Amber, die hellen Bereiche behalten ihr ursprüngliches Phäomelanin bei. Die Amber-Mutation kommt ausschließlich in der Norwegischen Waldkatze vor.

Fellfarbe Russet

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Burma
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Junge Kitten mit Russet-Färbung zeigen die Farbe und Musterung beinahe identisch zu Tabby Kitten im gleichen Alter und der gleichen Grundfarbe, unabhängig davon, ob der Genotyp Agouti (A-) oder Non-Agouti (aa) ist. Lediglich die Schwanzspitze, die Pfotenballen und der Nasenspiegel sind heller. Wenn die Kitten älter werden, hellen die Bereiche des Fells, in denen Eumelanin produziert wird, vom Kopf her immer weiter auf, bis die ausgewachsene Katze schließlich fast rötlich erscheint. Pfoten und Nasenspiegel verlieren alles Eumelanin und sind letztendlich vollständig rosa.

Fellfarbe Copal

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Kurilen Bobtail
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Eine Mutation im MC1R-Gen (E-Locus) bei der Rasse Kurilen Bobtail bewirkt, dass sich die Fellfarbe von Kitten, die mit brauner Tabby-Fellfarbe mit einem warmen rötlichen Ton geboren wurden, während des ersten Lebensjahres ändert. Eumelanin verschwindet und erwachsene Katzen zeigen ein aprikotfarbenes Fell, das dem roter Katzen sehr ähnlich ist.

White

Der W- oder White-Lokus ist für die phänotypische Ausprägung einer weißen Fellfarbe verantwortlich, die nicht auf Albinismus (siehe C-Lokus) basiert. Dazu gehören die Phänotypen Dominant White (W) sowie White Spotting (w^s). Ursache sind Insertionen des endogenen Retrovirus FERV1 im KIT-Gen. Beide White-Allele sind dominant gegenüber dem normal pigmentierten Wildtyp (w^+).

White Spotting und Dominant White

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Fragmentlängenanalyse (Gel)
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Der White-Spotting-Phänotyp wird durch die vollständige Insertion des FERV1 im KIT-Gen verursacht. Die Größe der weißen Flecken der Katze ist aufgrund der variablen Expressivität des Allels in verschiedenen Abstufungen möglich. Diese reichen von einem nur kleinen weißen Brustfleck bis zu einer vollständigen Weißfärbung, die optisch nicht von einem Dominant-White-Phänotyp zu unterscheiden ist. Der homozygote Genotyp ($w^s w^s$) ist dabei stärker gefleckt als der heterozygote Genotyp ($w^s w^+$).

Dominant White wird durch die Insertion nur eines bestimmten Abschnitts des FERV1 im KIT-Gen hervorgerufen. Das Dominant-White-Allel (W) ist dabei dominant gegenüber White Spotting (w^s) und dem Wildtyp (w^+). Bei allen 3 möglichen Genotypen (WW, Ww^s , Ww^+) tritt in manchen Fällen Taubheit bzw. Schwerhörigkeit als Begleiterscheinung auf. Die Ausprägung der Taubheit ist unvollständig penetrant, sodass heterozygote Tiere nicht zwangsläufig taub sein müssen. Nur beim homozygoten Genotyp (WW) tritt immer eine Form von Taubheit oder zumindest Schwerhörigkeit auf. Die für das W-Allel typische blaue Färbung der Iris ist bei heterozygoten Genotypen ebenfalls unvollständig penetrant.

Haarlänge/Felltyp

Haarlänge - Kurzhaar/Langhaar

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay und Sequenzierung
Rasse	alle Rassen

Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Bei der Katze werden Fellfarbe, Fellzeichnung und Haarstruktur durch die Kombination der Wirkung verschiedener Gene festgelegt. Ein Gen – codierend für den Fibroblastenwachstumsfaktor 5 (FG5) – bestimmt die Haarlänge einer Katze. Die Anlage für Langhaar wird dabei rezessiv vererbt. Bislang konnten vier verschiedene Mutationen im FG5-Gen (M1, M2, M3, M4) identifiziert werden, die mit dem Merkmal „Langhaar“ bei der Katze assoziiert sind. Langhaar-Katzen können zwei Kopien derselben Mutation tragen (homozygot rezessiv) oder zwei verschiedene, jeweils eine auf je einem Chromosom (compound-heterozygot). Drei der bekannten Mutationen sind rassespezifisch, während die vierte bei allen Langhaar-Katzenrassen und deren Kreuzungen vorkommen kann. Laboklin bietet einen Gentest für Langhaar bei der Katze an, bei dem alle 4 bislang bei der Katze bekannten Mutationen nachgewiesen werden können. Es ist theoretisch möglich, dass weitere bislang noch nicht identifizierte Mutationen existieren, die auch mit Langhaarigkeit assoziiert sein können. Folgende Genotypen können mittels des Gentests unterschieden werden:

N/N: Die Katze hat kurzes Haar. Keine der 4 Langhaar-Mutationen konnte nachgewiesen werden. Die Katze kann keine langhaarigen Nachkommen hervorbringen.

N/M1, N/M2, N/M3 oder N/M4: Die Katze hat kurzes Haar und trägt eine Kopie der Langhaar-Mutation. Die Katze kann in Abhängigkeit vom Genotyp des Verpaarungspartners sowohl kurz- als auch langhaarige Nachkommen hervorbringen.

M1/M1, M2/M2, M3/M3 oder M4/M4: Die Katze hat langes Haar und produziert ausschließlich langhaarige Nachkommen, wenn sie mit einem langhaarigen Partner verpaart wird.

M1/M2, M1/M3, M1/M4, M2/M3, M2/M4, M3/M4: Die Katze hat langes Haar und trägt zwei verschiedene Langhaar-Mutationen in heterozygoter Form (compound-heterozygot). Die Katze produziert ausschließlich langhaarige Nachkommen, wenn sie mit einem langhaarigen Partner verpaart wird.

Der Nachweis der „Langhaar-Mutationen“ ist für Kurzhaar-Zuchten von großem Interesse, da aufgrund versteckter „Langhaar“-Träger immer mehr Langhaarkatzen in diesen Zuchten fallen.

Felltyp Sphynx/Devon Rex

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay und Fragmentlängenanalyse
Rasse	Devon Rex, Sphynx

Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Die Haarlosigkeit der Sphynx und das lockige Fell der Devon Rex werden durch zwei unterschiedliche Mutationen im KRT71-Gen verursacht. Beide Mutationen sind rezessiv gegenüber dem Wildtyp, wobei das Hairless-Allel (*hr*) dominant gegenüber dem Curl-Allel (*re*) ist. Somit wird der Felltyp der Devon Rex nur durch den Genotyp *re/re* hervorgerufen. Dem Sphynx-Phänotyp können zwei Genotypen zugrunde liegen, *hr/re* oder *hr/hr*. Heterozygote Träger (*N/hr* oder *N/re*) prägen immer ein normales Fellwachstum aus.

Felltyp Curly bei der Selkirk Rex

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	Sequenzierung
Rasse	Selkirk Rex
Erbgang	autosomal-dominant
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Das lockige Fell der Selkirk Rex wird, ebenso wie das der Devon Rex, durch eine Mutation im KRT71-Gen verursacht. Die Selkirk-Rex-Mutation ist gekennzeichnet durch dicht gekräuseltes Haar und wird im Gegensatz zur Devon-Rex-Mutation (*re*) dominant gegenüber dem Wildtyp vererbt.

3.3 Genetische Blutgruppe

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen außer Europäisch Kurzhaar
Erbgang	siehe Text
Dauer	3 – 5 Werkstage

Ausprägung

Das AB-System ist das vorherrschende Blutgruppensystem bei der Katze. Die häufigsten Blutgruppentypen sind A und B. Katzen mit der Blutgruppe B bilden in hohem Maße Anti-A-Antikörper und Tiere mit der Blutgruppe A besitzen einen geringen Antikörpertiter gegen die Blutgruppe B. Auch ist in einigen Rassen die eher seltene Blutgruppe AB bekannt, die neuerdings auch Blutgruppe C genannt wird. Der Phänotyp AB wird nicht hervorgerufen durch die Kodominanz von A und B. Katzen mit dieser Blutgruppe bilden weder Anti-A- noch Anti-B-Antikörper aus und sind demnach Universalempfänger bei Bluttransfusionen.

Bei einer **Transfusion** von Blut der falschen Blutgruppe kann es zu einer Blutgruppenunverträglichkeit kommen, die häufig tödlich endet. Erste Symptome hierfür sind Atemnot, Erbrechen und Ruhelosigkeit.

Eine weitere, gerade für Züchter wichtige Unverträglichkeitsreaktion ist auch bei der **neonatalen Isoerythroliese** festzustellen. Verpaart man eine Blutgruppe-B-Mutterkatze mit einem Blutgruppe-A-Kater, können Kitten der Blutgruppe A die Anti-A-Antikörper der Mutter durch die Muttermilch aufnehmen. Die resultierende neonatale Isoerythroliese kann zum Tod der Kitten führen.

Die Vererbung der Blutgruppen erfolgt in einem einfachen autosomal-dominanten Erbgang. Dabei ist A dominant gegenüber B. Bei Tieren mit der Blutgruppe AB (auch Blutgruppe C genannt) wird vermutlich die Dominanz von A durch einen bislang unbekannten Faktor unterdrückt.

Die genetische Bestimmung der Blutgruppe bei der Katze erlaubt im Vorfeld von Verpaarungen die genetische Differenzierung der serologisch bestimmten Blutgruppe. So ist es möglich, das rezessive Allel b, welches mit dem Blutgruppentyp B assoziiert ist, zu identifizieren. Katzen mit 2 Kopien des Allels b bilden Blutgruppe B aus. Hinter der Blutgruppe A kann sich genetisch nicht nur ein reinerbiges AA- sondern auch ein mischerbiges Ab-Trägertier verbergen. Zur Abklärung der genetischen Grundlage bei A- und AB-Katzen ist daher die genetische Untersuchung empfohlen.

3.4 Paket LABOGenetics XXL Katze

Sie wollen wissen, was genetisch in Ihrer Katze steckt? Das neue, umfassende Paket LABOGenetics XXL Katze untersucht über 50 genetische Varianten. Sie erhalten Informationen zu Erbkrankheiten, genetischen Risikofaktoren, Fellfarben und zu Fellmerkmalen. Und natürlich darf auch die genetische Blutgruppe Ihres Tieres nicht fehlen, diese ist selbstverständlich auch dabei – und das für Katzen aller Rassen und für Mixe! Sie erhalten die Ergebnisse aufgrund der umfangreichen Testung typischerweise innerhalb von 3 – 4 Wochen. Tipp: Falls Sie schnellere Einblicke wünschen, dann informieren Sie sich über unsere große Auswahl an Einzeltests. Diese können oft mit einer deutlich geringeren Untersuchungszeit angeboten werden.

Das Paket LABOGenetics XXL Katze bietet folgende Vorteile:

Umfassende Testung: Sie erhalten detaillierte Ergebnisse für alle enthaltenen Gen-tests. So erfahren Sie, ob Ihre Katze Anlagen für genetische Krankheiten trägt. Darüber hinaus sind mit diesem Paket Fell- und Farbmerkmale sowie die genetische Blutgruppe abgedeckt.

Universelle Anwendbarkeit: Das Paket ist zu empfehlen für Katzen aller Rassen und auch für Mischlinge, deren genetischer Hintergrund nicht bekannt ist, denn es enthält sowohl rassespezifische als auch rasseübergreifende Tests.

Bonus-Informationen: Auch wenn Sie vor allem an einem speziellen Teil der Tests interessiert sind, gewinnen Sie durch die Wahl dieses Pakets kostenfrei weitere genetische Informationen.

Material	1 ml EDTA-Blut/Spezialabstriche nach Anforderung
Tierart	Katze
Rasse	alle Rassen und deren Mixe
Dauer	2 – 3 Wochen

3.5 DNA-Profil bei der Katze

Ein DNA-Profil ist der genetische Fingerabdruck Ihres Tieres. Es kann nicht manipuliert werden oder verloren gehen, bleibt ein Leben lang unverändert und ermöglicht eine eindeutige Identifizierung des Individuums. Alle DNA-Profile werden in einer DNA-Datenbank gespeichert und gewährleisten so eine kontinuierliche Verfügbarkeit.

DNA-Profil (ISAG 2006) Katze

Das Prinzip des DNA-Profils beruht auf der Untersuchung hochvariabler DNA-Abschnitte (Mikrosatelliten), die sich zwischen den einzelnen Individuen durch ihre Länge voneinander unterscheiden (Längenpolymorphismus). Die Gesamtheit der Mikrosatelliten in Kombination ergibt ein für jedes Individuum unverwechselbares DNA-Profil.

Für die Erstellung eines DNA-Profils wird zunächst aus kernhaltigen Zellen das Erbgut des Tieres, die DNA, isoliert. Anschließend werden mithilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) die zu analysierenden Bereiche der DNA millionenfach vervielfältigt. Die Länge der Mikrosatelliten kann durch eine computergestützte Analyse im „Genetic Analyzer“ bestimmt werden. Aus diesen Daten wird dann eine individuelle reproduzierbare Zahlenformel für jedes Tier erstellt.

Das DNA-Profil ist mit einer Wahrscheinlichkeit von größer als 99,99 % einzigartig. Die einzige Ausnahme hiervon bilden eineiige Mehrlinge. Für die Identifizierung eines Tieres wird dessen DNA-Profil angefertigt und in einer DNA-Datenbank gespeichert.

Zur Erstellung eines DNA-Profiles untersuchen wir die von der „International Society for Animal Genetics (ISAG)“ empfohlenen 17 Mikrosatelliten-Marker. Die erhaltenen DNA-Profil sind international mit den nach den ISAG-Empfehlungen arbeitenden Laboratorien vergleichbar.

Material	1 ml EDTA-Blut/Backenabstrich
Tierart	Katze
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Premium SNP DNA-Profil (ISAG 2020)

Das Premium SNP DNA-Profil ist der genetische Fingerabdruck eines Tieres und erlaubt seine eindeutige Identifizierung. Es bleibt das ganze Leben lang gleich und kann nicht manipuliert werden. Jedes bei uns erstellte DNA-Profil wird in einer DNA-Datenbank gespeichert und steht so dauerhaft zur Verfügung. Das DNA-Profil beinhaltet keine Informationen zu Merkmalen oder zu Krankheiten des Tieres. Das Premium SNP DNA-Profil begutachtet alle von der ISAG empfohlenen SNPs (nummerniert von 001-100). Dabei handelt es sich um Stellen im Genom, an denen jeweils nur zwei mögliche Nukleotide (Grundbausteine der DNA) vorkommen können. Durch die hohe Anzahl der untersuchten SNPs ergeben sich Kombinationen, die für jede Katze einzigartig sind.

Material	1 ml EDTA-Blut/Spezialabstrich
Tierart	Katze
Rasse	alle
Dauer	2 – 3 Wochen

4. Pferd

4.1 Erbkrankheiten beim Pferd

Androgeninsensitivitätssyndrom (AR1)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Sequenzierung
Rasse	Quarter Horse und verwandte Rassen
Erbgang	X-chromosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Das Geschlecht bei Säugetieren wird durch die Chromosomen X und Y bestimmt. Sie sind verantwortlich für zahlreiche Faktoren, die für die Ausprägung der Geschlechtsmerkmale bestimmend sind. Die Rolle von Androgenen ist von entscheidender Bedeutung für die normale männliche Geschlechtsdifferenzierung. Die intrazelluläre androgene Wirkung wird durch den Androgen-Rezeptor (AR) vermittelt. Wenn seine Funktion beeinträchtigt ist, kann die Körperzelle nicht auf das Androgen reagieren. Dies führt zu einer Vielzahl von Syndromen mit schweren klinischen Konsequenzen, insbesondere dem Androgeninsensitivitätssyndrom (AIS): XY- (genetisch männliche) Pferde zeigen einen weiblichen Phänotyp (weibliche äußeren Genitalien) und haben innenliegende Hoden. Diese Pferde zeigen häufig Hengstmanieren, sind aber nicht fortpflanzungsfähig.

Androgeninsensitivitätssyndrom* (AR2, AR3, AR4, AR5)

Material	20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Partnerlabor
Rasse	Tennessee Walking Horse, Vollblut, Warmblut
Erbgang	X-chromosomal-rezessiv
Dauer	4 – 6 Wochen

Erkrankung

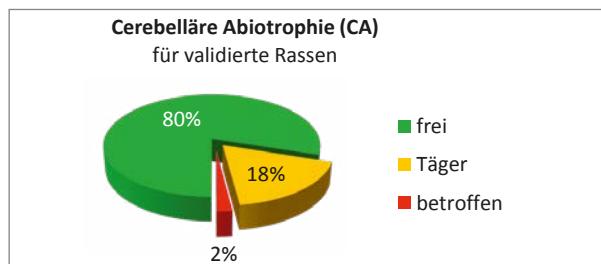
Androgene, männliche Hormone sind für die Ausprägung der männlichen Geschlechtsmerkmale entscheidend. In einer Körperzelle wird die androgene Wirkung durch den Androgen-Rezeptor vermittelt. Wenn seine Funktion beeinträchtigt ist, kann die Körperzelle nicht auf das Androgen reagieren. Dies ist die Ursache für eine Vielzahl von Syndromen mit schweren klinischen Konsequenzen, insbesondere dem Androgenunempfindlichkeitsyndrom bzw. Androgeninsensitivitätssyndrom (AIS): Hierbei prägen genetisch männliche Pferde (mit XY-Chromosomen) eine weibliche äußere Erscheinung mit weiblichen äußeren Genitalien aus und haben innenliegende Hoden (Kryptorchismus). Diese Pferde zeigen als weiteres Krankheitssymptom häufig Hengstmanieren, sind aber nicht fortpflanzungsfähig.

Cerebelläre Abiotrophie (CA)

Material	1 ml EDTA-Blut/ 20 –30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Araber und deren Kreuzungen
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktagen

Erkrankung

Cerebelläre Abiotrophie (CA) ist eine genetisch bedingte, neurologische Erkrankung, die fast ausnahmslos beim Araber auftritt. Betroffene Fohlen werden normalerweise symptomfrei geboren; die Krankheit führt bereits in den ersten Lebenswochen zum Absterben der Neurone im Cerebellum. Daraus resultieren neurologische Ausfallserscheinungen wie z.B. Headshaking, Ataxie und andere Defizite. Die ersten Anzeichen machen sich normalerweise im Alter von 6 Wochen (bis zu 4 Monaten) bemerkbar. Oft werden diese nicht als CA erkannt, sondern für Folgeerscheinungen eines Unfalls/Sturzes o.Ä. gehalten. Die Symptome der CA können in unterschiedlichen Schweregraden auftreten. Manche Fohlen zeigen eine sehr ausgeprägte Symptomatik, wobei am auffälligsten die weit aus-holenden Gänge sowie der fehlende Gleichgewichtssinn sind. Andere wiederum zeigen nur eine schwache Symptomatik, jedoch ist es in den allermeisten Fällen nicht möglich, diese Pferde später zu reiten.



Distichiasis*

Material	20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Partnerlabor
Rasse	Friese
Erbgang	autosomal-rezessiv mit unvollständiger Penetranz
Dauer	4 – 6 Wochen

Erkrankung

Distichiasis ist eine Augenerkrankung, die durch ein abnormales Wachstum der Wimpern an den Rändern der Augenlider gekennzeichnet ist. Diese fehlplatzierten Wimpern können die Hornhaut berühren, was zu Schmerzen und Schädigung der Hornhautober-

fläche führen kann. Distichien wachsen aus den Meibom-Drüsen, welche normalerweise keine Haare aufweisen. Die Funktion der Meibomschen Drüsen besteht darin, den öligem Bestandteil des Tränenfilms zu produzieren.

Diese abnormalen Wimpern können eine Reihe klinischer Anzeichen hervorrufen, darunter übermäßiges Tränen, Schielen, Hornhautgeschwüre oder Hornhautentzündungen und Narbenbildung. Dies kann zu chronischen Reizungen und Augenschmerzen führen, oder wenn Komplikationen durch Hornhautgeschwüre auftreten, können die Schäden am Auge dazu führen, dass das Pferd sein Sehvermögen verliert oder das Auge entfernt werden muss. Bei manchen Pferden treten keine Anzeichen für ein abnormales Wimpernwachstum auf, so dass diese Erkrankung möglicherweise unentdeckt bleibt.

Equine juvenile spinozerebelläre Ataxie (EJSCA)

Material	20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Partnerlabor
Rasse	Quarter Horse
Dauer	4 – 6 Wochen

Erkrankung

Im Jahr 2020 wurde eine neue neurologische Erkrankung bei Fohlen der Rasse American Quarter Horse (QH) identifiziert. Betroffene Fohlen entwickelten zwischen dem 1. und 4. Lebenswoche Ataxie und Koordinationsstörungen. Bei Blutuntersuchungen wurden häufig erhöhte Glukose- und Gamma-Glutamyltransferase-(GGT-)Werte festgestellt. Die meisten Fohlen zeigten eine schwerwiegende Beeinträchtigung der Hintergliedmaßen, während die Vordergliedmaßen weniger stark betroffen waren. Mit Fortschreiten der Krankheit drehten die Fohlen ihre Hinterbeine zur Seite, während die Vorderbeine fest auf dem Boden standen, wodurch sie den Eindruck erweckten, seitwärts zu laufen. Innerhalb weniger Tage waren die betroffenen Fohlen nicht mehr in der Lage, ohne Hilfe zu stehen und mussten eingeschläfert werden. Pathologische Untersuchungen nach dem Tod zeigten auffällige Läsionen im Rückenmark.

Equine maligne Hyperthermie (EMH)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen
Erbgang	autosomal-dominant
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

Bei der equinen malignen Hyperthermie (EMH) stellen sich klinische Zeichen nach Halothan-Narkose oder Succinylcholin-Injektion ein und bestehen aus Hyperthermie ($> 40^{\circ}\text{C}$) und einer metabolischen Azidose. Die Tiere zeigen generalisierte Krämpfe der Skelettmuskulatur, nachfolgend Herzrhythmusstörungen und Nierenfunktionsbeein-

trächtigungen. Alle hiervon betroffenen Tiere waren heterozygot für eine Mutation im Exon 46 des Ryanodin-Rezeptor-Gens der Skelettmuskulatur, d.h. die EMH folgt einem autosomal-dominanten Erbgang. Bei Pferden mit EMH kann eine PSSM-Symptomatik verstärkt werden.

Erbliche Myotonie

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung
Rasse	New Forest Pony
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Erkrankung

Die erbliche Myotonie ist eine Erkrankung der Skelettmuskulatur. Sie wird verursacht von einer Mutation im CLCN1-Gen, die für die Funktion der Chlorid-Kanäle im Muskel verantwortlich ist. Die ersten Symptome der Krankheit treten bereits im Alter von wenigen Wochen auf. Die Fohlen haben einen steifen, staksigen Gang, liegen viel und haben nach längerer Liegezeit erhebliche Schwierigkeiten, wieder auf die Beine zu kommen. Es ist meist nicht möglich, die Hufe einzeln anzuheben, die Fohlen verlieren sehr schnell das Gleichgewicht. Aufgrund der Myotonie kann auch der Augapfel weit in die Augenhöhle zurückgezogen sein.

Foal Immunodeficiency Syndrome (FIS)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Sequenzierung
Rasse	Dales Pony, Fell Pony
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Das Foal Immunodeficiency Syndrome ist eine erblich bedingte Erkrankung, die bislang nur beim Fell Pony und Dales Pony nachgewiesen wurde. Fohlen mit FIS kommen augenscheinlich gesund zur Welt, entwickeln aber bereits mit wenigen Wochen aufgrund des fehlenden Immunschutzes eine Reihe von Erkrankungen, insbesondere Lungenentzündung und Durchfall. Die Fohlen leiden auch an einer schweren progressiven Anämie. Die Infektionen sind meist nicht behandelbar und so sterben die Tiere in der Regel spätestens im Alter von 3 Monaten.

Glycogen-Branching-Enzym-Defizienz (GBED)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Appaloosa, Paint Horse, Quarter Horse und verwandte Rassen

Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktagen

Erkrankung

Betroffenen Fohlen fehlt das GBE, ein Enzym, das zur regulären Glykogen-Synthese und -Lagerung benötigt wird. Die hauptsächlich davon abhängigen Gewebe sind die Skelettmuskulatur, der Herzmuskel sowie das Gehirn. Klinisch äußert sich GBED durch:

- Aborte, Totgeburten oder die Geburt lebensschwacher Fohlen
- plötzlicher Herztod – v. a. auf der Weide – oder Tod durch Anfallserkrankung
- hohe Atemfrequenz durch Schwächung der Atemmuskulatur
- generelle Schwäche, v. a. beim Aufstehen

Soweit bekannt wurden bisher alle betroffenen Tiere euthanasiert oder sie starben bis zum Alter von max. 18 Wochen. Bis vor kurzem wurde GBED als Krankheit nicht erkannt, v.a. auch aufgrund der vielfältigen klinischen Symptome, die anderen Fohlenerkrankungen sehr ähneln. Darüber hinaus konnten Routine-Färbungen von Muskelgewebe die Erkrankung auch post mortem nicht aufdecken. Seit die Molekularbiologie einen genetischen Defekt nachweisen und einen Gentest zur Verfügung stellen konnte, zeigen epidemiologische Untersuchungen, dass die Frequenz der Mutation beim Quarter Horse (QH), Paint Horse und verwandten Blutlinien bei ca. 10 % liegt; es wird vermutet, dass GBED für mindestens 3 % der QH-Aborte verantwortlich ist.

Hereditäre equine regionale dermale Asthenie (HERDA)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Appaloosa, Paint Horse, Quarter Horse und verwandte Rassen
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktagen

Erkrankung

Hereditary Equine Regional Dermal Asthenia (HERDA) ist eine degenerative Hauterkrankung, die QH-Zuchten betrifft. Innerhalb der Population liegt die Träger-Frequenz der autosomal-rezessiv vererbten Erkrankung bei ca. 1,8 – 6,5 %. Fohlen werden normalerweise symptomfrei geboren; Hautareale, die später Läsionen entwickeln, sind fokal und uneinheitlich über den Körper verteilt. Hauptsächlich betroffen ist allerdings die Rückenpartie und folgerichtig wird die Erkrankung oft erst entdeckt, wenn die Pferde „unter den Sattel“ kommen – mit ca. 2 Jahren. Die Haut der betroffenen Pferde ist extrem überdehnbar, narbig und weist oft schwere Läsionen auf. Histologische Untersuchungen können vereinzelt Hinweise auf die Erkrankung geben, diese aber nicht diagnostizieren.

Hoof Wall Separation Disease (HWSD)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	TaqMan SNP Assay

Rasse	American Miniature Horse, Connemara Pony, Deutsches Reitpony
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktagen

Erkrankung

Die Hoof Wall Separation Disease ist gekennzeichnet durch eine sehr instabile Hufwand, die ohne besondere Belastung reißen und brechen kann. Der Kronrand ist meist unauffällig. Die Symptome treten bereits in den ersten Lebenswochen auf und können unterschiedlich schwer ausfallen. Meist sind diese Pferde jedoch später nicht reitbar.

Hydrocephalus

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Sequenzierung
Rasse	Friese
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Hydrocephalus beim Friesen ist eine Entwicklungsstörung, die oft zu einem komplizierten Geburtsverlauf und Totgeburten der betroffenen Fohlen führt. Hydrocephalus (aus dem Griechischen „Hydro“ = „Wasser“ und „Kephalos“ = „Kopf“) bezeichnet eine abnormale Ansammlung von Liquor im Gehirn. Dies führt zu einem erhöhten intrakraniellen Druck und kann zur schrittweisen Erweiterung des Kopfes führen.

Die Erkrankung ist auch mit Störungen beim Geburtsvorgang in Verbindung gebracht worden und kann schließlich zu tödlichen Komplikationen für die Stute bei der Geburt führen. Betroffene Fohlen werden oft tot geboren oder bei der Geburt eingeschläfert, um die Geburt zu erleichtern.

Der Hydrocephalus beim Friesen wird verursacht von einer Mutation im B3GALNT2-Gen, welche autosomal-rezessiv vererbt wird.

Hyperkaliämische periodische Paralyse (HYPP)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Appaloosa, Paint Horse, Quarter Horse und verwandte Rassen
Erbgang	autosomal-dominant
Dauer	3 – 5 Werktagen

Erkrankung

Betroffen von der „Hypercalcemic Periodic Paralysis“ (HYPP) sind Quarter Horse (QH), Paint Horse, Appaloosa und andere Blutlinien, die vom QH-Hengst „Impressive“ abstammen. Die Pferde sind meist sehr gut bemuskelt und können zwischen Episoden klinischer Erkrankung höchst erfolgreiche Show-/Sportpferde sein. Das vorherrschende

klinische Symptom ist allgemein Schwäche; Muskelkrämpfe und Faszikulationen können auftreten. Dabei kann die Ausprägung der klinischen Zeichen von subklinisch bis schwerwiegend reichen. Lebensbedrohliche Komplikationen sind Herzarrhythmien (sekundär zur Hyperkaliämie) sowie Erstickungsgefahr durch Laryngospasmus. Labordiagnostisch lässt sich bei Vorliegen klinischer Symptome eine Hyperkaliämie nachweisen; die Muskelwerte liegen meist im Referenzbereich oder leicht darüber.

Die ersten Krankheitsepisoden werden häufig im Alter von 3 – 7 Jahren beobachtet. Im Gegensatz zum Kreuzverschlag, der immer mit einer Bewegung des Pferdes verbunden ist, tritt HYPP üblicherweise nicht in Verbindung mit dem Arbeiten des Pferde auf, sondern während Ruhphasen, zur Fütterungszeit oder in Stresssituationen (Transport, Futtermittelwechsel, Fasten); auch Stehphasen und eine kaliumreiche Diät können klinische Symptome auslösen.

Idiopathic hypocalcaemia

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Sequenzierung
Rasse	Englisches Vollblut
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Ein letales hypokalzämisches Syndrom (idiopathic hypocalcaemia) wurde 1997 für Vollblutfohlen beschrieben. Die betroffenen Fohlen leiden innerhalb der ersten Lebenswochen aufgrund von Kalziummangel im Blut an Muskelkrämpfen und Krampfanfällen. Weitere Symptome können ein steifer Gang und vermehrtes Schwitzen sein. Die Fohlen verstarben innerhalb weniger Wochen bzw. wurden aufgrund der schlechten Prognose euthanasiert.

Im Blutbild zeigt sich neben dem Kalziummangel auch ein Magnesiummangel und ein erhöhter Phosphatspiegel. Das Parathormon (PTH), das von der Nebenschilddrüse gebildet wird, steigt normal bei Kalziummangel an. Bei den betroffenen Fohlen konnte jedoch keine erhöhte PTH-Konzentration festgestellt werden.

Im Jahr 2020 konnte die genetische Ursache, die dem Kalziummangel zugrunde liegt, beschrieben werden. Eine Genvariante im RAPGEF5-Gen wird mit einer Unterfunktion der Nebenschilddrüse (Hypoparathyreoidismus) assoziiert. Diese Unterfunktion bewirkt wiederum eine verminderte PTH-Produktion, was den Kalziummangel verursacht.

Es handelt sich hierbei um eine rezessive Erbkrankheit, d.h. nur Tiere, die zwei Kopien der krankheitsauslösenden Genvariante tragen, zeigen Symptome.

Die Genvariante ist bisher nur beim Englischen Vollblut beschrieben. Da dieses aber in der Zucht zur Veredelung anderer Rassen eingesetzt wird, ist eine weitere Verbreitung nicht ausgeschlossen.

Immune Mediated Myositis & MYH1 Myopathy (MYHM)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Sequenzierung
Rasse	Appaloosa, Paint Horse, Quarter Horse und verwandte Rassen
Erbgang	autosomal-dominant mit variabler Penetranz
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Bei der immunvermittelten Myositis (IMM) handelt es sich um eine muskuläre Autoimmunerkrankung. Diese kann zu einer schweren Muskelatrophie führen, bei der das Pferd innerhalb von 72 Stunden bis zu 40 % der Muskelmasse verliert. Die IMM ist durch Infiltration von Entzündungszellen, insbesondere Lymphozyten, in Muskelfasern und umgebende Blutgefäße gekennzeichnet, die sich in Steifigkeit, Schwäche und unspezifischem Unwohlsein äußert. Von Symptomen betroffene Pferde sind in der Regel 8 Jahre und jünger oder 17 Jahre und älter. Umweltfaktoren in Kombination mit genetischer Anfälligkeit sind wichtige Auslöser für die Entwicklung von Muskelatrophie oder schwerer Rhabdomyolyse. Etwa 39 % der IMM-Pferde leiden bereits seit Längerem an einem auslösenden Faktor wie z.B. einer Infektion mit Streptococcus equi subsp. equi oder EHV4. Eine Variante im MYH1-Gen, die die Funktion des Myosinproteins in Muskelzellen hemmt, ist mit einer erhöhten Anfälligkeit für die Entwicklung von IMM assoziiert. Eine weitere klinische Präsentation der MYH1-Variante bei jungen Quarter Horses ist eine schwere, plötzliche Muskelschädigung, die nicht mit körperlicher Aktivität und nicht unbedingt mit Muskelschwund einhergeht (nicht-belastungsabhängige Rhabdomyolyse). IMM und die nicht-belastungsabhängige Rhabdomyolyse gehören zur Gruppe der Muskelerkrankungen, die als MYH1 Myopathie (MYHM) bekannt ist. Der Erbgang für MYHM ist autosomal-dominant mit variabler Penetranz, was bedeutet, dass nicht alle Pferde, die ein (Genotyp N/My) oder zwei Allele (Genotyp My/My) der Genvariante haben, IMM oder die nicht-belastungsabhängige Rhabdomyolyse entwickeln. Pferde mit zwei Kopien (My/My) können stärker betroffen sein.

Junctional Epidermolysis Bullosa (JEB1)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Sequenzierung
Rasse	Belgisches Kaltblut
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

JEB (Junctional Epidermolysis Bullosa) ist eine tödliche Hauterkrankung, beim Menschen auch unter dem Namen Herlitz-Defekt bekannt. Betroffene Fohlen verlieren kurz nach der Geburt Hautteile am Kopf, Hals und Rumpf. Auch das Hufhorn löst sich von der Huflederhaut ab. Dieser Erbdefekt ist bisher eindeutig nur beim Belgischen Kaltblut und seinen Kreuzungen aufgetreten. Es gibt jedoch Hinweise auch bei anderen Rassen in den USA und Europa.

Junctional Epidermolysis Bullosa* (JEB2)

Material	20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Partnerlabor
Rasse	American Saddlebred
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	4 – 6 Wochen

Erkrankung

JEB (Junctional Epidermolysis Bullosa) ist eine tödliche Hauterkrankung beim Pferd. Beim Menschen ist sie auch unter dem Namen Herlitz-Defekt bekannt. Betroffene Fohlen verlieren kurz nach der Geburt Hautteile an Kopf, Hals und Rumpf. Ein weiteres Symptom ist das Ablösen von Hufhorn von der Huflederhaut. Der Zustand verschlechtert sich mit der Zeit und das Fohlen erliegt schließlich einer schweren Sekundärinfektion oder muss eingeschläfert werden.

Lavender Foal Syndrome (LFS)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Araber und deren Kreuzungen
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktage

Erkrankung

Das Lavender Foal Syndrome (LFS) ist ein autosomal-rezessiv vererbter Defekt, der bei einer Untergruppe des Arabischen Vollbluts, dem Ägyptischen Araber, auftritt. Betroffene Fohlen zeigen eine Reihe neurologischer Symptome, u.a. krampfartige Anfälle, Opisthotonus oder Nystagmus. Sie sind meist nicht in der Lage selbstständig zu stehen und bei der Mutter zu trinken und werden, falls sie nicht direkt nach der Geburt sterben, meist euthanasiert. Der Name „Lavender Foal Syndrome“ beruht darauf, dass das ursächliche Gen für LFS gekoppelt mit einem anderen Gen vorliegt, welches für den Farbverdünnungsfaktor „Lavendel“ verantwortlich ist. Daher haben diese Fohlen meist die charakteristische „Lavender“-Farbe.

Achtung: Nicht jedes lavender geborene Fohlen ist (homozygoter) Merkmalsträger.

Nachtblindheit* (CSNB2)

Material	20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Partnerlabor
Rasse	Missouri Foxtrotter, Tennessee Walking Horse, Traber
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	4 – 6 Wochen

Erkrankung

Die angeborene stationäre Nachtblindheit (CSNB) ist eine erbliche Erkrankung, bei der die betroffenen Pferde bei schlechten Lichtverhältnissen oder Dunkelheit nicht sehen können. Pferde mit CSNB werden mit dieser Erkrankung geboren und sie ist nicht progressiv (sie verschlimmert sich mit zunehmendem Alter nicht). Einige typische Anzeichen für CSNB sind die Furcht vor unbekannten Orten bei Dunkelheit, Schwierigkeiten nachts Futter- oder Wassereimer zu finden, oder nächtliche Verletzungen. Oft wird CSNB bei Pferden vom Besitzer nicht entdeckt. Mittels dunkeladaptierten Elektroretinographie-Tests (ERG) kann CSNB diagnostiziert werden.

Ähnlich wie bei Menschen und anderen Tieren gibt es wahrscheinlich mehrere verschiedene Gene, die zu dieser Krankheit bei Pferden beitragen, und diese Gene sind wahrscheinlich rassespezifisch. Basierend auf dem Populationsscreening wird geschätzt, dass eines von hundert Tennessee Walking Horses homozygot für diese Variante ist und daher wahrscheinlich nachtblind ist. Diese Pferde sollten tierärztlich untersucht werden, um die Diagnose zu bestätigen und Behandlungsstrategien zu besprechen.

Im Rahmen einer im Jahr 2023 veröffentlichten Studie konnte das CSNB2-Allel in weiteren Pferderassen nachgewiesen werden. Die höchsten Allelhäufigkeiten wurden beim Traber (pacing Standardbred) (17 %; erwartungsgemäß 3 % betroffen) und beim Missouri Foxtrotter (8,4 %; erwartungsgemäß 0,71 % betroffen) gefunden.

Naked Foal Syndrome (NFS)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Sequenzierung
Rasse	Achal-Tekkiner
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Das Naked Foal Syndrome beim Achal-Tekkiner ist eine Genodermatose, bei der die Fohlen fast vollständig ohne Haare zur Welt kommen. Sie zeigen eine milde Form von Ichthyose und sterben zumeist in den ersten Tagen oder Wochen nach der Geburt. Der Grund für den frühen Tod ist bislang unbekannt, nur wenige Pferde wurden bis zu 2,5 Jahre alt. Die ersten Beschreibungen von haarlosen Fohlen beim Achal-Tekkiner gehen zurück bis 1938, seitdem nimmt die Zahl der betroffenen Tiere stetig zu. Viele Fohlen mit NFS wurden vermutlich als Totgeburten oder gar nicht registriert.

Occipitoatlantoaxial Malformation* (OAAM)

Material	20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Partnerlabor
Rasse	Araber
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	4 – 6 Wochen

Erkrankung

Die Occipitoatlantoaxial Malformation (OAAM) ist eine Fehlbildung der Schädelbasis (Okziput) sowie des ersten Halswirbels (Atlas) und des zweiten Halswirbels (Axis). Die aus der abnormen Struktur resultierende Kompression des Rückenmarks kann neurologische Symptome verursachen. Betroffene Pferde zeigen eine abnorme Kopf-Hals-haltung und Widerwillen den Hals zu bewegen. Die klinischen Anzeichen reichen von einer Schwäche der Gliedmaßen bis hin zur fortgeschrittenen Ataxie.

OAAM wird bei arabischen Pferden als autosomal-rezessiver Gendefekt vererbt. Es scheinen mehrere Mutationen ursächlich zu sein. Eine dieser Varianten wurde von Forschern der School of Veterinary Medicine, University of California, Davis, identifiziert. Diese Variante, die mit einer Form von OAAM bei Arabern in Verbindung gebracht wird, besteht aus einer großen Deletion im Homeobox-Gencluster (HOX). Weitere genetische Grundlagen anderer Formen von OAAM sind Gegenstand aktueller Forschung.

Ocular Squamous Cell Carcinoma (SCC)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Sequenzierung
Rasse	Belgisches Kaltblut, Haflinger
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Das Plattenepithelkarzinom (SCC) ist die zweithäufigste Tumorart des Pferdes und der häufigste Tumor des Pferdeauges. Zu den Faktoren, von denen man annimmt, dass sie das Risiko für SCC erhöhen, gehören UV-Exposition, Pigmentierung und genetische Faktoren. Als Risikofaktor für die Entwicklung eines SCC wurde eine Variante im DDB2-Gen beim Haflinger und verwandten Rassen nachgewiesen.

Bei der Entstehung am Limbus kann sich SCC in die Hornhaut ausbreiten und schnell zu einer Sehbeeinträchtigung und Zerstörung des Auges führen. Pferde, die homozygot (R/R) für den Risikofaktor sind, entwickeln 5,6-mal (Haflinger) oder 4-mal (Belgisches Kaltblut) häufiger ein SCC als solche mit einer Kopie (R/N) oder keiner Kopie (N/N) des Risikofaktors. Dieser Risikofaktor erklärt nicht alle Fälle von okulärem SCC, scheint aber beim Haflinger und Belgischen Kaltblut einen wesentlichen Beitrag zu leisten.

Bei homozygoten Pferden (R/R) wird geraten, routinemäßige Augenuntersuchungen zur Früherkennung und besseren Prognose durchzuführen und eine UV-schützende Fliegenmaske während der Tageslichtstunden zu tragen.

Polysaccharid-Speicher-Myopathie Typ 1 (PSSM)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen
Erbgang	autosomal-dominant
Dauer	3 – 5 Werkstage

Erkrankung

PSSM ist eine das Pferd schwächende bis möglicherweise lebensgefährdende Glykogen-Speicher-Krankheit, die in verschiedenen Pferdezuchten verbreitet ist. Betroffen sind v.a. Quarter Horse, Paint Horse, Appaloosa, aber auch Zugpferde sowie Warmblüter, Ponys und Kreuzungen aller Genannten.

Gekennzeichnet ist die Erkrankung durch die Anhäufung abnormaler Polysaccharide, wie auch durch die übermäßige Anhäufung normaler Zucker im Muskel. Die klinischen Symptome sind „kreuzverschlagähnlich“ und umfassen die gesamte Bandbreite von Bewegungsunlust, Muskeltremor, Muskelsteifheit, Schwitzen, wechselnde Lahmheiten, Ausstrecken der Hinterbeine bis hin zur Bewegungsunfähigkeit. Die Episoden beginnen meistens nach 10 – 20 Minuten leichter Arbeit. Die Muskeln der v. a. betroffenen Hinterhand sind oft hart und schmerzen. Viele Pferde haben eine Vorgeschichte wiederholter Phasen von Muskelproblemen. Bei ausgeprägter Symptomatik kann es zur Myoglobinurie und evtl. daraus resultierenden Nierenproblemen kommen. Insgesamt wird PSSM für einen Großteil der neuromuskulären Erkrankungen in den betroffenen Zuchten verantwortlich gemacht.

Schwere kombinierte Immundefizienz (SCID)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	Araber
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

SCID beim Araber ist gekennzeichnet durch das Fehlen von B- und T-Lymphozyten. Die Erkrankung wird durch eine Deletion im Gen, das für die DNA-abhängige Protein-Kinase codiert, verursacht. Aufgrund des fehlenden Immunschutzes entwickeln betroffene Araber-Fohlen etwa im Alter von 10 Tagen (in Ausnahmefällen mit 2 Monaten) eine Reihe von Erkrankungen, insbesondere Lungenentzündung und Durchfall. In der Regel sterben die Tiere etwa im Alter von 5 Monaten an Infektionen mit opportunistischen Keimen.

Skelettatavismus (SA)

Material	20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Partnerlabor
Rasse	American Miniature Horse, Shetlandpony
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	4 – 6 Wochen

Erkrankung

Skelettatavismus ist ein vererbbarer Defekt der Knochenentwicklung, der beim Shetlandpony und American Miniature Horse auftritt. Er ist dadurch gekennzeichnet, dass die Elle und das Wadenbein zu lang wachsen und nicht mit der Speiche und dem

Schienbein verwachsen, was zu einer anormalen Entwicklung der Gliedmaßen führt. Der Defekt betrifft sowohl die vorderen als auch die hinteren Gliedmaßen. Dies resultiert in schweren Winkelanomalien und Verformungen des Karpalgelenks und des Sprunggelenks. Pferde mit Skelettatavismus weisen typischerweise kurze Beine, eine niedrige rechteckige Körperform, normale Gliedmaßenstellung und Bewegungsstörungen auf. Die Winkel der Beine und das Bewegungsmuster verschlechtern sich mit zunehmendem Alter des Fohls, und in den meisten Fällen muss das Pferd innerhalb von sechs Monaten eingeschläfert werden.

Ein schwedisches Forscherteam hat zwei unabhängige, sich überschneidende Regionen im SHOX-Gen identifiziert, in denen bei den betroffenen Ponys DNA-Sequenzen verloren gegangen sind (Deletionen). Die Deletionen (Del1 und Del2) sind unterschiedlich groß, wobei die größere Deletion (Del1) bei Ponys häufiger vorkommt. Es wird geschätzt, dass etwa 12 % der Shetlandponys Träger sind.

Tödlicher weißer Overodefekt (OLWS)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Appaloosa, Paint Horse, Quarter Horse
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktagen

Erkrankung

Der tödliche weiße Overodefekt (Overo Lethal White Syndrome, OLWS) ist ein autosomal-rezessiv vererbter, letaler Defekt, der hauptsächlich bei Verpaarung von Overo-gescheckten Paint Horses auftritt. Träger der Mutation am Endothelin-B-Rezeptor-Gen können aber auch Miniaturpferde, Araberkreuzungen, Vollblüter, Quarter Horse, Mustangs sowie nicht typisch gezeichnete Tobiano Paint Horses sein. Betroffene Fohlen werden völlig weiß geboren und weisen eine intestinale Agangliose (Fehlen von Nervenzellen in der Darmwand) auf. Aufgrund des resultierenden funktionalen Ileus (Darmverschluss) entwickeln die Fohlen schwere Koliken und sterben meist nach 24 – 48 Stunden.

Achtung: Nicht jedes weiß geborene Fohlen der in Frage kommenden Rassen ist (homozygoter) Merkmalsträger.

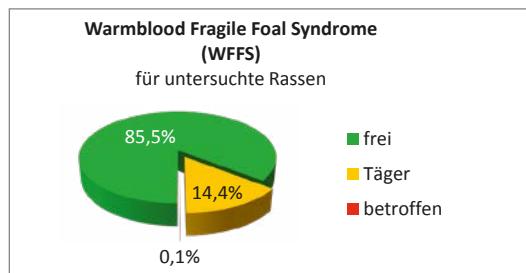
Warmblood Fragile Foal Syndrome (WFFS)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Appaloosa, Englisches Vollblut, Haflinger, Mustang, Paint Horse, Quarter Horse, Warmblut Pferde
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	3 – 5 Werktagen

Erkrankung

Das Warmblood Fragile Foal Syndrome (WFFS) ist eine erbliche Bindegewebsschwäche, die sich bereits direkt nach der Geburt des Fohlens bemerkbar macht. Die Symptome sind vergleichbar mit dem Ehlers-Danlos-Syndrom beim Menschen. Die Haut ist extrem brüchig und reißt schon bei leichten Berührungen. Neben zahlreichen Verletzungen am ganzen Körper und Umfangsvermehrungen an den Gelenken (Gelenkhydrops) können auch das Zahnfleisch und die Schleimhäute betroffen sein. Die Gelenke sind überstreckbar, am deutlichsten ist dies bei den Fesselgelenken zu sehen. Betroffene Fohlen können daher meist nicht normal stehen. Aufgrund der schlechten Prognose werden Fohlen mit WFFS kurz nach der Geburt euthanasiert. Nicht alle Fohlen kommen nach der normalen Trächtigkeit zur Welt, auch Frühgeburten und Aborte aufgrund von WFFS sind bekannt.

Die für WFFS verantwortliche Mutation wurde von der Arbeitsgruppe um Dr. Nena J. Winand an der Cornell University gefunden. Laboklin konnte die exklusive Lizenz für den WFFS-Gentest erwerben und besitzt somit das alleinige Untersuchungsrecht in Europa.



Zwergwuchs

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Sequenzierung
Rasse	Friese
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Zwergwuchs beim Friesen ist gekennzeichnet durch Wachstumshemmung der Rippen und Gliedmaßen, während Kopf und Rücken normal erscheinen. Auffallend sind dabei die weit überstreckbaren Fesselgelenke. Die Beugesehne zieht sich mit fortschreitendem Alter der Fohlen nicht wie üblich zusammen, sondern dehnt sich weiter aus. Folglich entwickeln die „Zwergen“ ein ungewöhnliches Gangbild mit extremer Rotation in Vorderfußwurzel- und Sprunggelenk. Der Kopf ist bei ausgewachsenen „Zwergen“ genauso groß wie bei gesunden Tieren, die Brust ist breiter als normal mit einer Verengung an der costochondralen Verbindung (Th 10 – 16). Der Rücken erscheint unverhältnismäßig

lang, die Beine hingegen sind stark verkürzt. Der Bauch ist meist rundlich, die Muskeln am ganzen Körper sind nur schwach entwickelt.

Der Zwergwuchs beim Friesen wird verursacht von einer Mutation im B4GALT7-Gen, welche autosomal-rezessiv vererbt wird.

Zwergwuchs (ACAN, Chondrodysplasie)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Sequenzierung
Rasse	Miniature Horse, Shetlandpony
Erbgang	siehe Text
Dauer	1 – 2 Wochen

Erkrankung

Der Zwergwuchs tritt am häufigsten bei Shetlandponys sowie Miniaturpferden auf. Phänotypische Merkmale dieser Erbkrankheit sind Atemprobleme durch eine Gaumenspalte, deformierte Mäuler, eine abnormale Beinlänge und gebeugte Vorderbeine, ein unproportional großer Kopf und kurzer Hals, hervorgequollene Augen, abdominale Hernien sowie ein verkürzter Brustkorb. Infolgedessen sind betroffene Tiere oft nicht lebensfähig oder müssen aufgrund der schlechten Lebensqualität euthanasiert werden. Eine Mutation im ACAN-Gen ist verantwortlich für diese Form des Zwergwuchses. Bisher sind 4 unterschiedliche Mutationen bekannt, welche die autosomal-rezessiv vererbare Krankheit auslösen. Diese werden mit D1, D2, D3 und D4 bezeichnet und können auch kombiniert heterozygot krankheitsauslösend sein. Kombiniert heterozygote Variationen zusammen mit der D1-Variante (außer N/D1) sind sehr schädlich und führen oft zum Tod des Pferdes. Eine Kombination mit der D2-Variante wird als die mildeste Form des Zwergwuchses eingestuft.

4.2 Fellfarbe und Haarstruktur beim Pferd

Fellfarbe

Pferde besitzen zwei Hauptpigmenttypen für die Fellfarbe. Die Grundfarben sind entweder dunkel (schwarz oder braun) oder rot. Die reichen Farbvariationen zwischen den einzelnen Pferderassen sind durch Gene festgelegt, die die Menge, die Stärke und die Verteilung zwischen diesen zwei Pigmenten kontrollieren.

Agouti (Braun/Rappe)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 –30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Die Verteilung des schwarzen Pigments wird vom Agouti (A)-Lokus gesteuert. Bei fuchsfarbenen Pferden spielt dieses Gen keine Rolle bei der Fellfarbe. Eine braune oder schwarze Fellfarbe kann nur entstehen, wenn das Pferd entweder kein Anlageträger (E/E) oder nur Anlageträger für Fuchsfarben (E/e) ist. Ob das Pferd dann die Rappfarbung aufweist oder braun wird, ist abhängig vom Agouti-Gen. Liegt hier das rezessive Allel homozygot (a/a) vor, entsteht ein Rappe. Andernfalls (Anlageträger: A/a oder kein Anlageträger: A/A) ist das Fell braun mit schwarzer Mähne und Schweif. Man muss bei dem Agouti-Gen vor allem die Vererbung des bei Füchsen „versteckten“ Merkmals beachten.

Allelkombination	Agouti A/A	Agouti A/a	Agouti a/a
Extension E/E	Brauner	Brauner	Rappe
Extension E/e	Brauner	Brauner	Rappe
Extension e/e	Fuchs	Fuchs	Fuchs

Appaloosa Pattern 1 (PATN1)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen
Dauer	3 – 5 Werktage

Ausprägung

Während das LP-Gen (Leopard-Komplex) verantwortlich ist für verschiedene weiße Pattern, beeinflusst das PATN1-Gen die Größe und Verteilung der Weißanteile. Eine

Mutation im PATN1-Gen ist assoziiert mit einem erhöhten Weißanteil bei Leopard-gemusterten Pferden. Bei Pferden, die heterozygot für LP sind (LP/lp), verursacht die PATN1-Mutation in den meisten Fällen die Ausprägung eines Volltigers. Bei Pferden, die homozygot für LP sind (LP/LP), entstehen meist few-spot Leoparden. Die PATN1-Mutation kommt häufig in Rassen mit Leopard vor, unter anderem beim Appaloosa, British Spotted Pony, American Miniature Horse und Knabstrupper. Sie wurde auch in anderen Rassen nachgewiesen, hat aber ohne das LP-Gen keinen Einfluss auf den Phänotyp.

Brindle 1

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methoden	Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Der Phänotyp „Brindle“ weist unregelmäßige vertikale Streifen im Körperhaar entlang von Hals, Rücken und Hinterhand auf.

Für diese spezifische Form der Stromung wurde der Begriff „Brindle 1 (BR1)“ definiert. Bei einigen BR1-Pferden sind die Streifen unterschiedlich pigmentiert, fast immer wachsen die Mähne und der Schwanz nur sehr spärlich.

BR1 wird X-chromosomal semidominant vererbt. Der typische BR1-Phänotyp mit einem gestromten Körperfell ist nur bei weiblichen heterozygoten Tieren (Genotyp X(N)/X(BR1)) zu sehen. Homozygote weibliche Tiere (Genotyp X(BR1)/X(BR1)) und hemizygote männliche Tiere (Genotyp X(BR1)/Y) zeigen einen einfarbigen Phänotyp, jedoch immer mit spärlichem Behang.

Camarillo White W4 *

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methoden	Partnerlabor
Rasse	alle Rassen
Dauer	4 – 6 Wochen

Ausprägung

Bei der Mutation W4 im KIT-Gen handelt es sich um eine Mutation, die zurückgeht auf den Hengst „Sultan“. Dieser wurde 1912 geboren und von Adolfo Camarillo zur Zucht mit Morgan Horses eingesetzt. Diese sehr erfolgreichen weißen Pferde wurden bis 1987 von der Familie Camarillo gezüchtet, bevor sie bei einer Auktion in alle Welt verkauft wurden. Mit dem Gentest kann der Züchter, der diese Farbe züchten möchte, herausfinden, ob ein Pferd, das von Sultan abstammt und selbst nur wenige weiße Abzeichen hat, die Mutation vererben kann.

Der Genotyp W4/W4 konnte bislang nicht nachgewiesen werden. Dies deutet darauf hin, dass homozygote Pferde nicht lebensfähig sind.

Champagne

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen
Dauer	3 – 5 Werktage

Ausprägung

Ebenso wie das Cream-Gen verursacht das Champagne-Gen eine Aufhellung der Grundfarbe. Es wird dominant vererbt, wobei heterozygote Träger (Genotyp CH/ch) von homozygoten (Genotyp CH/CH) phänotypisch kaum zu unterscheiden sind. Die Grundfarbe Fuchs wird zu „Gold-Champagne“, Braun wird zu „Amber-Champagne“, Schwarz wird zu „Classic-Champagne“ aufgehellt. Pferde der Farbe Champagne werden mit rosa Haut geboren, die innerhalb der ersten Lebenstage dunkle Punkte bekommt. Die Augen sind meist blau, werden aber im Laufe der Jahre dunkler.

Cream

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen
Dauer	3 – 5 Werktage

Ausprägung

Ein weiteres Gen, MATP, verursacht die unterschiedlichen Cream-Färbungen des Pferdefells. Je nach Grundfarbe, die von den Genen des E- und A-Lokus bestimmt werden, entstehen durch dieses Gen folgende Farbschattierungen: Nicht-Anlageträger (cr/cr) besitzen die Grundfarben Fuchsfarben, Braun oder Rappe. Fuchsfarbene Anlageträger (e/e; CR/cr) werden Palomino (Isabell), fuchsfarbene homozygote Träger (e/e; CR/CR) werden Cremello. Braune Anlageträger (E/e oder E/E; A/A oder A/a; CR/cr) werden erdfarben, braune homozygote Träger (E/e oder E/E; A/A oder A/a; CR/CR) werden Perlino. Schwarze Anlageträger (E/e oder E/E; a/a; CR/cr) werden erdbrun, schwarze homozygote Träger (E/e oder E/E; a/a; CR/CR) werden erdfarben (Smoky Cream). Wir weisen spezifisch eine Mutation im MATP-Gen nach, die für die beschriebenen Cream-Farben verantwortlich ist. Andere Gene oder Mutationen, die ähnlich erscheinende Fellfarben verursachen, werden mit diesem Test nicht nachgewiesen.

Dominant White W5, W10, W13, W20, W22*

Material	20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Partnerlabor
Rasse	alle Rassen
Dauer	4 – 6 Wochen

Ausprägung

Das KIT-Gen hat eine entscheidende Funktion für die Entwicklung vieler Zelltypen, darunter Blut- und Pigmentzellen (Melanozyten). Mutationen, die die normale Funktion des KIT-Proteins beeinträchtigen, führen häufig zu einem Mangel an Melanozyten in Haut und Haarfollikeln, was bei Pferden zu einer weißen Musterung führt, die als dominantes Weiß bezeichnet wird. Die dominante weiße Zeichnung ist variabel und reicht von ausgedehnten Gesichts- und Beinzeichnungen mit oder ohne minimale Sabino-ähnliche Muster, einschließlich Roaning auf dem Bauch und/oder den Bauchflecken, bis hin zu einem rein weißen Pferd. Die Augenfarbe dominant weißer Pferde ist typischerweise braun.

Eine Reihe verschiedener KIT-Mutationen, die mit weißen Mustern assoziiert sind, wurden beim Pferd identifiziert. Dazu gehören dominant Weiß, Sabino-1 und Tobiano. Bisher wurden 34 dieser Mutationen als dominant weiße Mutationen charakterisiert und reichen von Varianten, die einen minimalen Einfluss auf die Fellmusterung haben, bis hin zu solchen, die einen rein weißen Phänotyp verursachen. Viele der dominant weißen Mutationen sind erst in jüngster Zeit entstanden und sind daher auf bestimmte Linien innerhalb der Rassen beschränkt. Zu den Ausnahmen gehören W13 und W20.

W13 wurde ursprünglich bei Quarter Horses identifiziert, wurde aber auch bei mehreren anderen Rassen beschrieben, darunter Australian Miniature Horse, American Miniature Horse und Shetlandpony. Bisher wurden keine homozygoten W13/W13-Pferde identifiziert, was darauf hindeutet, dass dies embryonal letal sein könnte.

W5 findet sich in Nachkommen des Vollbluthengstes Puchilingui. W10 gibt es nur bei den Nachkommen des Quarter Horse Hengstes GQ Santana. W22 wird in Nachkommen des Vollbluthengstes Airdrie Apache gefunden.

W20 wurde bei vielen Rassen beschrieben. Es wird angenommen, dass diese Mutation einen geringeren Effekt auf die Proteinfunktion sowie einen subtleren Effekt auf die Menge des exprimierten Weiß hat, es sei denn, sie wird mit anderen dominant weißen Genvarianten (und vielleicht anderen Scheckungsmustern) kombiniert. In Kombination mit anderen Genvarianten hat sich gezeigt, dass W20 den Anteil der weißen Musterung erhöht, wodurch ein rein weißer oder fast vollständig weißer Phänotyp entsteht. Im Gegensatz zu W5, W10 und W22 ist der homozygote Genotyp W20/W20 nicht letal. W22 kommt auf dem W20-Untergrund vor, d.h. alle Pferde mit der W22-Mutation haben auch die W20-Mutation. Da die W22-Mutation einen größeren Einfluss auf die Protein-funktion hat als W20, lautet das beschriebene Allel W22, obwohl technisch gesehen sowohl die W20- als auch die W22-Variante vorhanden sind. In dem Fall, in dem ein Pferd ein W20 von einem Elternteil und ein W20 und W22 vom anderen Elternteil erbtt (was technisch bedeutet, dass es zwei Kopien von W20 und eine Kopie von W22 hat), wird es als zusammengesetzter heterozygoter Genotyp, W20/W22, befunden. Es hat sich gezeigt, dass Pferde mit diesem Genotyp einen rein weißen Phänotyp haben.

Dun

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	TaqMan SNP Assay und Fragmentlängenanalyse

Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Das Dun-Gen ist ein dominantes Farbverdünnungsgen, welches zum einen die Grundfarbe des Fells verändert und zum anderen die sogenannten „Wildzeichnungen“ hervorruft. Dazu gehören der Aalstrich, die Zebrastreifen an den Beinen oder am Kopf („Cobwebbing“) und das Schulterkreuz. Der Aalstrich ist bei allen Dun-Pferden lebenslang zu sehen, die anderen Abzeichen können zusätzlich auftreten. Der Effekt des Dun-Gens auf die Grundfarben Fuchs, Braun und Schwarz bringt eine Reihe verschiedener Farbschattierungen von Gold über Dunkelgrau bis hin zu Olivfarben hervor. Dun wird unabhängig von den anderen Farbgenen vererbt und kann auch in Kombination mit anderen Genen auftreten, die die Grundfarbe beeinflussen.

Es gibt drei Allele, die das Vorkommen der Dun-Aufhellung und der Wildzeichnungen beeinflussen: D (Dun-Aufhellung und Wildzeichnung), nd1 (nicht aufgehellt, Wildzeichnungen können in unterschiedlicher Ausprägung vorkommen, z.B. der sog. Pseudo-Aalstrich) und nd2 (nicht aufgehellt, ohne Wildzeichnung). D ist dominant über nd1 und nd2; nd1 ist dominant über nd2.

Fuchsfarben

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	alle Rassen
Dauer	3 – 5 Werktage

Ausprägung

Die Vererbung der Fuchsfarbe wird am Extension (E-) Locus gesteuert. Das dominante Allel (E) führt zur Bildung von Eumelanin und somit zur Farbe Braun oder Schwarz. Die Anlage für Fuchsfarbe (e) wird rezessiv vererbt, d.h. nur bei homozygotem Vorliegen der Mutation im Mc1R-Gen (e/e) wird Phäomelanin gebildet und das Pferd ist fuchsfarben. Bei homozygoten (E/E) bzw. heterozygoten (E/e) Pferden entscheidet sich am Agouti-Lokus, ob das Pferd die Grundfarbe Braun oder Schwarz hat.

Graying

Material	nur 20 – 30 Mähnen-/Schweifhaare
Methode	Partnerlabor
Rasse	alle Rassen
Dauer	4 – 6 Wochen

Ausprägung

Pferde, die die Graying-Mutation tragen, kommen farbig zur Welt und verlieren nach und nach die Pigmentierung der Haare. Die Pigmentierung der Haut bleibt in der ursprünglichen Farbe. Bis zum Alter von 6 – 8 Jahren werden die Pferde vollständig grau/weiß. Die genetische Ursache dafür ist eine Duplikation im STX17-Gen, die autosomal-dominant

vererbt wird, das heißt auch Pferde, die nur eine Kopie der Mutation tragen (heterozygote Tiere G/g), werden grau/weiß. Diese Pferde werden häufig nicht rein weiß, sondern bleiben Apfel- oder Fliegenschimmel bis an ihr Lebensende. Homozygote (G/G) werden meist schon in jungen Jahren vollständig weiß. Im direkten Zusammenhang mit der Graying-Mutation steht die Bildung von Melanomen, so haben 70 – 80 % aller Schimmel über 15 Jahre ein oder mehrere Melanome. Die Inzidenz ist statistisch gesehen höher für Pferde, die die Duplikation homozygot tragen im Vergleich zu Heterozygoten, ebenso ist sie abhängig von der Grundfarbe des Pferdes, die am Agouti-Lokus bestimmt wird. Schwarz geborene Schimmel tragen ein signifikant höheres Risiko Melanome zu bekommen als weiße Pferde, die braun zur Welt kommen.

Incontinentia pigmenti (Hyperpigmentierung)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Incontinentia pigmenti (IP) ist eine ektodermale Dysplasie, bei der sich im Laufe der Zeit Hautläsionen sowie Zahn-, Huf- und Augenanomalien entwickeln. Bald nach der Geburt entstehen bei den betroffenen Pferden juckende, exsudative Läsionen der Haut. Diese entwickeln sich teils warzenartig. Es können Bereiche mit Alopezie entstehen, in denen gelegentlich wolliges Haar nachwächst. Betroffene Pferde zeigen von Geburt an Streifen – ähnlich einer Brindle-Färbung – im Fell. Durch X-chromosomal dominante Vererbung können die IP-Symptome nur bei weiblichen Individuen auftreten, betroffene männliche Embryonen sterben bereits während der Entwicklung in utero.

Leopard complex (Tigerschecken-Komplex)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	TaqMan SNP Assay, ggf. Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Dauer	3 – 5 Werkstage, bei Sequenzierung 1 – 2 Wochen

Ausprägung

Ein einziges, dominant vererbtes Gen, genannt „Leopard-Komplex (LP)“, ist verantwortlich für das Auftreten von verschiedenen weißen Spots und Pattern bis hin zum Volltiger, wie z.B. beim Appaloosa. Je nach Verband werden die Muster als „few spot leopard“, „leopard“ (Volltiger), „snowcap blanket“, „blanket with spots“ (Schabrackentiger), „varnish roan (marble)“, „snowflake“ (Schneeflockentiger), „frosted“, „speckled“ oder „mottled“ anerkannt. Homozygote Träger des Leopard-Gens LP/LP sind fast immer von der congenitalen stationären Nachtblindheit (CSNB) betroffen, heterozygote Träger LP/lp hingegen erkranken nicht. Es handelt sich hier um eine Beeinträchtigung des Sehvermögens in der Dunkelheit, die bereits von Geburt an besteht. Pferde, die sowohl das Tobiano-Gen als auch das Leopard-Gen haben, bezeichnet man als Pintaloosas.

Mushroom

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Sequenzierung
Rasse	Shetlandpony
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Die Grundfarben können durch das Vorliegen verschiedener Genvarianten aufgehellt werden, es entstehen Fellfarbaufhellungen wie Cream, Pearl, Champagne, Sunshine, Snowdrop, Dun und Silver.

Die Fellfarbaufhellung Mushroom ist bisher beim Shetlandpony beschrieben. Die Fellfarbverdünnung wird autosomal-rezessiv vererbt, d.h. nur Tiere, die zwei Kopien der Genvariante tragen (mu/mu), zeigen einen aufgehellten Phänotyp.

Bei Füchsen ist die Aufhellung am deutlichsten zu erkennen, da es sich um eine Verdünnung des roten Pigmentes (Phäomelanin) handelt. Durch die Aufhellung des Deckhaars und des Langhaars entstehen hellere Füchse (sepiafarben) mit hellerer oder gestrählter Mähne bzw. Schweif, die in ihrer Ausprägung variabel sein können. Der Phänotyp kann z.B. dem eines Palominos oder auch dem eines Silber gefärbten Braunes ähneln.

Bei Braunes findet trotz des homozygoten Vorliegens der Mushroom-Variante keine Aufhellung der dunklen Mähne und des Schweifs statt, da hier die Farbgebung durch das Pigment Eumelanin bestimmt wird, das nicht durch die Mushroom-Variante aufgehellt wird. Kopf, Hals und Beine dieser Tiere bleiben dunkel, der Rest des Körpers ist sepiafarben ohne den leicht rötlichen Stich, den viele Braune normalerweise aufweisen. Bei Rappen findet durch das homozygote Vorliegen der Mushroom-Variante keine phänotypische Veränderung der Fellfarbe statt.

Pearl

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Neben den vier häufigsten dominant vererbten Farbverdünnungsgenen Cream, Champagne, Silver und Dun gibt es ein weiteres Gen, welches eine Aufhellung der Grundfarbe verursacht. Dieses Gen wurde beim Quarter Horse und Paint Horse ursprünglich „Barlink Factor“ genannt, bei den spanischen Rassen wie Andalusier und Lusitano hingegen „Pearl“.

Es handelt sich dabei um ein und dieselbe Mutation, aufgrund der spanischen Vorfahren bei den Quarter und Paint Horses wurde das Gen schließlich einheitlich „Pearl“ genannt. Im Gegensatz zu den anderen Verdünnungsgenen wird Pearl autosomal-rezessiv vererbt, d.h. nur wenn das Gen homozygot vorliegt, werden die Grundfarbe des Pferdes und das Langhaar gleichmäßig aufgehellt. Ein fuchsfarbenes Pferd wird sandfarben,

ein Rappe wird durchgehend hellgrau. Das heterozygote Vorliegen der Mutation alleine verändert die Grundfarbe des Pferdes nicht. In Kombination mit dem heterozygoten Vorliegen des Cream-Gens (CR/cr und N/Prl) entsteht ein Phänotyp, der dem homozygoten Cream (CR/CR) entspricht. Diese Pferde sind rein äußerlich nicht zu unterscheiden von echten Cremellos, Perlinos und Smoky Creams.

Roan Zygosity*

Material	20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Partnerlabor
Rasse	Rassen auf Anfrage
Dauer	4 – 6 Wochen

Ausprägung

Das Roan-Gen verursacht weiße Stichelhaare am Körper, die zu einer „Aufhellung“ der ursprünglichen Fellfarbe führen. Es existieren jedoch keine „aufgehellten“ Haare, sondern die weißen Stichelhaare, die das Fell durchsetzen, führen zu diesem Erscheinungsbild. Der Kopf, die Beine, sowie Mähne und Schwanz bleiben von dem Roan-Gen unberührt und zeigen immer die Grundfarbe. Fohlen werden bereits mit diesem Pattern geboren, oft ist dies aber im Fohlenfell noch nicht richtig zu erkennen und wird erst nach dem ersten Fellwechsel sichtbar. Die weißen Stichelhaare sind bei Vorliegen des klassischen Roan-Gens gleichmäßig über den Körper verteilt, nicht zu verwechseln mit den verschiedenen Pattern aus weißen Haaren, die „Roaning“ genannt werden. Diese entstehen aus einer ungleichmäßigen Verteilung der weißen Haare, die verantwortlichen Gene für die Vererbung konnten bislang noch nicht identifiziert werden. Das Roan-Gen wird dominant vererbt und kommt in vielen verschiedenen Pferderassen vor, u.a. bei Quarter Horse, Paint Horse, Paso Fino, Paso Peruano, Welsh Pony und Belgischem Kaltblut, nicht aber beim Vollblut oder Araber. Obwohl vermutet wurde, dass das Roan-Gen homozygot letal ist, gibt es Berichte von Quarter Horses, die das Gen zu 100 % an Ihre Nachkommen weitergeben. Bei diesen Pferden wurde auch genetisch bestätigt, dass die Region des Genoms, die das Roan-Gen enthält, homozygot vorliegt. Mittels DNA-Test werden mit der Roan-Färbung assoziierte Mutationen beim Quarter Horse und beim Paint Horse nachgewiesen. Die ursächliche Mutation konnte bislang noch nicht identifiziert werden. Bei diesem Test handelt es sich um einen sogenannten „Marker-Test“.

Sabino-1

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Die Sabinoscheckung bei Pferden ist gekennzeichnet durch größere und kleinere weiße Flecken mit gezackten Rändern, häufig an Kopf, Bauch und an den Beinen. Einige Pferde erscheinen auch stichelhaarig am Bauch oder am ganzen Körper. Die Scheckung tritt

mehr oder weniger deutlich bei heterozygoten Sabinos auf. Homozygote sind meist von Geburt an fast vollständig weiß. Bislang konnte ein Gen als Ursache identifiziert werden (Sabino-1), es scheint jedoch offensichtlich, dass es weitere Gene gibt, die für ähnliche Abzeichen verantwortlich sind.

Silver (Windfarben)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Ein weiteres Gen, das eine Aufhellung der Grundfarbe verursacht, ist das Silver-Gen. Im Gegensatz zu Cream und Champagne hat es keinen Einfluss auf Phäomelanin, lediglich die schwarz pigmentierten Stellen erscheinen heller. Der Effekt ist vor allem sichtbar an Mähne und Schweif, die bei Vorhandensein des Silver-Gens häufig von weißen und grauen Haaren durchsetzt sind. Der Erbgang ist autosomal-dominant, d.h. bereits eine Kopie des Gens reicht aus, um den Phänotyp auszuprägen.

Snowdrop

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Sequenzierung
Rasse	Tinker, Gypsy Cob
Dauer	1 – 2 Wochen

Verschiedene Genvarianten im SLC45A2-Gen sind verantwortlich für verschiedene Fellfarbaufhellungen wie Cream, Pearl oder Sunshine. 2020 konnte in einem aufgehellten Tinker, der keine der bekannten ursächlichen Genvarianten für Cream, Pearl oder Sunshine trug, eine Genvariante detektiert werden, welche die Aufhellung verursacht. Diese Fellfarbverdünnung wird als Snowdrop bezeichnet und verdünnt sowohl rotes als auch schwarzes Pigment, sodass die Grundfarben Fuchs, Brauner und Rappe durch diese Genvariante aufgehellt werden.

Der Erbgang ist autosomal-rezessiv, d.h. nur wenn beide Genkopien des Tieres die Variante für Snowdrop aufweisen, kommt es zur Fellfarbverdünnung. Ein Vorhandensein der Genvariante bei anderen Rassen ist derzeit wissenschaftlich nicht beschrieben, aber nicht auszuschließen.

Splashed White (SW 1-4)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Sequenzierung und Fragmentlängenanalyse
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Splashed White ist ein ungleichmäßiges Scheckungsmuster, das vor allem durch extrem breite Blesse bzw. Laterne mit häufig blauen Augen sowie hochweißen Beinen gekennzeichnet ist. Manche, aber nicht alle Pferde mit einer Splashed-White-Scheckung sind taub. Bislang wurden 4 Mutationen identifiziert (SW-1, SW-2, SW-3 und SW-4) die für die Splashed-White-Abzeichen ursächlich sind. SW-1 wurde bereits in vielen verschiedenen Pferderassen nachgewiesen, z.B. bei Quarter Horse, Paint Horse, Trakehner, American Miniature Horse, Shetlandpony und Isländer. Es wurden auch Pferde homozygot für die SW-1-Mutation getestet, d.h. diese Mutation ist homozygot nicht letal. Die SW-2- und die (sehr seltene) SW-3-Mutation kommen lediglich in einigen Quarter- und Paint-Horse-Linien vor. Beide Mutationen scheinen homozygot letal zu sein, d.h. es sollten nie zwei Trägertiere miteinander verpaart werden. Pferde, die zwei oder mehr der Splashed-White-, Tobiano- oder Lethal-White-Overo-Mutationen tragen, haben meist sehr ausgeprägte weiße Muster oder sind sogar vollständig weiß.

Splashed White (SW 5-8)*

Material	20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Partnerlabor
Rasse	alle Rassen
Dauer	4 – 6 Wochen

Ausprägung

Splashed White ist ein ungleichmäßiges Scheckungsmuster, das vor allem durch extrem breite weiße Streifen oder Flecken auf Stirn oder dem Nasenrücken (Blesse) bzw. Laterne mit häufig blauen Augen sowie hochweißen Beinen gekennzeichnet ist. Manche, aber nicht alle Splashed-White-Pferde sind taub.

In diesem Test werden 2 Genvarianten (SW5 und SW 6) identifiziert, die für die Splashed-White-Abzeichen ursächlich sind. Alle diese Mutationen verursachen bei Pferden einen ähnlichen Phänotyp, das Ausmaß der weißen Musterung ist jedoch variabel. Es wird angenommen, dass sie von anderen Genen gesteuert wird. Einige sind bekannt, aber die meisten dieser zusätzlichen Gene, die zur Variation des Splashed-White-Phänotyps beitragen, müssen noch identifiziert werden.

SW5 wurde in einer American-Paint-Horse-Familie identifiziert. Es ist nicht bekannt, ob SW5 homozygot letal ist, bislang wurden keine Homozygoten (SW5/SW5) beschrieben. SW6 wurde in einer einzigen Familie als De-novo-Mutation identifiziert. Eine De-novo-Mutation bedeutet, dass nur dieses Individuum, seine Nachkommen und daraus hervorgehende zukünftige Generationen von Pferden, die von diesem Hengst abstammen, diese Mutation haben können. Zum jetzigen Zeitpunkt ist nicht bekannt, ob Homozygoten für SW6 (SW6/SW6) lebensfähig sind. Aufgrund der Art der Mutation und der Rolle, die das MITF-Gen in der Entwicklung spielt, wird vermutet, dass SW6/SW6 embryonal letal sein könnte. Im Rahmen einer Studie des Veterinary Genetics Laboratory wurde jedoch ein SW1/SW6-Compound-Heterozygot identifiziert.

Splashed-White-Mutationen werden als dominante Merkmale mit variabler Ausprägung vererbt, was bedeutet, dass eine Kopie einer SW-Mutation einen Splashed-White-Phänotyp mit variablem Weißanteil erzeugt. Pferde, die Kombinationen der Splashed-White-Mutationen, Tobiano oder Overo Lethal White tragen, können eine ausgedehnte weiße Zeichnung aufweisen oder ihr Fell kann ganz weiß sein.

Der Test auf das Splashed-White-Muster ermöglicht es Züchtern, festzustellen, welche Splashed-White-Mutation bei ihrem Pferd vorhanden ist, und kann bei Zuchtentseidungen und klinischen Entscheidungen helfen, wenn der Verdacht auf Taubheit besteht.

Sunshine

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Neben den bereits bekannten Farbverdünnungen wie Cream und Pearl wurde eine weitere Variante zur Verdünnung der Fellfarbe gefunden. Die Sunshine-Mutation liegt, genau wie die anderen beiden Gene, auf dem SLC45A2-Gen. Sunshine wird autosomal-rezessiv vererbt, d.h. nur wenn das Gen homozygot vorliegt (Sun/Sun) wird die Grundfarbe des Pferdes aufgehellt. Es wird vermutet, dass sich diese Aufhellung ähnlich wie bei Pearl äußert. Ein heterozygoter Genotyp (N/Sun) führt nur in Kombination mit dem heterozygoten Cream-Gen (N/CR) zu einer Farbaufhellung. Es entsteht ein Phänotyp, der dem homozygoten Cream (CR/CR) entspricht.

Tiger Eye*

Material	20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Partnerlabor
Rasse	Paso Fino
Erbgang	autosomal-rezessiv
Dauer	4 – 6 Wochen

Ausprägung

Tiger Eye ist eine aufgehelle Irisfarbe, die bei puerto ricanischen Paso Fino-Pferden vorkommt. Im Gegensatz zu den braunen Augen der meisten Pferde ist das „Tigerauge“ durch eine gelbe, bernsteinfarbene oder leuchtend orange Farbe gekennzeichnet. Forscher des Veterinary Genetics Laboratory untersuchten die genetischen Grundlagen dieses Phänotyps und identifizierten zwei Varianten im Gen SLC24A5, die für Tiger Eye verantwortlich sind: Tiger Eye 1 (TE1) im Exon 2 und Tiger Eye 2 (TE2) im Exon 7. Der Tiger Eye-Phänotyp wird als rezessives Merkmal vererbt. Pferde mit Tiger Eye sind am häufigsten homozygot (zwei Kopien) für die TE1-Variante (TE1/TE1). Einige Tiger Eye-Pferde sind compound heterozygot (je eine Kopie) für beide Varianten (TE1/TE2). Pferde mit dem Genotyp (TE2/TE2) sind selten; der eine dokumentierte Fall hatte eine

sehr hellgelbe/blaue Irisfarbe. Im Gegensatz zur Verdünnung der Irisfarbe, die mit den creme- und champagnerfarbenen Mutationen verbunden ist, scheint es keinen Zusammenhang zwischen Tiger Eye und verdünnter Fellpigmentierung zu geben. Der Tiger Eye-Phänotyp wurde bei allen drei nicht verdünnten Grundfarben des Fells (Schwarz, Rotbraun und Kastanienbraun) und sowohl bei männlichen als auch bei weiblichen Tieren beobachtet. Obwohl TE1 und TE2 bisher nur bei Paso Finos nachgewiesen wurden, ist es möglich, dass diese Varianten die hellere Augenfarbe bei eng verwandten Rassen erklären können.

Tobiano

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Fragmentlängenanalyse
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Als Tobiano wird eines der häufigsten Scheckungsmuster bei Hausrassen bezeichnet. Die Flecken dieser Pferde haben glatte Ränder und eine klare Abgrenzung, die Augenfarbe ist meist dunkel. Tobianos haben meist weiße Füße oder noch ausgeprägtere Beinabzeichen, die Kopfabzeichen sind vergleichbar zu Pferden ohne Tobiano-Färbung. Die weißen Flecken überqueren gewöhnlich an mindestens einer Stelle die Rückenlinie, jedoch ist die Ausprägung der Plattenscheckung sehr variabel. Die Tobianoscheckung folgt einem dominanten Erbgang. Das Pferd prägt daher die Tobianoscheckung aus, wenn es reinerbig (homozygot) Tob/Tob ist, aber auch wenn es mischerbig (heterozygot) N/Tob ist.

Haarstruktur beim Pferd

Curly

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Sequenzierung
Rasse	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

Curly Coat stellt ein besonderes Merkmal beim Pferd dar, das zu einer lockigen Fellstruktur führt. Dies ist vorrangig beim American Bashkir Curly Horse zu sehen, kann aber auch bei verschiedenen anderen Pferderassen auftreten. Curly Horses sind heutzutage sehr beliebt, da diese Fellstruktur bei vielen Pferdehaar-Allergikern zu milderen oder gar keinen allergischen Symptomen führt.

Die lockige Fellstruktur tritt gelegentlich in Kombination mit einer Hypotrichose auf. Verantwortlich für das lockige Fell und die Hypotrichose sind genetische Varianten in

zwei verschiedenen Genen, KRT25 und SP6. Pferde, die nur für die KRT25-Variante heterozygot oder homozygot sind, zeigen lockiges Fell und Hypotrichose, während Pferde nur mit SP6-Variante lockiges Fell ohne Hypotrichose zeigen. Pferde mit mutierten Allelen in beiden Varianten entwickeln lockiges Haar und Hypotrichose. Im Gentest werden beide Varianten getrennt voneinander untersucht.

4.3 Performance

Größentest

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	TaqMan SNP Assay
Rasse	Warmblut
Dauer	3 – 5 Werktage

Der Basenaustausch eines bestimmten Genlocus reguliert die Expression des LCORL-Gens, welches augenscheinlich das Wachstum des Pferdes beeinflusst. Diese Genvariation wirkt sich auf das Stockmaß des Warmblutpferdes aus. Es ist allerdings zu erwähnen, dass dieses Gen nicht allein verantwortlich für die Beeinflussung der Größe ist. Andere Faktoren wie Fütterung, Haltung und Aufzucht der Jungpferde oder auch die Mutterstute, sind ebenso essenziell für die Entwicklung und somit auch der Größe. Es gibt insgesamt drei unterschiedliche Genotypen. Pferde mit dem „kleinen“ Genotyp (T/T) besaßen bei den von uns getesteten Tieren im Durchschnitt eine Körpergröße von 164 cm. Pferde mit dem Genotyp C/T und C/C lagen im Mittel 4 – 8 cm darüber. Der Test liefert keine Garantie für ein exaktes Stockmaß des Pferdes, bei bekanntem Genotyp kann die Größe dennoch eingegrenzt werden. Außerdem wird den Züchtern so ermöglicht, bei bekanntem Genotyp bestimmte Anpaarungen zu vermeiden oder aber die Chance des gewünschten Phänotyps (Stockmaß) zu erhöhen. Im besten Fall ist der Genotyp beider Elterntiere bekannt.

Speed-Gen*

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Partnerlabor
Rasse	Englisches Vollblut
Dauer	1 – 2 Wochen

Das Protein Myostatin ist verantwortlich für die Hemmung des Muskelwachstums. Myostatin und das dazugehörige Gen MSTN wurden sowohl beim Menschen als auch bei verschiedenen Tierarten (z.B. Rind, Hund, Maus und Pferd) nachgewiesen. Verschiedene Varianten im Myostatin-Gen bewirken die Ausprägung unterschiedlicher Muskeltypen: so hat z.B. ein „Sprinter“ einen sehr hohen Anteil Muskelmasse im Verhältnis zum Gesamtgewicht und ist somit bestens für schnelles Rennen auf kurzen Strecken geeignet. Im Gegensatz dazu sind Pferde, die sich für lange Distanzen besser eignen, meist leichter gebaut, das Verhältnis Muskelmasse/Körbergewicht wird weniger („Stehet“).

Pferde, die mischerbig für die beiden Myostatin-Varianten sind, sind meist am erfolgreichsten in der Mitteldistanz.

Der Gentest zum Nachweis der verschiedenen Myostatin-Varianten gibt Auskunft darüber, welche Renndistanz am besten zu dem untersuchten Pferd passt. Er sagt jedoch nichts über die tatsächliche Eignung eines Pferdes als Rennpferd aus.

Myostatin – Die Mutation und der Erbgang

Die den beiden Myostatin-Variationen zugrunde liegende Mutation kann mittels eines DNA-Tests nachgewiesen werden.

Es gibt drei Genotypen:

Genotyp C/C (homozygot):

Das untersuchte Pferd ist im Myostatin-Gen homozygot für das C-Allel. Das Pferd könnte daher am besten für Kurzstrecken geeignet sein. Meist sind diese Pferde schon sehr früh entwickelt.

Genotyp C/T (heterozygot): Das untersuchte Pferd ist im Myostatin-Gen heterozygot C/T. Das Pferd könnte daher am besten für die Mitteldistanz geeignet sein.

Genotyp T/T (homozygot): Das untersuchte Pferd ist im Myostatin-Gen homozygot für das T-Allel. Das Pferd könnte daher am besten für Langstrecken geeignet sein. Meist entwickeln sich diese Pferde relativ spät.

SynchroGait (DMRT3)

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Sequenzierung
Rasse	American Bashkir Curly Horse, American Miniature Horse, American Saddlebred, Appaloosa, Isländer, Kentucky Mountain Saddle Horse, Mangalarga Marchador, Missouri Foxtrotter, Morgan Horse, Paint Horse, Paso Fino, Paso Peruano, Quarter Horse, Skandinavischer Kaltbluttraber, Traber, Tennessee Walking Horse
Dauer	1 – 2 Wochen

Ausprägung

SynchroGait ist ein diagnostischer DNA-Test für eine genetische Variante (A), die einen großen Einfluss auf den Gang und die Koordination von Pferden hat. Die Mutation erleichtert eine laterale Fußabfolge, die Grundvoraussetzung ist für den Pass, und hemmt den Übergang vom Trab oder Pass zum Galopp. Die Variante A wurde als ein wichtiger genetischer Faktor für die Leistung bei Trabrennpferden identifiziert sowie für die Fähigkeit zum Rennpass bei Islandpferden.

Mit SynchroGait können Besitzer die angeborene Fähigkeit junger Pferde zur Gangleistung erkennen, was Entscheidungen über Investitionen in die zukünftige Ausbildung erleichtert. Das Testen von Zuchttieren ermöglicht es den Züchtern, wahrscheinliche

Genotypen der Nachkommen vorherzusagen und optimale Partner auszuwählen, um die Produktion von Fohlen mit der Gangvariante zu maximieren. Bei Rassen, die für die Dressur oder das Springen verwendet werden, bei denen der Passgang eine unerwünschte Eigenschaft ist, kann SynchroGait verwendet werden, um die Variante zu eliminieren.

Vorteile der Variante A bei den Gangarten sind:

Vollblüter: AA-Pferde sind häufiger professionell bei Trabrennen im Einsatz; Sie verdienen mehr Geld und haben einen höheren Zuchtwert für die Rennleistung als CA- und CC-Pferde. Der SynchroGait-Test eignet sich besonders für Pferde aus französischen Vollblutlinien.

Kaltblüter: Das Vorhandensein der A-Variante korreliert mit der Trabtechnik. AA-Pferde haben ein natürliches Talent für Pass und eine ausgezeichnete Beinkoordination im Trab bei hoher Geschwindigkeit.

Islandpferde: AA-Pferde haben eine genetische Veranlagung, fünf Gangarten auszuführen (Schritt, Tölt, Trab, Pass und Galopp). CA- und CC-Pferde führen mit größerer Wahrscheinlichkeit nur vier Gangarten (Schritt, Tölt, Trab und Galopp) aus, wobei CC-Pferde sich bei der Erlernung des Töltts gerade zu Beginn der Ausbildung schwer tun können.

Tractability

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Methode	Sequenzierung
Rasse	Englisches Vollblut
Dauer	1 – 2 Wochen

Der Test für Tractability soll die Lern- bzw. Leistungsbereitschaft eines Pferdes aufzeigen. Da der Phänotyp lediglich auf Aussagen der Pferdebesitzer oder Menschen, die mit dem Pferd Umgang hegen, beruht, ist eine Differenzierung schwierig, der Test trifft auch keine Aussage über die Cleverness des Pferdes. Es sollte zudem beachtet werden, dass Faktoren wie anatomische Gegebenheiten oder Krankheiten die „Tractability“ stark beeinflussen können, sodass der Genotyp nicht unbedingt mit dem Phänotyp übereinstimmen muss.

4.4 DNA-Profil (ISAG 2006) Pferd

Das Prinzip des DNA-Profiles beruht auf der Untersuchung hochvariabler DNA-Abschnitte (Mikrosatelliten), die sich zwischen den einzelnen Individuen durch ihre Länge voneinander unterscheiden (Längenpolymorphismus). Die Gesamtheit der Mikrosatelliten in Kombination ergibt ein für jedes Individuum unverwechselbares DNA-Profil.

Für die Erstellung eines DNA-Profiles wird zunächst aus kernhaltigen Zellen das Erbgut des Tieres, die DNA, isoliert. Anschließend werden mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) die zu analysierenden Bereiche der DNA millionenfach vervielfältigt. Die Länge der Mikrosatelliten kann durch eine computergestützte Analyse im „Genetic Analyzer“ bestimmt werden. Aus diesen Daten wird dann eine individuelle reproduzierbare Zahlenformel für jedes Tier erstellt.

Das DNA-Profil ist mit einer Wahrscheinlichkeit von größer als 99,99 % einzigartig. Die einzige Ausnahme hiervon bilden eineiige Mehrlinge. Für die Identifizierung eines Tieres wird dessen DNA-Profil angefertigt und in einer DNA-Datenbank gespeichert.

Zur Erstellung eines DNA-Profiles untersuchen wir die von der „International Society for Animal Genetics (ISAG)“ empfohlenen Mikrosatelliten-Marker. Die erhaltenen DNA-Profile sind international mit den nach den ISAG-Empfehlungen arbeitenden Labore vergleichbar.

Material	1 ml EDTA-Blut/20 – 30 Mähnen- bzw. Schweifhaarwurzeln
Tierarten	Pferd
Rassen	alle Rassen
Dauer	1 – 2 Wochen

5. DNA-Profil und Abstammungsgutachten

Das DNA-Profil eines Tieres wird auch als genetischer Fingerabdruck bezeichnet. Im Gegensatz zu anderen Markierungsmethoden wie Mikrochips oder Tätowierungen kann es nicht manipuliert oder durch äußere Einflüsse, wie z. B. Verletzungen, zerstört werden. Es bleibt ein Leben lang unverändert.

Dieses DNA-Profil ermöglicht einerseits eine zweifelsfreie Identifikation, zum anderen kann durch den Vergleich des genetischen Fingerabdrucks der Familienmitglieder die Abstammung sicher nachgewiesen werden.

Die Erstellung von DNA-Profilen wird bei uns routinemäßig für Hunde (auch S. 160) Katzen (auch S. 188) und Pferde (auch S. 220) durchgeführt, weitere Tierarten sind auf Anfrage erhältlich.

Das DNA-Profil ist mit einer Wahrscheinlichkeit von größer als 99,99 % einzigartig. Die einzige Ausnahme hiervon bilden eineige Mehrlinge. Für die Identifizierung eines Tieres wird dessen DNA-Profil angefertigt und in einer DNA-Datenbank gespeichert.

Zur Erstellung eines DNA-Profiles untersuchen wir die von der „International Society for Animal Genetics (ISAG)“ empfohlenen Marker. Die erhaltenen DNA-Profile sind international mit den nach den ISAG-Empfehlungen arbeitenden Laboratorien vergleichbar.

Material und Testdauer

Für die Erstellung des DNA-Profil wird eine EDTA-Blutprobe (ca. 0,5 ml) benötigt. Alternativ können auch Backenabstriche verwendet werden. Bei Pferden ist auch die Einsendung von Haarproben (mit Wurzel) möglich. Für ein Abstammungsgutachten muss neben dem Probenmaterial der zu begutachtenden Nachkommen auch Probenmaterial von Vater und Mutter eingeschickt werden. Soll eine Vaterschaft ausgeschlossen werden, sollte zusätzlich zur Mutter möglichst von allen potenziellen Vätern Blut oder Backenabstrich eingesandt werden. Das Ergebnis liegt etwa 2 – 3 Wochen nach Erhalt der Proben vor.

Abstammung – beide Elternteile vorhanden

Mithilfe des Abstammungsnachweises kann man abklären, ob die angegebenen Eltern eines Tieres aufgrund des DNA-Profil tatsächlich als biologische Eltern in Frage kommen.

Jeder Nachkomme erhält 50 % seines Erbguts von der Mutter und 50 % vom Vater. Vorausgesetzt die Mutterschaft gilt als gesichert, so müssen grundsätzlich alle nicht-mütterlichen Anteile im DNA-Profil des Nachkommens vom Vater vererbt worden sein.

Stimmen mindestens zwei Anteile im DNA-Profil nicht überein, kann die Vaterschaft mit hoher Wahrscheinlichkeit ausgeschlossen werden. Analoges gilt für die Mutter. Wie beim Identitätsnachweis hängt auch die Aussagefähigkeit des Abstammungsnachweises wesentlich von der Anzahl der untersuchten Mikrosatelliten ab. Je mehr hochvariable DNA-Abschnitte bei einer Abstammungsbegutachtung untersucht werden, desto sicherer können tatsächliche Fehlabstammungen erkannt werden.

Abstammung – nur ein Elternteil vorhanden

Nicht selten steht bei der Frage nach Bestätigung oder Ausschluss eines Elternteils das genetische Material des zweiten Elternteils nicht mehr zur Verfügung. Wird die Abstammungsbegutachtung mit nur einem Elternteil durchgeführt, so ist die Aussagekraft der Analyse unter Umständen eingeschränkt. Lediglich ein Ausschluss der Vater- bzw. Mutterschaft ist als 99,99 % sicher anzusehen.

Für den Fall, dass alle Allele des Kindes den Eltern zuordenbar sind (kein Ausschluss möglich), können rassespezifisch Wahrscheinlichkeiten für die Elternschaft berechnet werden, wenn ausreichend Daten von Tieren dieser Rasse vorliegen.

Abstammung – nur Geschwister vorhanden

Ebenso wie die Abstammungsbegutachtung allein aufgrund der Angaben des Kindes und eines Elternteils möglich ist, kann auch die Beurteilung von Verwandtschaftsverhältnissen auf Geschwister- und Halbgeschwisterebene erfolgen. Auch diese Fragestellung tritt bisweilen auf, wenn aus unterschiedlichen Gründen von den Eltern keine adäquaten Proben zur Verfügung stehen und konnte bislang überhaupt nicht beantwortet werden.

Ebenso wie bei den „motherless cases“ kann eine Likelihood Ratio angegeben werden, also eine Aussage darüber getroffen werden, um wie viel wahrscheinlicher die Geschwisterschaft gegenüber der Nichtgeschwisterschaft ist.

Eine Berechnung der Likelihood Ratio ist nur bei bestimmten Rassen möglich. Bitte nehmen Sie für weitere Informationen Kontakt mit uns auf, wir beraten Sie gerne persönlich und individuell.

6. Rassezuordnung bei Hund und Katze

Lange Zeit war die Feststellung der Rassezugehörigkeit eines Tieres nur anhand ersichtlicher Merkmale und/oder einer belegten Ahnentafel möglich und oft nicht eindeutig. Seit einigen Jahren können sog. Mikrosatelliten als molekulare Marker herangezogen werden, um sowohl die Abstammung eines Tieres als auch seine Rassezugehörigkeit auf genetischer Basis aufzuklären. Die Analyse von mehreren Mikrosatelliten-Loki ergibt letztlich ein einzigartiges, individuenspezifisches Muster: das DNA-Profil oder „genetischer Fingerabdruck“. Die Wahrscheinlichkeit, dass zwei nicht verwandte Tiere das gleiche DNA-Profil zeigen, liegt bei 1 zu 1 Milliarde.

Die Rassezuordnung basiert auf einer Wahrscheinlichkeitsberechnung, bei der das DNA-Profil eines Hundes/einer Katze mit einer Datenbank abgeglichen wird. Grundlage ist daher das Vorliegen von Referenzpopulationen in der Datenbank. Hierfür müssen DNA-Profile von Hunden/Katzen erstellt werden, deren Reinrassigkeit eindeutig durch Zuchtbuchnummer belegt ist.

Das Ergebnis der Rassezuordnung stellt dann eine Zuordnungswahrscheinlichkeit des fraglichen Tieres zu einer der im Datenpool befindlichen Rassen dar. Dabei wird für jede Rasse separat die Zuordnung bzw. der Ausschluss des zu testenden Tieres geprüft.

Die Zuordnungswahrscheinlichkeit zu einer Rasse aufgrund des DNA-Profil liegt bei reinrassigen Tieren zwischen 80 % und 100 %. Auch bei Tieren, bei denen ein Elternteil reinrassig ist, kann der DNA-Abgleich Auskunft über die Abstammung geben. Hier werden Zuordnungswahrscheinlichkeiten zwischen 40 % und 60 % für die Rasse des reinrassigen Elternteils erwartet. Zuordnungswahrscheinlichkeiten < 30 % weisen darauf hin, dass es sich weder um ein reinrassiges Tier der in der Datenbank hinterlegten Rassen handelt noch um einen Mischling, bei dem ein Elternteil zu einer der Referenzpopulationen gehört.

6.1 Möglichkeiten und Grenzen der genetischen Rassezuordnung

Genetische Untersuchungen zur Rassezuordnung sind möglich und weisen eine große Testsicherheit auf, wenn mit einem aktuellen Datenpool gearbeitet wird, der der geografischen Population entspricht, aus der das fragliche Tier kommt. Sie sind ein Hilfsmittel bei phänotypischer Rassezuordnung ohne Kenntnis der Elterntiere. Als Resultat wird eine Zuordnungswahrscheinlichkeit des fraglichen Tieres für jede der im Rassepool enthaltenen Rassen erwartet. Das Fehlen einer betreffenden Rasse im Datenpool führt nicht zu einer Fehlzuordnung, sondern lediglich, für alle geprüften Rassen, zu extrem niedrigen Zuordnungswahrscheinlichkeiten. Zuordnungswahrscheinlichkeiten < 30 % sind nicht aussagekräftig, da eine genügend hohe Testsicherheit für das errechnete Ergebnis nicht gewährleistet werden kann. Sind die vermeintlichen Elterntiere bekannt, ist ein Abstamnungsgutachten das Mittel der Wahl, um die Vaterschaft zu bestätigen oder auszuschließen.

6.2 Hund

Die Hunderassen in unserer Datenbank:

- Australian Shepherd
- American Staffordshire Terrier
- Bearded Collie
- Berner Sennenhund
- Bordeauxdogge
- Border Collie
- Bullmastiff
- Cane Corso Italiano
- Chihuahua
- Collie (Kurzhaar/Langhaar)
- Deutsch Drahthaar
- Deutsche Dogge
- Deutscher Boxer
- Deutscher Schäferhund
- Dobermann
- Dogo Argentino
- Dogo Canario
- English Springer Spaniel
- Fila Brasiliense
- Golden Retriever
- Havaneser
- Labrador Retriever
- Mops
- Neufundländer
- Parson Russell Terrier
- Pyrenäen-Mastiff
- Rhodesian Ridgeback
- Rottweiler
- Spanischer Mastiff
- Standard Bull Terrier
- Staffordshire Bull Terrier
- Weimaraner

6.3 Katze

Analog zum Hund ist es möglich, anhand eines DNA-Profil und dessen statistischer Auswertung eine Zugehörigkeitswahrscheinlichkeit einer Katze zu einer bestimmten Rasse zu ermitteln. Das Spektrum an Katzenrassen wird durch Aufnahme weiterer DNA-Profile von anderen Rassekatzen in die Datenbank laufend erweitert. Diese Methode stellt neben der äußerlichen Begutachtung ein zusätzliches Werkzeug zur Rassebestimmung dar. Auch die Unterscheidung von Hauskatzen und Wildkatzen nur anhand äußerer Merkmale ist schwierig. Daher hat Laboklin dafür einen molekulärbiologischen Nachweis entwickelt. So kann anhand einer Haarprobe eindeutig nachgewiesen werden, ob es sich bei dem Tier um *Felis catus* (Hauskatze) oder *Felis silvestris* (Wildkatze) handelt. Dies ermöglicht auch Untersuchungen zur Verbreitung der Wildkatze in Deutschland.

Die Katzenrassen in unserer Datenbank:

- Abessinier
- Britisch Kurzhaar
- Burma
- Heilige Birma
- Maine Coon
- Norwegische Waldkatze
- Perser
- Ragdoll
- Siam

6.4 Material

Für den DNA-Test wird 1 ml EDTA-Blut benötigt. Alternativ ist auch die Einsendung eines Backenabstrichs möglich. Die dafür benötigten Abstrichtupfer stellen wir Ihnen gerne kostenlos zur Verfügung. In seltenen Fällen kann das genetische Material am Abstrichtupfer zur Durchführung des Gentests nicht ausreichen. In diesem Falle wäre die Neueinsendung von EDTA-Blut ratsam.

6.5 Durchführung

Bitte senden Sie uns die Probe zusammen mit dem entsprechenden Untersuchungsantrag. Die Befundübermittlung erfolgt wahlweise per Post, Fax oder E-Mail. Nach Abschluss der Untersuchung erhalten Sie eine Rechnung.

Dauer: 3 – 4 Wochen

7. Tierartendifferenzierung

Lange Zeit war die Thematik der Tierartendifferenzierung auf Lebensmittel beschränkt, in letzter Zeit ergeben sich hier jedoch neue Fragestellungen und Ansatzpunkte. Aufgrund vermehrter Anfragen, die Tierart aus den unterschiedlichsten Materialien zu bestimmen, nahmen wir uns des Themas an. Wir entwickelten eine routinetaugliche Methode zur Tierartendifferenzierung aus den verschiedensten Materialien.

Anwendungsbeispiele

Für diese Methode gibt es zahlreiche spannende Anwendungsgebiete:

Autounfall – zahlt die Versicherung?

So hatten wir beispielsweise von einer Versicherung die Anfrage, von welchem Tier die an einer Stoßstange gefundenen Haare stammen. Im Detail ging es darum, zu klären, ob die Haare von einem Wildtier stammen – in diesem Fall wäre die Kaskoversicherung des Autohalters für den Schaden aufgekommen – oder von einem Haustier – in diesem Fall bleibt der Autobesitzer auf dem Schaden sitzen. An der Stoßstange wurden schwarze Haare gefunden, was bei der Versicherung den Verdacht aufkommen ließ, dass es sich nicht um einen Fuchs – wie vom Autohalter angegeben – sondern um einen Hund gehandelt haben könnte. Der Autohalter wollte jedoch nicht betrügen: die Haare stammten tatsächlich von einem Fuchs. Besondere Brisanz erfährt dieses Thema auch, wenn Wildunfälle mit bei uns eigentlich nicht heimischen Tierarten wie dem Waschbären passieren. Diese werden nicht von allen Versicherungen übernommen. So kann eine molekularbiologische Untersuchung hier Klarheit schaffen.

Macht Nachbars Katze bei uns in den Garten?

Viele Gartenbesitzer fragen sich, wer denn der heimliche nächtliche Besucher auf der Terrasse oder am schönsten Sitzplatz im Garten ist. Neben Nachbars Katze kommen hier sehr viele Wildtiere in Frage, wie der Igel oder der Marder. Die Untersuchung des Kothaufens zur Tierartendifferenzierung kann hier spannende Einblicke in die oft verborgenen lebende Tierwelt im Garten liefern. Wir konnten so bereits einen Marder überführen, der auf ungeklärten Wegen in das Innere eines Autos kam und dort sein Geschäft verrichtete. Oder das Hermelin, das im Verdacht steht, die Fische aus dem Teich gefressen zu haben.

Wilddiebe am Werk?

Mehrmals bekamen wir auch schon Blutspuren geschickt mit der Bitte um Abklärung der Tierart. Diese wurden im Schnee gefunden, auf der Wiese, in der Erde. Auch aus diesen Proben kann man DNA isolieren und die entsprechende molekularbiologische Untersuchung folgen lassen. Was stellt hier die Motivation dar? Teilweise wollten die Einsender wissen, ob das Blut vom gerade entlaufenen Hund stammen könnte. Stellt sich heraus, dass das gefundene Blut in der Tat von einem Hund stammt, kann man noch einen Schritt weitergehen: liegt eine Vergleichsprobe des Hundes wie z. B. Haare aus dem Hundekorb oder der Bürste vor, erstellt man aus beiden Proben ein DNA-Profil. Dabei wird die Länge sog. Mikrosatelliten bestimmt, was zu einem individuellen Profil für jeden Hund führt. Sind diese identisch, handelt es sich sehr wahrscheinlich um dasselbe Tier. Dies ist in der gleichen Weise auch bei Katzen möglich. Teilweise finden Jäger solche Spuren in ihrem Revier und wollen der Sache auf den Grund gehen: Ist das Blut von einem Wildtier, was die Vermutung der Wilderei nahelegt, oder stammt es von einem Haustier?

Echtes Fell oder Plastik?

Ein weiterer spannender Fall drehte sich um Spieltiere von einem Weihnachtsmarkt. Diese waren laut Aussage des Verkäufers aus Kunstfell. Dem Käufer kamen jedoch Zweifel. In einer der Proben konnten wir in der Tat Katzen-DNA nachweisen.

Etablierung der Methodik

Eine erste Hürde stellte die DNA-Isolierung aus den eingesandten Proben dar. Darunter befanden sich Kot, Haare, aber auch Blutspritzer auf Gras oder im Schnee. Um hieraus DNA zu isolieren, die hinsichtlich Quantität und Qualität den Ansprüchen der folgenden Untersuchungsmethoden genügt, kann man nicht auf die Standardmethoden zurückgreifen. Diese sind an große Zellmengen, wie sie sich in EDTA-Blut befinden, angepasst. Daher mussten wir hier auf Methoden aus der Forensik zurückgreifen. Wir haben diese Isolationsmethode in unserem Labor als Routine etabliert. In den meisten Fällen kann nun aus den Proben, die oft nur Spuren genetischen Materials enthalten, genügend DNA gewonnen werden. Diese kann aber unter Umständen abgebaut oder degradiert sein. Die Qualität der gewonnenen DNA stellte die zweite große Hürde dar, da diese essentiell für eine nachfolgende Polymerase-Kettenreaktion (PCR) ist. Um dies zu umgehen, wurde eine PCR gewählt, die mitochondriale DNA amplifizierte. Diese ist wesentlich stabiler und auch in Spuren in ausreichender Menge vorhanden.

Die dritte große Hürde zeigte sich bei der Auswahl eines geeigneten Gens. In den meisten anderen Fragestellungen, die mittels PCR geklärt werden (wie beispielsweise Erregerdiagnostik), setzt man hochspezifische Primer ein, die nur an die DNA des fraglichen Erregers binden und diese hochspezifisch amplifizieren. In diesem Fall kennen wir jedoch den Verdächtigen nicht. Der Weg musste also ein anderer sein: wir wählten ein Gen, das bei allen höheren Lebewesen/Säugetieren vorkommt und hochkonserviert

ist. So wurde der Einsatz universeller Primer ermöglicht. Das untersuchte Gen musste jedoch genügend Unterschiede zwischen den Arten aufweisen, um im Anschluss die Differenzierung zu ermöglichen. Eine Sequenzierung gibt nun Auskunft über die genaue Gensequenz des Verursachers. Der Vergleich der gewonnenen Sequenz mit Sequenzen bekannter Herkunft gibt den Verursacher preis.

Grenzen

Grenzen dieser Methodik ergeben sich zum einen durch die DNA-Qualität, die entscheidend vom Zustand der Probe abhängt. So wird DNA durch sog. DNAsen sehr schnell abgebaut, wenn sie nicht mehr zellgebunden vorliegt. Eine Überwucherung der Probe mit Bakterien oder Pilzen erschwert die Isolation der eigentlich zu untersuchenden DNA. Ein weiteres Problem stellen DNA-Gemische dar. So muss man beispielsweise damit rechnen, dass man im Kot von Katzen auch DNA von Mäusen oder Schweinen (Fertigfutter) finden kann.

Zum anderen ergeben sich Einschränkungen bei den zu bestimmenden Tierarten. Die gewählten Primer decken sehr viele Arten ab. So konnten wir bisher bereits Hund, Katze, Wildkatze, Geweihträger (Reh, Damwild), Wildschwein, Wolf, Pferd, Ziege, Schaf, Marder (Hermelin) in der universellen PCR nachweisen. Alle Arten abzudecken, ist kaum möglich, da die Unterschiede ab einer bestimmten Zahl zu groß werden. Zusätzlich sind nicht von allen Tierarten die Sequenzen bekannt. Dies trifft insbesondere für Exoten zu. Wenn schon ein bestimmter Verdacht genannt wird, besteht auch die Möglichkeit, mit spezifischeren Primern ein Gen zu amplifizieren, welches wiederum über Sequenzierung und Datenabgleich auf die Spur des Täters führt.

Alles in allem ermöglicht dieser neue Service eine Vielzahl von Anwendungen und gibt Antworten auf viele Fragen. Die Liste der bereits identifizierten Tiere sowie der zu identifizierenden Arten wird laufend erweitert. Ein Telefongespräch im Vorfeld kann hier Klarheit schaffen. Auch für weitere Informationen zu diesem und anderen Themen stehen wir Ihnen gerne telefonisch oder per E-Mail zur Verfügung.

Tel.: +49 971 7202 5005 (Wir sind von Mo-Fr 9:00-18:00 Uhr für Sie da.)

E-Mail: labogen@laboklin.com

Rassenverzeichnis

Hund

Für alle Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Alle Rassen	Chondrodysplasie und -dystrophie (IVDD-Risiko) (CDPA/CDDY)	35
	Degenerative Myelopathie (DM)	41
	Hyperurikosurie (HUU/SLC)	68
	Maligne Hyperthermie (MH)	85
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
	Von-Willebrand-Krankheit Typ 1 (vWD1)	135
	DLA-Typisierung	158
	DNA-Profil (Classic bzw. Premium)	160
	LABOGenetics XXL Hund	159
	Fellfarben und Haarlänge/-struktur: Prinzipiell sind alle Fellfarb-, Haarlänge- und Fellstrukturtests für alle Rassen validiert. Ausnahmen entnehmen Sie bitte dem entsprechenden Infotext.	139

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Afghanischer Windhund	Fellfarbe: EG-Lokus (Domino)	148
Airedale Terrier	Faktor VII-Defizienz (F7)	55
	Letale Lungenerkrankung (LAMP3)	80
	Protein-Losing-Nephropathie (PLN)	122
Akita	Amelogenesis imperfecta (AI/FEH)	28
Alaskan Klee Kai	Faktor VII-Defizienz (F7)	55
Alaskan Malamute	Alaskan-Malamute-Polyneuropathie (AMPN)	27
	Primäre ciliäre Dyskinesie (PCD)	107
Alpenländische Dachsbracke	Spinocerebelläre Ataxie (SCA)	127
Altdänischer Vorstehhund	Congenitales myasthenes Syndrom (CMS)	39
	Progressive Retinaatrophie (rcd4-PRA)	120

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
American Bulldog	Canine multifokale Retinopathie (CMR1/2/3)	30
	Ichthyose	70
	Nemalin-Myopathie (NM)	97
	Neuronale Ceroidlipofuszinose (NCL)	100
	Robinow-like-Syndrom (DVL2)	124
American Cocker Spaniel	Gallenblasenmukozelen (GBM)	58
	Makrothrombozytopenie (MTC)	84
	Phosphofruktokinase-Defizienz (PFKD)	105
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
	Fellfarbe: EH-Lokus: Zobel	148
American Eskimo Dog	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
American Hairless Terrier	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
American Husky	siehe Husky	
American Pitbull Terrier	Progressive Retinaatrophie (crd2-PRA)	113
	Robinow-like-Syndrom (DVL2)	124
American Staffordshire Terrier	Muskeldystrophie (MD)	93
	Neuronale Ceroidlipofuszinose (NCL)	101
	Progressive Retinaatrophie (crd1-PRA)	113
	Robinow-like-Syndrom (DVL2)	124
Amerikanischer Akita	Amelogenesis imperfecta (AI/FEH)	28
	Hämophilie B (Faktor IX-Defizienz)	64
Ardennen-Treibhund	Brachyurie (Stummelrute)	28
Australian Cattle Dog	Cystinurie	39
	Myotonia congenita	95
	Neuronale Ceroidlipofuszinose (NCL)	100
	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
	Progressive Retinaatrophie (rcd4-PRA)	120
	Fellfarbe: E-Lokus e2 (seltene Varianten)	148

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Australian Kelpie	Collie-Eye-Anomalie (CEA)	36
Australian Shepherd	Brachyurie (Stummelrute)	28
	Canine multifokale Retinopathie (CMR1/2/3)	30
	Collie-Eye-Anomalie (CEA)	36
	Hereditäre Ataxie (HA)	65
	Hereditäre Katarakt (HSF4)	66
	MDR1-Genvariante (Ivermectin-Überempfindlichkeit)	87
	Neuronale Ceroidlipofuszinose (NCL)	100
	Primäre ciliäre Dyskinesie (PCD)	107
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
	Startle Disease	130
	Fellfarbe: B-Lokus seltene Varianten (b4)	143
Australian Silky Terrier	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
Australian Stumpy Tail Cattle Dog	Brachyurie (Stummelrute)	28
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
Barbet	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
Barsoi	Fellfarbe: EG-Lokus (Sable)	148
Basenji	Fanconi-Syndrom	57
	Progressive Retinaatrophie (Bas-PRA1)	110
	Pyruvatkinase-Defizienz (PK)	123
Basset Fauve de Bretagne	Primäres Weitwinkel-Glaukom (POAG)	109
Basset Hound	Lafora-Epilepsie	76
	Primäres Weitwinkel-Glaukom (POAG)	109
	Thrombozytopathie	131
	X-chromosomal schwere kombinierte Immundefizienz (X-SCID)	136
	Fellfarbe: Saddle-Tan	152

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Beagle	Akatalasämie	25
	Faktor VII-Defizienz (F7)	55
	Glasknochenkrankheit (Osteogenesis imperfecta)	59
	Immerslund-Gräsbeck-Syndrom (IGS)	71
	Lafora-Epilepsie	76
	Musladin-Lueke Syndrom (MLS)	93
	Neonatale cerebelläre Abiotrophie (NCCD)	98
	Primäres Weitwinkel-Glaukom (POAG)	109
	Progressive Retinaatrophie (cord1/crd4-PRA)	112
	Pyruvatkinese-Defizienz (PK)	123
Bearded Collie	Collie-Eye-Anomalie (CEA)	36
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
Beauceron	Erbliche Taubheit (EOAD)	52
Bedlington Terrier	Kupferspeicherkrankheit (CT/COMMD1)	74
Belgischer Schäferhund	Cerebelläre Ataxie (CA1)	32
	Kardiomyopathie mit Welpensterblichkeit (CJM)	74
	Spongiöse Degeneration mit cerebellärer Ataxie (SDCA1 und SDCA2)	128
	Verhaltensanomalie (nur Malinois)	133
	ZNS-Atrophie mit cerebellärer Ataxie (CAC)	137
Berger de Savoie	Brachyurie (Stummelrute)	28
Berner Sennenhund	Degenerative Myelopathie (DM) (Exon 1 und 2)	41
Bernhardiner	Larynxparalyse mit Polyneuropathie Typ 3 (LPPN3)	78
Bichon Frisé	Makrothrombozytopenie (MTC)	84

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Bobtail	Exercise Induced Collapse (EIC)	53
	Hämophilie A (Faktor VIII-Defizienz)	64
	Hereditäre Ataxie (HA)	65
	MDR1-Genvariante (Ivermectin-Überempfindlichkeit)	87
	Multiple okuläre Defekte (MOD)	92
	Primäre ciliäre Dyskinesie (PCD)	107
Boerboel	Startle Disease	130
	Canine multifokale Retinopathie (CMR1/2/3)	30
Bologneser	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
Bolonka Zwetna	Progressive Retinaatrophie (cord1/crd4-PRA)	112
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
	Progressive Retinaatrophie (rcd4-PRA)	120
Bordeauxdogge	Canine multifokale Retinopathie (CMR1/2/3)	30
	Digitale Hyperkeratose (DH/HFH)	44
	Robinow-like-Syndrom (DVL2)	124
Border Collie	Collie-Eye-Anomalie (CEA)	36
	Glaukom und Goniodysgenesie (GG)	60
	Imerslund-Gräsbeck-Syndrom (IGS)	71
	MDR1-Genvariante (Ivermectin-Überempfindlichkeit)	87
	Myotonia congenita	95
	Neuronale Ceroidlipofuszinose (NCL)	100
	Raine-Syndrom	123
	Sensorische Neuropathie (SN)	125
	Trapped Neutrophil Syndrome (TNS)	132
	Spongiforme Leukoenzephalomyelopathie (SLEM)	128
Boston Terrier	Hereditäre Katarakt (HSF4)	66
	Robinow-like-Syndrom (DVL2)	124

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Bourbonnaiser Vorstehhund	Brachyurie (Stummelrute)	28
Bouvier des Ardennes	siehe Ardennen-Treibhund	
Boxer	Hämophilie A (Faktor VIII-Defizienz)	64
	Makrothrombozytopenie (MTC)	84
Boykin Spaniel	Collie-Eye-Anomalie (CEA)	36
	Exercise Induced Collapse (EIC)	53
Braque du Bourbonnais	siehe Bourbonnaiser Vorstehhund	
Brasilianischer Terrier	Brachyurie (Stummelrute)	28
	Mucopolysaccharidose Typ VII (MPS7)	91
Bretonischer Spaniel	Brachyurie (Stummelrute)	28
	C3-Defizienz	29
Briard	Nachtblindheit (CSNB)	96
Bullmastiff	Canine multifokale Retinopathie (CMR1/2/3)	30
	Mitochondriale Enzephalopathie (MFE)	89
	Progressive Retinaatrophie (dom.-PRA)	114
Bull Terrier	Larynxparalyse (LP)	77
	Letale Akrodermatitis (LAD)	79
	Polyzystische Nierenerkrankung (PKD)	105
Cairn Terrier	Craniomandibuläre Osteopathie (CMO)	39
	Gallenblasenmukozelen (GBM)	58
	Globoidzellen-Leukodystrophie (Krabbe)	61
	Makrothrombozytopenie (MTC)	84
	Pyruvatkinese-Defizienz (PK)	123
Cane Corso Italiano	Canine multifokale Retinopathie (CMR1/2/3)	30
	Dental-Skeletal-Retinal Anomaly (DSRA)	42
	Neuronale Ceroidlipofuszinose (NCL)	100

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Cavalier King Charles Spaniel	Dry Eye Curly Coat Syndrome (CCS)	49
	Episodic Falling (EF)	52
	Makrothrombozytopenie (MTC)	84
	MCAD-Defizienz	87
	Mitralklappenendokardiose (MMVD)	90
	Muskeldystrophie (MD)	93
	Primäre Immundefizienz Typ 2 (PIP2)	108
	Xanthinurie Typ II	135
Cão de Agua Português	siehe Portugiesischer Wasserhund	
Chesapeake Bay Retriever	Ektodermale Dysplasie/Skin Fragility Syndrome (ED/SFS)	50
	Exercise Induced Collapse (EIC)	53
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
Chihuahua	Lafora-Epilepsie	76
	Makrothrombozytopenie (MTC)	84
	Neuronale Ceroidlipofuszinose (NCL)	100
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
	Fellfarbe: D-Lokus seltene Varianten (d3)	148
Chinese Crested Dog	Canine multiple Systemdegeneration (CMSD)	30
	Neuronale Ceroidlipofuszinose (NCL)	100
	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
	Progressive Retinaatrophie (rcd3-PRA)	120
	Felltyp: Haarlosigkeit	157
Chinook	Chondrodysplasie (Zwergwuchs)	35
Chow Chow	Fellfarbe: D-Lokus seltene Varianten (d2)	148
Clumber Spaniel	Exercise Induced Collapse (EIC)	53
	Progressive Retinaatrophie (cord1/crd4-PRA)	112
	Pyruvat Dehydrogenase Phosphatase 1 Defizienz (PDP1)	122

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Cocker Spaniel	siehe American Cocker Spaniel bzw. English Cocker Spaniel	
Collie (Kurzhaar/Langhaar)	Collie-Eye-Anomalie (CEA)	36
	Dermatomyositis (DMS)	43
	Entzündliche Lungenerkrankung (IPD)	51
	Grey Collie Syndrome (Canine zyklische Neutropenie) (GCS)	63
	MDR1-Genvariante (Ivermectin-Überempfindlichkeit)	87
Continental Bulldog	Progressive Retinaatrophie (rcd2-PRA)	119
	Cystinurie	39
Coton de Tulear	Robinow-like-Syndrom (DVL2)	124
	Canine multifokale Retinopathie (CMR1/2/3)	30
Curly Coated Retriever	Primäre Hyperoxalurie (PH)	107
	Exercise Induced Collapse (EIC)	53
	Glykogenspeicherkrankheit Typ IIIa (GSDIIIa)	62
Dackel (Dachshund)	Progressive Retinaatrophie (cord1/crd4-PRA)	112
	Afibrinogenämie (AFG)	25
	Farbverdünnung und neurologische Defekte (CDN)	57
	Glasknochenkrankheit (Osteogenesis imperfecta)	59
	Gliedergürteldystrophie (LGMD)	60
	Lafora-Epilepsie	76
	Mitralklappenendokardiose (MMVD)	90
	Mucopolysaccharidose Typ IIIa (MPS3a)	90
	Narkolepsie	96
	Neuronale Ceroidlipofuszinose (NCL)	100
	Progressive Retinaatrophie (cord1/crd4-PRA)	112
	Progressive Retinaatrophie (crd-PRA)	112
	Xanthinurie Typ II	135

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Dalmatiner	Akutes Lungenversagen (ARDS)	26
	Disproportionierter Zwergwuchs	48
	Lysosomale Speicherkrankheit (LSD)	83
Dansk-Svensk Gardshund	Brachyurie (Stummelroute)	28
	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
Deutsch Drahthaar	Exercise Induced Collapse (EIC)	53
	Von-Willebrand-Krankheit Typ 2 (vWD 2)	135
Deutsch Kurzhaar	Akrales Mutilationssyndrom (AMS)	25
	Cone Degeneration (CD)	37
	Exfoliativer kutaner Lupus erythematoses (ECLE)	54
	Junctional epidermolysis bullosa (JEB)	71
	Von-Willebrand-Krankheit Typ 2 (vWD 2)	135
Deutsch Langhaar	Familiäres Schilddrüsenkarzinom (FTFC)	56
Deerhound	Faktor VII-Defizienz (F7)	55
	Postoperative Blutungsneigung (DEPOH)	106
	Haarlosigkeit	157
Deutsche Dogge	Centronukleäre Myopathie (CNM)	31
	Faltendoggen-Syndrom (Ichthyose)	55
	Leukoenzephalomyelopathie (LEMP)	80
	Fellfarbe: H-Lokus: Harlequin	149
Deutscher Boxer	siehe Boxer	
Deutscher Jagdterrier	Centronukleäre Myopathie (CNM)	31
	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
Deutscher Pinscher	Glykogenspeicherkrankheit Typ Ia (GSD Ia)	61

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Deutscher Schäferhund	Achromatopsie (Tagblindheit) (ACHM)	24
	Congenitaler Megaösophagus (CIM)	38
	Hämophilie A (Faktor VIII-Defizienz)	64
	Hämorrhagische Diathese (Scott Syndrom)	65
	Leukozyten-Adhäsionsdefizienz III (LAD3)	82
	MDR1-Genvariante (Ivermectin-Überempfindlichkeit)	87
	Mucopolysaccharidose Typ VII (MPS7)	91
	Nierenzellkarzinom und noduläre Dermatofibrose (RCND)	101
	Zwergwuchs (hypophysäre Form)	138
	Fellfarbe: Pandascheckung	152
Deutscher Spitz	siehe Spitz	
Deutscher Wachtelhund	Phosphofruktokinase-Defizienz (PFKD)	105
Dobermann	Dilatative Kardiomyopathie (DCM1-4)	46
	Erbliche Taubheit (DINGS1&2)	52
	Kupferspeicherkrankheit (CT)	75
	Lysosomale Speicherkrankheit (LSD)	83
	Narkolepsie	96
Dogo Argentino	Disproportionierter Zwergwuchs	48
Dogo Canario	siehe Presa Canario	
Elo	MDR1-Genvariante (Ivermectin-Überempfindlichkeit)	87
Englische Bulldogge	Canine multifokale Retinopathie (CMR1/2/3)	30
	Cystinurie	39
	Robinow-like-Syndrom (DVL2)	124
Englischer Pointer	Akrales Mutilationssyndrom (AMS)	25
Englischer Toy Terrier	Dilatative Kardiomyopathie (DCM)	45
	Xanthinurie Typ II	135

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
English Cocker Spaniel	Akrales Mutilationssyndrom (AMS)	25
	Familiäre Nephropathie (FN)	56
	Gallenblasenmukozelen (GBM)	58
	Makrothrombozytopenie (MTC)	84
	Paradoxe Pseudomyotonie (PP)	103
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
	Xanthinurie Typ II	135
	Fellfarbe: EH-Lokus: Zobel	148
English Setter	X-chromosomal retinale Dysplasie (XLRD)	136
	Neuronale Ceroidlipofuszinose (NCL)	100
English Shepherd	Progressive Retinaatrophie (rcd4-PRA)	120
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
English Springer Spaniel	Akrales Mutilationssyndrom (AMS)	25
	Dyserythropoetische Anämie und Myopathie (DAMS)	49
	Familiäre Nephropathie (FN)	56
	Fukosidose	58
	Hypomyelinisierung/Shaking Puppy Syndrome (SPS)	69
	Paradoxe Pseudomyotonie (PP)	103
	Phosphofruktokinase-Defizienz (PFKD)	105
	Progressive Retinaatrophie (cord1/crd4-PRA)	112
Entlebucher Sennenhund	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
Epagneul Français	siehe Französischer Spaniel	
Eurasier	Dandy-Walker-Like Malformation (DWLM)	40
Finnischer Lapphund	Canine multifokale Retinopathie (CMR1/2/3)	30
	Glykogenspeicherkrankheit Typ II (Pompe) (GSDII)	62
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
Finnischer Laufhund	Faktor VII-Defizienz (F7)	55
	Finnish Hound Ataxie (FHA)	58

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Flat Coated Retriever	Adipositas (ADI)	24
Fox Terrier	Congenitale Hypothyreose (CHG)	37
	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
	Spinocerebelläre Ataxie (SCA)	127
	Van den Ende-Gupta Syndrom (VDEGS)	132
Französische Bulldogge	Canine multifokale Retinopathie (CMR1/2/3)	30
	Congenitale Hypothyreose (CHG)	37
	Cystinurie	39
	Hereditäre Katarakt (HSF4)	66
	Lafora-Epilepsie	76
	Progressive Retinaatrophie (cord1/crd4-PRA)	112
	Robinow-like-Syndrom (DVL2)	124
	Fellfarbe C-Lokus (Albino)	143
	Fellfarbe Cocoa	144
Französischer Rauhaariger Vorstehhund (Korthals)	Hereditäre Katarakt (HSF4)	66
Französischer Spaniel	Akrales Mutilationssyndrom (AMS)	25
Französischer Wasserhund	siehe Barbet	
Friesischer Vorstehhund	siehe Stabijhoun	
Friesischer Wasserhund	Schwere kombinierte Immundefizienz (SCID)	125
Galgo Espanol	Startle Disease	130
Golden Retriever	Congenitales myasthenes Syndrom (CMS)	39
	Glasknochenkrankheit (Osteogenesis imperfecta)	59
	Ichthyose	70
	Ichthyose Typ 2	71
	Muskeldystrophie (MD)	93
	Neuronale Ceroidlipofuszinose (NCL)	100
	Progressive Retinaatrophie (GR-PRA 1 und 2)	115
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Gordon Setter	Hereditäre Ataxie (HA)	65
	Neuronale Ceroidlipofuszinose (NCL)	100
	Progressive Retinaatrophie (rcd4-PRA)	120
Greyhound	Hereditäre nasale Parakeratose (HNPK)	67
	Hereditäre Neuropathie (GHN)	68
	Postoperative Blutung (DEPOH)	106
Großer Schweizer Sennenhund	Postoperative Blutung (P2Y12)	106
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
Großspitz	Fellfarbe: C-Lokus (Albino, OCA2)	143
	Hämophilie A (Faktor VIII-Defizienz)	64
	Makrothrombozytopenie (MTC)	84
Havaneser	Collie-Eye-Anomalie (CEA)	36
	Entzündliche Myopathie (IM)	51
Hokkaido	Spongiöse Degeneration mit cerebellärer Ataxie (SDCA1 und SDCA2)	128
	Hämophilie B (Faktor IX-Defizienz)	64
	siehe Kroatischer Schäferhund	
Hovawart	Alaskan-Husky-Enzephalopathie (AHE)	26
	GM1-Gangliosidose	62
	Progressive Retinaatrophie (XL-PRA)	121
	Fellfarbe: B-Lokus seltene Varianten (be)	143
Irischer Glen of Imaal Terrier	Progressive Retinaatrophie (crd3-PRA)	113
Irischer Wolfshund	Startle Disease	130
Irish Red and White Setter	Canine Leukozyten-Adhäsionsdefizienz (CLAD)	29
	Progressive Retinaatrophie (rcd1-PRA)	119
	Progressive Retinaatrophie (rcd4-PRA)	120

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Irish Red Setter	Canine Leukozyten-Adhäsonsdefizienz (CLAD)	29
	Globoidzellen-Leukodystrophie (Krabbe)	61
	Progressive Retinaatrophie (rcd1-PRA)	119
	Progressive Retinaatrophie (rcd4-PRA)	120
Irischer Soft Coated Wheaten Terrier	Mikrophthalmie (RBP4)	88
	Paroxysmale Dyskinesie (PxD)	103
	Protein-Losing-Nephropathie (PLN)	122
Irischer Terrier	Digitale Hyperkeratose (DH/HFH)	44
Italienisches Windspiel	Amelogenesis imperfecta (AI/FEH)	28
	Fellfarbe: D-Lokus seltene Varianten (d3)	148
Jack Russell Terrier	Brachyurie (Stummelrute)	28
	Congenitales myasthenes Syndrom (CMS)	39
	Juvenile Enzephalopathie (JBD)	72
	Late onset Ataxie (LOA)	78
	Makrothrombozytopenie (MTC)	84
	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
	Schwere kombinierte Immundefizienz (SCID)	125
	Spinocerebelläre Ataxie (SCA)	127
Japan-Chin	GM2-Gangliosidose	63
Karelischer Bärenhund	Brachyurie (Stummelrute)	28
	Chondrodysplasie (Zwergwuchs)	35
	Hypophosphatasie (HPP)	69
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
	Zwergwuchs (hypophysäre Form)	138
Kerry Blue Terrier	Canine multiple Systemdegeneration (CMSD)	30
	Faktor XI-Defizienz (F11)	55
Kleiner Basset Griffon Vendeen	Primäres Weitwinkel-Glaukom (POAG)	109
Kleiner Münsterländer	Progressive Retinaatrophie (rcd4-PRA)	120

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Komondor	Imerslund-Gräsbeck-Syndrom (IGS)	71
Kooikerhondje	Nekrotisierende Myelopathie (ENM)	97
	Von-Willebrand-Krankheit Typ 3 (vWD 3)	135
Kroatischer Schäferhund	Brachyurie (Stummelrute)	28
Kromfohrländer	Digitale Hyperkeratose (DH/HFH)	44
Kuvasz	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
Labrador Retriever	Achromatopsie (Tagblindheit) (ACHM)	24
	Adipositas (ADI)	24
	Alexander-Krankheit (AxD)	27
	Centronukleäre Myopathie (CNM)	31
	Congenitales myasthenes Syndrom (CMS)	39
	Cystinurie	39
	Dyserythropoetische Anämie und Myopathie (DAMS)	49
	Exercise Induced Collapse (EIC)	53
	Hämophilie A (Faktor VIII-Defizienz)	64
	Hereditäre nasale Parakeratose (HNPK)	67
	Kupferspeicherkrankheit (CT)	75
	Larynxparalyse mit Polyneuropathie Typ 3 (LPPN3)	78
	Makrothrombozytopenie (MTC)	84
	Makuläre Hornhautdystrophie (MCD)	85
	Myotonia congenita	95
	Narkolepsie	96
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
	Pyruvatkinese-Defizienz (PK)	123
	Retinale Dysplasie (RD/OSD)	123
	Stargardt-Syndrom (retinale Degeneration) (STGD)	129
	X-linked Myopathie (XL-MTM)	137
	Zwergwuchs (Skeletale Dysplasie 2) (SD2)	138

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Lagotto Romagnolo	Juvenile Epilepsie (JE)	72
	Lagotto Speicherkrankheit (LSD)	77
	Neuroaxonale Dystrophie (NAD)	99
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
Lakeland Terrier	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
Lancashire Heeler	Charcot-Marie-Tooth Neuropathie (CMT)	34
	Collie-Eye-Anomalie (CEA)	36
	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
	Fellfarbe: B-Lokus seltene Varianten (be)	143
Landseer	Cystinurie	39
	Muskeldystrophie (MD)	93
	Thrombozytopathie	131
Langhaar Whippet (Silken Windsprite)	Collie-Eye-Anomalie (CEA)	36
	MDR1-Genvariante (Ivermectin-Überempfindlichkeit)	87
	Myostatin-Mutation („Bully“-Gen)	95
	Phosphofruktokinase-Defizienz (PFKD)	105
Lappländischer Rentierhund	Canine multifokale Retinopathie (CMR1/2/3)	30
	Glykogenspeicherkrankheit Typ II (Pompe) (GSDII)	62
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
	Progressive Retinaatrophie (IFT122-PRA)	116
	Zwergwuchs (hypophysäre Form)	138
Leonberger	Larynxpathalyse mit Polyneuropathie Typ 3 (LPPN3)	78
	Leonberger Polyneuropathie (LPN1 und LPN2)	79
	Leukoenzephalomyelopathie (LEMP)	80
Lhasa Apso	Hämophilie B (Faktor IX-Defizienz)	64
	Progressive Retinaatrophie (PRA4)	118
	Fellfarbe: C-Lokus (Albino)	143
Lucas Terrier	Primäre Linsenluxation (PLL)	108

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Magyar Vizsla (Drahthaar, Kurzhaar)	Disproportionierter Zwergwuchs	48
	Exfoliativer kutaner Lupus erythematoses (ECLE)	54
	Neonatale cerebelläre Abiotrophie (NCCD)	98
Malteser	Glykogenspeicherkrankheit Typ Ia (GSD Ia)	61
	Makrothrombozytopenie (MTC)	84
Manchester Terrier	Dilatative Kardiomyopathie (DCM)	45
	Xanthinurie Typ II	135
Markiesje	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
Mastiff	Canine multifokale Retinopathie (CMR1/2/3)	30
	Cystinurie	39
	Progressive Retinaatrophie (dom.-PRA)	114
McNab	MDR1-Genvariante (Ivermectin-Überempfindlichkeit)	87
Mexikanischer Nackthund	Felltyp: Haarlosigkeit	157
Miniature American Shepherd	Brachyurie (Stummelrute)	28
	Canine multifokale Retinopathie (CMR1/2/3)	30
	Collie-Eye-Anomalie (CEA)	36
	Hereditäre Ataxie (HA)	65
	Hereditäre Katarakt (HSF4)	66
	MDR1-Genvariante (Ivermectin-Überempfindlichkeit)	87
	Neuroaxonale Dystrophie (NAD)	99
	Neuronale Ceroidlipofuszinose (NCL)	100
	Primäre ciliäre Dyskinesie (PCD)	107
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
	Startle Disease	130
	Fellfarbe: B-Lokus seltene Varianten (b4)	143
	Larynxparalyse (LP)	77
Miniature Bull Terrier	Letale Akrodermatitis (LAD)	79
	Primäre Linsenluxation (PLL)	108

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Mittelasiatischer Schäferhund	Dystrophic Epidermolysis Bullosa (DEB)	50
Mops	May-Hegglin-Anomalie (MHA)	86
	Nekrotisierende Meningoenzephalitis (NME/PDE)	96
	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
	Pyruvatkinase-Defizienz (PK)	123
Mudi	Brachyurie (Stummelrute)	28
Neufundländer	Fellfarbe: D-Lokus seltene Varianten (d3)	148
	Cystinurie	39
	Lafora-Epilepsie	76
Neuseeländischer Huntaway	Mucopolysaccharidose Typ IIIa (MPS3a)	90
Norfolk Terrier	Epidermolytische Hyperkeratose (EHK)	52
	Makrothrombozytopenie (MTC)	84
	Muskeldystrophie (MD)	93
	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
Norrbottenspitz	Finnish Hound Ataxie (FHA)	58
Northern Inuit	Retinale Dysplasie (OSD)	124
Norwegischer Buhund	Hereditäre Ataxie (HA)	65
Norwegischer Elchhund	Chondrodysplasie (Zwergwuchs)	35
	Hereditäre Ataxie (HA)	65
	Primäres Weitwinkel-Glaukom (POAG)	109
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
Norwegischer Lundehund	Lundehundsyndrom (LHS)	83
Norwich Terrier	Nierendysplasie und Leberfibrose (RDHN)	101
	Oberes Luftweg-Syndrom (UAS)	102
	Primäre Linsenluxation (PLL)	108

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Nova Scotia Duck Tolling Retriever	Cerebelläre Degeneration mit Myositis (CDMC)	33
	Collie-Eye-Anomalie (CEA)	36
	Dilatative Kardiomyopathie (DCM)	45
	Lippen-Kiefer-Gaumenspalte und Syndaktylie (CLPS, CP1)	82
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
Old English Sheepdog	siehe Bobtail	
Olde English Bulldogge	Cystinurie	39
	Robinow-like-Syndrom (DVL2)	124
Österreichischer Pinscher	Brachyurie (Stummelrute)	28
Papillon	Faktor VII-Defizienz (F7)	55
	Neuroaxonale Dystrophie (NAD)	99
	Progressive Retinaatrophie (pap-PRA1)	117
	Amelogenesis imperfecta (AI/FEH)	28
Parson Russell Terrier	Congenitales myasthenes Syndrom (CMS)	39
	Juvenile Enzephalopathie (JBD)	72
	Late onset Ataxie (LOA)	78
	Makrothrombozytopenie (MTC)	84
	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
	Schwere kombinierte Immundefizienz (SCID)	125
	Spinocerebelläre Ataxie (SCA)	127
Patterdale Terrier	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
	Spinocerebelläre Ataxie (SCA)	127
Pekingese	Fellfarbe: C-Lokus (Albino)	143
Perro de Agua Español	siehe Spanischer Wasserhund	
Peruanischer Nackthund	Felltyp: Haarlosigkeit	157
Phalène	Faktor VII-Defizienz (F7)	55
	Progressive Retinaatrophie (pap-PRA1)	117

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Polnischer Niederungshütehund (PON)	Brachyurie (Stummelrute) Progressive Retinaatrophie (rcd4-PRA)	28 120
Portugiesischer Wasserhund	GM1-Gangliosidose Mikrophthalmie (RBP4) Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA) Progressive Retinaatrophie (eo-PRA) Felltyp: Improper Coat	62 88 118 114 157
Presa Canario	Canine multifokale Retinopathie (CMR1/2/3)	30
Pudel	GM2-Gangliosidose Makrothrombozytopenie (MTC) Neonatale Enzephalopathie (NEWS) Osteochondrodysplasie (OCD) Plattenepithelkarzinom (PEK) der Zehe – Risikoanalyse Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA) Progressive Retinaatrophie (rcd4-PRA)	63 84 98 102 105 118 120
Puli	Progressive Retinaatrophie (BBS4-PRA)	111
Pumi	Fellfarbe: D-Lokus seltene Varianten (d3)	148
Pyrenäen-Berghund	Canine multifokale Retinopathie (CMR1/2/3) Cerebelläre Ataxie (CA1) Glanzmann Thrombasthenie (GT)	30 32 59
Pyrenäen Schäferhund	Brachyurie (Stummelrute)	28
Rat Terrier	Congenitale Hypothyreose (CHG) Primäre Linsenluxation (PLL)	37 108
Rhodesian Ridgeback	Dermoidsinus (DS) Erbliche Taubheit (EOAD) Hämophilie A (Faktor VIII-Defizienz) Hämophilie B (Faktor IX-Defizienz) Juvenile myoklonische Epilepsie (JME) Ventrikuläre Arrhythmie (IVA)	44 52 64 64 73 132

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Riesenschnauzer	Dilatative Kardiomyopathie (DCM)	45
	Faktor VII-Defizienz (F7)	55
	Plattenepithelkarzinom (PEK) der Zehe – Risikoanalyse	105
	Progressive Retinaatrophie (NECAP1-PRA)	116
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
Rottweiler	Erbliche Taubheit (EOAD)	52
	Juvenile Larynxparalyse und Polyneuropathie (JLPP)	73
	Leukoenzephalomyelopathie (LEMP)	80
	Neuroaxonale Dystrophie (NAD)	99
	X-linked Myopathie (XL-MTM)	137
Russischer Schwarzer Terrier	Juvenile Larynxparalyse und Polyneuropathie (JLPP)	73
Saarlooswolfhund	PRA mit Neurodegeneration (PCYT2-Defizienz)	121
	Zwergwuchs (hypophysäre Form)	138
Saluki	Neuronale Ceroidlipofuszinose (NCL)	100
	Succinat-Semi-Aldehyd-Dehydrogenase-Defizienz (SSADHD)	131
	Fellfarbe: EG-Lokus (Grizzle)	148
Samojede	Amelogenesis imperfecta (AI/FEH)	28
	Familiäre Nephropathie (FN)	56
	Progressive Retinaatrophie (XL-PRA)	121
Schapendoes	Neuronale Ceroidlipofuszinose (NCL)	100
	Progressive Retinaatrophie (generalisierte PRA)	115
Schipperke	Brachyurie (Stummelrute)	28
	Mucopolysaccharidose Typ IIIb (MPS3b)	90
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
Schnauzer	Dilatative Kardiomyopathie (DCM)	45
	Leukoenzephalopathie (LEP)	81

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Schottischer Terrier	Craniomandibuläre Osteopathie (CMO) Von-Willebrand-Krankheit Typ 3 (vWD 3)	39 135
Schwedischer Lapphund	Canine multifokale Retinopathie (CMR1/2/3) Glykogenspeicherkrankheit Typ II (Pompe) (GSDII) Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	30 62 118
Schwedischer Wallhund (Västgötaspets)	Brachyurie (Stummelrute)	28
Schweizer Niederlaufhund	Progressive Retinaatrophie (MERTK-PRA)	116
Scottish Deerhound	Neuronale Ceroidlipofuszinose (NCL)	100
Sealyham Terrier	siehe Deerhound	
Shar Pei	Primäre Linsenluxation (PLL) Primäres Weitwinkel-Glaukom und Linsenluxation (POAG/PLL) Shar Pei autoinflammatory disease (SPAID)	108 109 126
Shetland Sheepdog (Sheltie)	Collie-Eye-Anomalie (CEA) Dermatomyositis (DMS) Gallenblasenmukozelen (GBM) Maxillary canine tooth mesioversion (MCM) MDR1-Genvariante (Ivermectin-Überempfindlichkeit) Paroxysmale exercise-induced Dyskinesie (PED) Progressive Retinaatrophie (BBS2-PRA) Progressive Retinaatrophie (CNGA1-PRA) Von-Willebrand-Krankheit Typ 3 (vWD 3)	36 43 58 86 87 104 111 112 135
Shiba	GM1-Gangliosidose GM2-Gangliosidose	62 63
Shih Tzu	Makrothrombozytopenie (MTC) Prækallikrein-Defizienz (KLK) Progressive Retinaatrophie (JPH2-PRA) Robinow-like-Syndrom (DVL2)	84 106 116 124

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Siberian Husky	siehe Husky	
Silken Windhound	Collie-Eye-Anomalie (CEA)	36
	MDR1-Genvariante (Ivermectin-Überempfindlichkeit)	87
Silken Windsprite	siehe Langhaar Whippet	
Sloughi	Progressive Retinaatrophie (rcd1a-PRA)	119
	Fellfarbe: D-Lokus seltene Varianten (d2)	148
Spanischer Wasserhund	Brachyurie (Stummelrute)	28
	Congenitale Hypothyreose (CHG)	37
	Neuroaxonale Dystrophie (NAD)	99
	Progressive Retinaatrophie (eo-PRA)	114
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
Spinone Italiano	Cerebelläre Ataxie (CA)	31
Spitz	Progressive Retinaatrophie (GUCY2D-PRA)	115
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
	siehe auch Großspitz bzw. Zwergspitz	
Stabijhoun	Cerebrale Dysfunktion (CDFS)	31
Staffordshire Bull Terrier	Hereditäre Katarakt (HSF4)	66
	L-2-Hydroxyglutaracidurie (L-2-HGA)	76
	Robinow-like-Syndrom (DVL2)	124
Sussex Spaniel	Pyruvat Dehydrogenase Phosphatase 1 Defizienz (PDP1)	122
Tamaskan	Retinale Dysplasie (OSD)	124
Tatra-Schäferhund	Progressive Retinaatrophie (rcd4-PRA)	120
Teddy Roosevelt Terrier	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
Tenterfield Terrier	Congenitale Hypothyreose (CHG)	37
	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
	Spinocerebelläre Ataxie (SCA)	127
Thailand-Ridgeback	Fellfarbe: D-Lokus seltene Varianten (d2)	148
Tibet Spaniel	Progressive Retinaatrophie (PRA3)	117

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Tibet-Terrier	Neuronale Ceroidlipofuszinose (NCL)	100
	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
	Progressive Retinaatrophie (PRA3)	117
	Progressive Retinaatrophie (rcd4-PRA)	120
	Zwergwuchs (hypophysäre Form)	138
Toy Fox Terrier	Congenitale Hypothyreose (CHG)	37
	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
	Spinocerebelläre Ataxie (SCA)	127
	Van den Ende-Gupta Syndrom (VDEGS)	132
Tschechoslowakischer Wolfhund	Zwergwuchs (hypophysäre Form)	138
Volpino Italiano	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
Wäller	Hereditäre Katarakt (HSF4)	66
	MDR1-Genvariante (Ivermectin-Überempfindlichkeit)	87
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
Weimaraner	Congenital Mirror Movement Disorder 1 (CMM1)	38
	Hypomyelinisierung/Shaking Puppy Syndrome (SPS)	69
	Lysosomale Speicherkrankheit (LSD)	83
	Neuralrohrdefekt (NTD)	98
	Paroxysmale exercise-induced Dyskinesie (PED)	104
Weißer Schweizer Schäferhund	Cerebelläre Hypoplasie (CH)	33
	MDR1-Genvariante (Ivermectin-Überempfindlichkeit)	87
	Zwergwuchs (hypophysäre Form)	138

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Welsh Corgi Cardigan	Brachyurie (Stummelrute)	28
	Lafora-Epilepsie	76
	Progressive Retinaatrophie (rcd3-PRA)	120
	X-chromosomal schwere kombinierte Immundefizienz (X-SCID)	136
	Fellfarbe: Saddle-Tan	152
Welsh Corgi Pembroke	Brachyurie (Stummelrute)	28
	Degenerative Myelopathie Risikomodifikator (DMRM)	42
	Exercise Induced Collapse (EIC)	53
	Lafora-Epilepsie	76
	X-chromosomal schwere kombinierte Immundefizienz (X-SCID)	136
Welsh Springer Spaniel	Fellfarbe: Saddle-Tan	152
	Dilatative Kardiomyopathie (DCM)	45
	Faktor VII-Defizienz (F7)	55
Welsh Terrier	Familiäre Nephropathie (FN)	56
	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
West Highland White Terrier	Craniomandibuläre Osteopathie (CMO)	39
	Globoidzellen-Leukodystrophie (Krabbe)	61
	Pyruvatkinase-Defizienz (PK)	123
Westfalen Terrier	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
Whippet	Myostatin-Mutation („Bully“-Gen)	95
	Phosphofruktokinase-Defizienz (PFKD)	105
Wolfsspitz	siehe Spitz	
Xoloitzcuintle	siehe Mexikanischer Nackthund	
Yorkshire Terrier	L-2-Hydroxyglutaracidurie (L-2-HGA)	76
	Primäre Linsenluxation (PLL)	108
	Progressive Retinaatrophie (prcd-PRA)	118
	Subakute nekrotisierende Enzephalopathie (SNE)	130

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Zwergpinscher	Cystinurie	39
	Mukopolysaccharidose Typ VI (MPS6)	91
Zwergschnauzer	Charcot-Marie-Tooth Neuropathie (CMT)	34
	Müller-Gang-Persistenz-Syndrom (PMDS)	92
	Mycobacterium-avium-Komplex-Sensitivität (MAC)	94
	Myotonia congenita	95
	Progressive Retinaatrophie (B1-PRA, HIVEP3)	121
	Spondylokokstale Dysostose (Comma Defekt)	127
Zwergspitz	Gallenblasenmukozelen (GBM)	58
	Methämoglobinämie (MetHg)	88
	Progressive Retinatrophie (prcd-PRA)	118
	Progressive Retinatrophie (rcd3-PRA)	120
	Vitamin-D-abhängige Rachitis (VDR)	134
	Fellfarbe: C-Lokus (Albino, caL)	143

Katze

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Alle Rassen	Congenitale Hypothyreose (CH)	164
	Cystinurie	165
	Faktor XII-Defizienz (F12)	166
	Genetische Blutgruppe (alle Rassen außer Europäisch Kurzhaar)	186
	MDR1-Genvariante	170
	Mucopolysaccharidose Typ VII (MPS7)	171
	Myotonia congenita	171
	Polydaktylie	172
	DNA-Profil (ISAG 2006 bzw. ISAG 2020)	188
	Fellfarben und Haarlänge: Prinzipiell gelten sämtliche Fellfarb- und Haarlängetests für alle Rassen. Ausnahmen sind bei der jeweiligen Rasse aufgeführt.	178
	LABOGenetics XXL Katze	187

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Abessinier	Progressive Retinaatrophie (rdAc-PRA)	175
	Progressive Retinaatrophie (rdy-PRA)	176
	Pyruvakinase-Defizienz (PK)	176
Ägyptische Mau	Pyruvakinase-Defizienz (PK)	176
American Curl/Wirehair	Progressive Retinaatrophie (rdAc-PRA)	175
Angora	Polyzystische Nierenerkrankung (PKD)	173
	Progressive Retinaatrophie (pd-PRA)	174
	Pyruvakinase-Defizienz (PK)	176
Australische Schleierkatze	Hypokaliämie	169
Balinese	Gangliosidose (GM1)	167
	Mucopolysaccharidose Typ VI (MPS6)	170
	Progressive Retinaatrophie (rdAc-PRA)	175

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Bengal	Epileptische Enzephalopathie (EE)	165
	Progressive Retinaatrophie (b-PRA)	174
	Progressive Retinaatrophie (rdAc-PRA)	175
	Pyruvakinase-Defizienz (PK)	176
	Fellfarbe: Charcoal	178
Britisch Kurzhaar (BKH)	Fellfarbe: Snow	182
	Autoimmunes lymphoproliferatives Syndrom (ALPS)	163
	Polyzystische Nierenerkrankung (PKD)	173
	Progressive Retinaatrophie (pd-PRA)	174
	Skeletale Dysplasie (SD)	177
Britisch Langhaar	Farbvariante: Gold (Kupfer/Sunshine)	179
	Polyzystische Nierenerkrankung (PKD)	173
	Progressive Retinaatrophie (pd-PRA)	174
Burma	Gangliosidose (GM2)	167
	Head Defect	168
	Hypokaliämie	169
	Fellfarbe: Russet	183
Chartreux	Polyzystische Nierenerkrankung (PKD)	173
	Progressive Retinaatrophie (pd-PRA)	174
Colourpoint	Polyzystische Nierenerkrankung (PKD)	173
	Progressive Retinaatrophie (pd-PRA)	174
	Progressive Retinaatrophie (rdAc-PRA)	175
Cornish Rex	Hypokaliämie	169
	Progressive Retinaatrophie (rdAc-PRA)	175
Devon Rex	Congenitales myasthenes Syndrom (CMS)	164
	Hypokaliämie	169
	Felltyp: Devon Rex	185
Europäisch Kurzhaar (EKh)	Mucopolysaccharidose Typ VI (MPS6)	170
	Pyruvatinase-Defizienz (PK)	176

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Exotische Kurzhaar	Polyzystische Nierenerkrankung (PKD)	173
	Progressive Retinaatrophie (pd-PRA)	174
Heilige Birma	Hypotrichose und Kurzlebigkeit	170
	Mucopolysaccharidose Typ VI (MPS6)	170
	Polyzystische Nierenerkrankung (PKD)	173
	Progressive Retinaatrophie (pd-PRA)	174
Javanese	Gangliosidose (GM1)	167
	Mucopolysaccharidose Typ VI (MPS6)	170
	Progressive Retinaatrophie (rdAc-PRA)	175
Karthäuser	Polyzystische Nierenerkrankung (PKD)	173
	Progressive Retinaatrophie (pd-PRA)	174
Korat	Atherosklerose (ATH)	163
	Gangliosidose (GM1 und GM2)	167
Kurilen Bobtail	Farbvariante: Gold (Kupfer/Sunshine)	179
	Fellfarbe: Copal	183
LaPerm	Pyruvakinase-Defizienz (PK)	176
Maine Coon	Blauäugigkeit	163
	Faktor XI-Defizienz (F11)	166
	Hypertrophe Kardiomyopathie (HCM)	168
	Pyruvakinase-Defizienz (PK)	176
	Spinale Muskelatrophie (SMA)	177
Munchkin	Progressive Retinaatrophie (rdAc-PRA)	175
Neva Masquerade	Polyzystische Nierenerkrankung (PKD2)	173
Norwegische Waldkatze	Glykogenspeicherkrankheit Typ IV (GSD4)	167
	Pyruvakinase-Defizienz (PK)	176
	Fellfarbe: Amber	183
Ocicat	Progressive Retinaatrophie (rdAc-PRA)	175
	Progressive Retinaatrophie (rdy-PRA)	176
	Pyruvakinase-Defizienz (PK)	176

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Orientalisch Kurzhaar (OKH)	Gangliosidose (GM1)	167
	Mucopolysaccharidose Typ VI (MPS6)	170
	Progressive Retinaatrophie (rdAc-PRA)	175
Perser	Alpha-Mannosidose (AMD)	162
	Polyzystische Nierenerkrankung (PKD)	173
	Progressive Retinaatrophie (pd-PRA)	174
Peterbald	Gangliosidose (GM1)	167
	Mucopolysaccharidose Typ VI (MPS6)	170
	Progressive Retinaatrophie (rdAc-PRA)	175
Ragdoll	Hypertrophe Kardiomyopathie (HCM)	168
	Mucopolysaccharidose Typ VI (MPS6)	170
	Polyzystische Nierenerkrankung (PKD)	173
	Progressive Retinaatrophie (pd-PRA)	174
Russisch Blau	Polyzystische Nierenerkrankung (PKD)	173
	Progressive Retinaatrophie (pd-PRA)	174
Savannah	Pyruvatkinease-Defizienz (PK)	176
Schottische Faltohrkatze	Autoimmunes lymphoproliferatives Syndrom (ALPS)	163
	Osteochondrodysplasie (OCD)	172
	Polyzystische Nierenerkrankung (PKD)	173
	Progressive Retinaatrophie (pd-PRA)	174
	Skeletale Dysplasie (SD)	177
Selkirk Rex	Polyzystische Nierenerkrankung (PKD)	173
	Progressive Retinaatrophie (pd-PRA)	174
	Felltyp: Curly	186
Seychellois	Gangliosidose (GM1)	167
	Mucopolysaccharidose Typ VI (MPS6)	170
	Progressive Retinaatrophie (rdAc-PRA)	175

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Siam	Gangliosidose (GM1)	167
	Mucopolysaccharidose Typ VI (MPS6)	170
	Primäres erbliches Glaukom (PCG)	174
	Progressive Retinaatrophie (rdAc-PRA)	175
Sibirische Katze	Farbvariante: Gold (Kupfer/Sunshine)	179
	Polyzystische Nierenerkrankung (PKD2)	173
	Pyruvatkinease-Defizienz (PK)	176
Singapura	Hypokaliämie	169
	Progressive Retinaatrophie (rdAc-PRA)	175
	Pyruvatkinease-Defizienz (PK)	176
Somali	Progressive Retinaatrophie (rdAc-PRA)	175
	Progressive Retinaatrophie (rdy-PRA)	176
	Pyruvatkinease-Defizienz (PK)	176
Sphynx	Congenitales myasthenes Syndrom (CMS)	164
	Hypertrophe Kardiomyopathie (HCM)	168
	Hypokaliämie	169
	Felltyp: Sphynx	185
Thai	Gangliosidose (GM1)	167
	Mucopolysaccharidose Typ VI (MPS6)	170
	Progressive Retinaatrophie (rdAc-PRA)	175
Tonkanese	Gangliosidose (GM1)	167
	Hypokaliämie	169
	Mucopolysaccharidose Typ VI (MPS6)	170
	Progressive Retinaatrophie (rdAc-PRA)	175
Türkisch Van	Acrodermatitis enteropathica (AE)	162

Pferd

Für alle Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Alle Rassen	Equine maligne Hyperthermie (EMH) Polysaccharid-Speicher-Myopathie (PSSM) DNA-Profil	192 200 221
	Fellfarben und Haarstruktur: Prinzipiell gelten sämtliche Fellfarb- und Haarstrukturtests für alle Rassen. Ausnahmen sind bei der jeweiligen Rasse aufgeführt.	205

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Achal-Tekkiner	Naked Foal Syndrome (NFS)	199
American Bashkir Curly Horse	SynchroGait (DMRT3)	218
American Miniature Horse	siehe Miniature Horse	
American Saddlebred	Junctional Epidermolysis Bullosa (JEB2) SynchroGait (DMRT3)	198 218
Appaloosa	Glycogen-Branching-Enzym-Defizienz (GBED) Hereditäre equine regionale dermale Astenie (HERDA) Hyperkaliämische periodische Paralyse (HYPP) Immune Mediated Myositis & MYH1 Myopathy (MYHM) SynchroGait (DMRT3) Tödlicher weißer Overodefekt (OLWS) Warmblood Fragile Foal Syndrome (WFFS) Fellfarbe: Appaloosa Pattern-1 (PATN1)	193 194 195 197 218 202 202 205
Araber	Cerebelläre Abiotrophie (CA) Lavender Foal Syndrome (LFS) Occipitoatlantoaxial Malformation (OAAM) Schwere kombinierte Immundefizienz (SCID)	191 198 199 201

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Belgisches Kaltblut	Junctional Epidermolysis Bullosa (JEB1)	197
	Ocular Squamous Cell Carcinoma (SCC)	200
Connemara Pony	Hoof Wall Separation Disease (HWSD)	194
Dales Pony	Foal Immunodeficiency Syndrome (FIS)	193
Deutsches Reitpony	Hoof Wall Separation Disease (HWSD)	194
	Warmblood Fragile Foal Syndrome (WFFS)	202
Englisches Vollblut	Idiopathic hypocalcemia	196
	Speed-Gen	217
	Tractability	219
	Warmblood Fragile Foal Syndrome (WFFS)	202
Fell Pony	Foal Immunodeficiency Syndrome (FIS)	193
Friese	Distichiasis	191
	Hydrocephalus	195
	Zwergwuchs	203
Gypsy Cob	Fellfarbe: Snowdrop	213
Haflinger	Ocular Squamous Cell Carcinoma (SCC)	200
	Warmblood Fragile Foal Syndrome (WFFS)	202
Isländer	SynchroGait (DMRT3)	218
Kentucky Mountain Saddle Horse	SynchroGait (DMRT3)	218
Mangalarga Marchador	SynchroGait (DMRT3)	218
Miniature Horse	Hoof Wall Separation Disease (HWSD)	194
	Skelettatavismus (SA)	201
	SynchroGait (DMRT3)	218
	Zwergwuchs (ACAN; Chondrodysplasie)	204
Missouri Foxtrotter	Nachtblindheit (CSNB2)	198
	SynchroGait (DMRT3)	218
Morgan Horse	SynchroGait (DMRT3)	218
Mustang	Warmblood Fragile Foal Syndrome (WFFS)	202
New Forest Pony	Erbliche Myotonie	193

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Paint Horse	Glycogen-Branching-Enzym-Defizienz (GBED)	193
	Hereditäre equine regionale dermale Asthenie (HERDA)	194
	Hyperkaliämische periodische Paralyse (HYPP)	195
	Immune Mediated Myositis & MYH1 Myopathy (MYHM)	197
	SynchroGait (DMRT3)	218
	Tödlicher weißer Overodefekt (OLWS)	202
	Warmblood Fragile Foal Syndrome (WFFS)	202
Paso Fino	SynchroGait (DMRT3)	218
	Tiger Eye	215
Paso Peruano	SynchroGait (DMRT3)	218
Quarter Horse	Androgeninsensitivitätssyndrom (AR1)	190
	Equine juvenile spinozerebelläre Ataxie (EJSCA)	192
	Glycogen-Branching-Enzym-Defizienz (GBED)	193
	Hereditäre equine regionale dermale Asthenie (HERDA)	194
	Hyperkaliämische periodische Paralyse (HYPP)	195
	Immune Mediated Myositis & MYH1 Myopathy (MYHM)	197
	SynchroGait (DMRT3)	218
	Tödlicher weißer Overodefekt (OLWS)	202
	Warmblood Fragile Foal Syndrome (WFFS)	202
Shetlandpony	Skelettataivismus (SA)	201
	Zwergwuchs (ACAN; Chondrodysplasie)	204
	Fellfarbe: Mushroom	211
Skandinavischer Kaltbluttraber	SynchroGait (DMRT3)	218

Rassen	Validierte Testmöglichkeiten	Seite
Tennessee Walking Horse	Androgeninsensitivitätssyndrom (AR2, AR3, AR4, AR5)	190
	Nachtblindheit (CSNB2)	198
	SynchroGait (DMRT3)	218
Tinker	Fellfarbe: Snowdrop	213
Traber	Nachtblindheit (CSNB2)	198
	SynchroGait (DMRT3)	218
Vollblut	Androgeninsensitivitätssyndrom (AR2, AR3, AR4, AR5)	190
Warmblut	Androgeninsensitivitätssyndrom (AR2, AR3, AR4, AR5)	190
	Warmblood Fragile Foal Syndrome (WFFS)	202
	Größentest Pferd	217

Stichwortverzeichnis

Symbol

αIIb-Gen	59
β1-Tubulin-Gen.....	84
A	
A31P-Mutation.....	168
ABCA4-Gen.....	129
ABC B4-Gen.....	59
Abiotrophie, cerebelläre (Pferd).....	191
Abiotrophie, neonatale cerebelläre (Hund).....	98
Abstammungsgutachten	221
ACADM-Gen.....	87
ACAN.....	204
ACHM.....	24
Achromatopsie	24
Acrodermatitis enteropathica	162
ADAMTS3-Gen	102
ADAMTS20-Gen	82
ADI.....	24
Adipositas	24
AE.....	162
AFG	25
Afibrinogenämie	25
Agouti (Hund).....	139, 140
Agouti (Katze).....	178
Agouti (Pferd).....	205
AHE.....	26
AI	28
Akatalasämie	25
Akrodermatitis, letale.....	79
Alaskan-Husky-Enzephalopathie	26
Alaskan-Malamute-Polyneuropathie	27
Albino (Hund).....	143
Albino (Katze).....	182
Alexander-Krankheit.....	27
A-Lokus (Hund).....	139, 140
A-Lokus (Katze).....	178
A-Lokus (Pferd).....	205
Alpha-Mannosidose.....	162
ALPL.....	69

ALPS.....	163
AMD	162
Amelogenesis imperfecta.....	28
AMPN	27
AMS	25
Anämie, dyserythropoetische	49
Androgeninsensitivitätssyndrom.....	190
ANLN-Gen	26
Appaloosa Pattern 1	205
AR1.....	190
AR2-AR5	190
ARDS.....	26
ARHGEF10-Gen	79
Arrhythmie, ventrikuläre	132
ASIP	139
ASIP-Analyse	140
Asthenie, hereditäre equine regionale	194
Ataxie, cerebelläre	31, 32
Ataxie, equine juvenile spinozerebelläre	192
Ataxie, hereditäre	65
Ataxie, spinocerebelläre	127
ATH	163
Atherosklerose	163
ATP7A	75
ATP7B	75
Ausprägung, phänotypische	23
autosomal-dominant	22
autosomal-rezessiv	21
AxD	27
B	
B1-PRA, HIVEP3	121
Backenabstriche	18
Bandscheibenvorfall	35
Bas-PRA1	110
BBS2-Gen	111
BBS2-PRA	111
BBS4-PRA	111
Befundübermittlung	19
betroffen	21, 22
Blauäugigkeit	163

B-Lokus (Hund).....	139, 143	CH.....	33, 164
B-Lokus (Katze)	180	Champagne	207
Blutgruppe, genetische.....	186	Charcoal.....	178
Blutprobe.....	18	Charcot-Marie-Tooth Neuropathie	34
Bluttransfusionen.....	186	CHG.....	37
Blutung, postoperative	106	Chocolate	180
Blutungsneigung, postoperative	106	Chondrodysplasie (Hund).....	35
b-PRA.....	174	Chondrodysplasie (Pferd)	204
Brachyurie.....	28	Chondrodysplasie und -dystrophie.....	35
Braun (Hund).....	139, 143	CHST6-Gen	85
Braun (Katze).....	180	CIM.....	38
Braun/Rappe	205	Cinnamon	180
Brindle 1 (Pferd)	206	Citrat.....	18
Brindle (Hund)	150	CJM	74
Bully-Gen.....	95	CLAD	29
Bunny-Hopping-Syndrom.....	38	CLCN1-Gen.....	193
Burma (Fellfarbe).....	181	C-Lokus (Hund).....	143
Burmese Head Defect	168	C-Lokus (Katze)	181
C		CLPS	82
C3-Defizienz.....	29	CMM1.....	38
CA1 (Hund).....	32	CMO	39
CACA.....	137	CMR1/2/3	30
CA (Hund).....	31	CMSD	30
caL.....	144	CMS (Hund)	39
Camarillo White W4	206	CMS (Katze)	164
CA (Pferd).....	191	CMT	34
CAPN1-Gen	78	CNFB3-Gen	37
CARD9-Gen	94	CNGA1-PRA	112
CARMIL2-Gen	108	CNM	31
CCS.....	49	CNP-Gen	83
CD	37	Cocoa.....	144
CDFS.....	34	COL6A3-Gen	93
CDH23-Gen.....	53	COL7A1-Gen	50
CDMC.....	33	COL9A3-Gen	124
CDN.....	57	COL11A1-Gen	92
CDPA/CDDY.....	35	Collie-Eye-Anomalie	36
CEA.....	36	Colourpoint	181
CED	157	COLQ-Gen	164
CEP290-Gen	175	Comma Defekt	127
Cerebelläre Hypoplasie.....	33	COMMID1-Gen	74
Ceroidlipofuszinose, neuronale	100, 101	Cone Degeneration	37
CFA36-Gen.....	98	Congenitale Hypothyreose	164

Congenitales myasthenes	
Syndrom (Hund).....	39
Congenitales myasthenes	
Syndrom (Katze)	164
Congenital Mirror Movement	
Disorder 1 (CMM1)	38
Congenital Stationary Night Blindness	96
Copal.....	183
cord1-PRA/crd4-PRA.....	112
Corny Feet.....	45
CP1-Gen.....	82
crd3-PRA.....	113
crd-PRA.....	112, 113
Cream.....	207
CRH.....	36
CRX-Gen.....	176
CSNB2 (Pferd).....	198
CSNB (Hund)	96
Curly (Hund).....	156
Curly (Katze)	186
Curly (Pferd).....	216
CYB5R3-Gen	88
Cystinurie (Hund)	39
Cystinurie (Katze).....	165
D	
DAMS.....	49
Dandy-Walker-Like Malformation.....	40
DCM	45
DCM1-4, Dobermann.....	46
DEB	50
Degeneration, cerebelläre, mit Myositis..	33
Degeneration, retinale	129
Degeneration, spongiöse	
mit cerebellärer Ataxie.....	128
Dental-Skeletal-Retinal Anomaly.....	42
DEPOH.....	106
Dermatomyositis	43
Dermoidsinus	44
Devon Rex (Felltyp).....	185
DH/HFH	44
Diathese, hämorrhagische.....	65
Dilatative Kardiomyopathie.....	45, 46
Dilution (Hund).....	139, 145
Dilution (Katze)	182
DINGS1.....	53
DINGS2	53
Distichiasis	191
DKK4-Gen	179
DLA-DRB1	43
DLA-Typisierung.....	158
D-Lokus (Hund).....	139, 145, 148
D-Lokus (Katze).....	182
DM.....	41
DMRM.....	42
DMRT3.....	218
DMS.....	43
DNA-Profil	221
DNA-Profil (Hund).....	160, 188
DNA-Profil (Hund) (Classic)	160
DNA-Profil (Hund) (Premium).....	160
DNA-Profil (Katze) (Classic)	188
DNA-Profil (Katze) (Premium).....	189
DNA-Profil (Pferd)	220
DNM1-Gen	54
Dominant White (Katze).....	184
Dominant White (Pferd)	207
Double Coat	155
Dry Eye Curly Coat Syndrome	49
DS	44
DSRA	42
Dun	208
DVL2-Gen	124
DWLM	40
Dysfunktion, cerebrale.....	34
Dyskinesie, paroxysmale.....	103
Dyskinesie, paroxysmale	
(exercise-induced)	104
Dyskinesie, primäre ciliäre	107
Dysostose, spondylokokstale	127
Dysplasie, canine ektodermale	157
Dysplasie, ektodermale.....	50
Dysplasie, okulo-skeletale.....	124
Dysplasie, retinale	123, 124
Dysplasie, skeletale (Hund).....	138
Dysplasie, skeletale (Katze)	177

Dysplasie, x-chromosomal retinale	136	Erbliche Taubheit	53
Dystrophic Epidermolysis Bullosa	50	Exercise Induced Collapse	53
Dystrophie, neuroaxonale.....	99	Exercise Induced Metabolic Myopathy ...	31
E			
ECLE.....	54	Expressivität.....	23
ED.....	50	Extension.....	183
EDTA-Blutprobe.....	18	F	
EE	165	F7.....	55
EF	52	F11-Gen.....	55
EHBP1L1-Gen.....	50	Faktor IX-Defizienz.....	64
EHK.....	52	Faktor VII-Defizienz (F7)	55
EIC	53	Faktor VIII-Defizienz.....	64
EIMM.....	31	Faktor XI-Defizienz (Hund).....	55
Einzelnachweis.....	20	Faktor XI-Defizienz (Katze).....	166
EJSCA.....	192	Faktor XII-Defizienz	166
E-Lokus.....	139, 148, 149	Faltendoggen-Syndrom.....	55
EMH.....	192	FAM161A-Gen.....	118
ENAM-Gen	28	Familiäres Schilddrüsenkarzinom.....	56
Endothelin-B-Rezeptor-Gen.....	202	Fanconi-Syndrom.....	57
ENM.....	97	Farbverdünnung und neurologische Defekte	57
Enzephalopathie, epileptische.....	165	FEH	28
Enzephalopathie, juvenile.....	72	Fellfarbe (Hund).....	139
Enzephalopathie, mitochondriale.....	89	Fellfarbe (Katze).....	178
Enzephalopathie, neonatale.....	98	Fellfarbe, Katze, XXL-Paket.....	187
Enzephalopathie, subakute nekrotisierende	130	Fellfarbe (Pferd).....	205
EOAD.....	52	FG5-Gen	185
eo-PRA	114	FGA-Gen	25
Epidermolysis bullosa	50	FGF5-Gen	154, 156
Epilepsie, juvenile myoklonische	73	FHA.....	58
Episodic Falling	52	Fingerabdruck, genetischer	221, 223
EPM2B.....	76	Finnish Hound Ataxie.....	58
EPS8L2-Gen	53	FIS.....	193
Erbgang, autosomal-dominant.....	22	FN.....	56
Erbgang, autosomal-rezessiv	21	Foal Immunodeficiency Syndrome	193
Erbgang, geschlechtsgebunden.....	22	FOXI3-Gen (FOXY-Gen).....	157
Erbgang, gono...somal.....	22	FOXN1-Gen.....	170
Erbgang, X-chromosomal.....	22	frei	21, 22
Erbkrankheiten, Hund	24	FTFC	56
Erbkrankheiten, Katze.....	162	FTSJ3-Gen.....	86
Erbkrankheiten, Katze, XXL-Paket	187	Fuchsfarben.....	209
Erbkrankheiten, Pferd.....	190	Fukosidose	58
		Furnishing	155

FYCO1-Gen.....	66	Hämophilie B.....	64
G		Harlekin.....	149
Gallenblasenmukozelen	58	HC.....	66
Gangliosidose (Hund).....	62, 63	HCM.....	168
Gangliosidose (Katze)	167	Head Defect	168
GBED	193	Heat-Shock-Factor-4-Gen	66
GCS.....	63	Heparin.....	18
Genotypen.....	21, 22	HERDA.....	194
GFAP	27	HES7-Gen.....	128
GG.....	60	heterozygot.....	21, 22
GHN.....	68	Heterozygotie.....	161
GJA9-Gen.....	79	HEXB.....	63
Glanzmann-Thrombasthenie.....	59	H-Lokus.....	149
Glasknochenkrankheit.....	59	HMLR.....	31
Glaukom, primäres erbliches.....	174	HNPK.....	67
Glaukom und Goniodysgenesie.....	60	homozygot.....	21, 22
Gliedergürteldystrophie.....	60	Hoof Wall Separation Disease.....	194, 195
Globoidzellenleukodystrophie	61	Hornhautdystrophie, makuläre	85
Glycogen-Branching-Enzym-Defizienz.	193	HSF4.....	66
Glykogenspeicherkrankheit (Hund)....	61, 62	HSF4-Gen.....	66
Glykogenspeicherkrankheit (Katze)	167	HUU/SLC.....	68
GM (Hund).....	62, 63	HWSD.....	194
GM (Katze).....	167	Hydrocephalus.....	195
Gold (Kupfer).....	179	Hydroxyglutaracidurie.....	76
gonosomal.....	22	Hyperkeratose, digitale	44
Graying	209	Hyperkeratose, epidermolytische.....	52
Grey Collie Syndrome.....	63	Hyperoxalurie, primäre	107
Größtentest (Pferd).....	217	Hyperpigmentierung.....	210
GR-PRA1 und GR-PRA2.....	115	Hyperthermie, equine maligne	192
GSD (Hund).....	61, 62	Hyperthermie, maligne.....	85
GSD (Katze)	167	Hyperurikosurie und Hyperurikämie	68
GT.....	59	Hypokaliämie.....	169
GUCY2D-PRA.....	115	Hypomyelinisierung	69
H		Hypoplasie, chorioretinale.....	36
HA.....	65	Hypothyreose, congenitale.....	37
Haaren.....	155	Hypotrichose und Kurzlebigkeit.....	170
Haarlänge (Hund).....	154	HYPP	195
Haarlosigkeit.....	157	I	
Haarstruktur (Hund).....	154	IBA57-Gen	97
Haarstruktur (Pferd)	216	Ichthyose	55, 70
Haarwurzeln.....	19	Ichthyose Typ 2	71
Hämophilie A.....	64	Idiopathic hypocalcaemia	196

IFT122-PRA	116	Katarakt, hereditäre	66
IGS	71	kbr	150
I-Lokus	150	Kehlkopflähmung	77
IM	51	KIT-Gen	152, 184, 206
Imerslund-Gräsbeck-Syndrom	71	KLK	106
IMM	197	K-Lokus (brindle)	151
Immundefizienz, primäre Typ 2	108	K-Lokus (KB-Allel)	150
Immundefizienz, schwere kombinierte (Hund)	125	Krabbe-Krankheit	61
Immundefizienz, schwere kombinierte (Pferd)	201	Kraushaar (Hund)	156
Immundefizienz, X-chromosomal schwere kombinierte	136	KRT10-Gen	52
Improper Coat	157	KRT25-Gen	217
Incontinentia pigmenti	210	KRT71-Gen	186
Intervertebral Disc Disease	35	KTR71-Gen	156
IP	210	Kupferspeicherkrankheit	74, 75
IPD	51	Kurzhaar (Hund)	154
ISAG	221	Kurzhaar (Katze)	184
Isoerythrolyse, neonatale	187	ky	150
ITPR1-Gen	32	L	
IVA	132	L-2-HGA	76
IVDD	35	Labogenetics XXL Hund	159
Ivermectin-Überempfindlichkeit	87, 170	Labogenetics XXL Katze	187
J		LAD	79
JBD	72	LAD3	82
JE	72	Lafora-Epilepsie	76
JEB1 (Pferd)	197	Lagotto-Speicherkrankheit	77
JEB2 (Pferd)	198	LAMP3	80
JEB (Hund)	71	Langhaar (Hund)	154
JLPP	73	Langhaar (Katze)	184
JME	73	Larynxparalyse	77
JPH2-Gen	116	Larynxparalyse mit Polyneuropathie Typ 3	78
JPH2-PRA	116	Larynxparalyse und Polyneuropathie, juvenile (JLPP)	73
Junctional epidermolysis bullosa (Hund)	71	Late onset Ataxie	78
Junctional epidermolysis bullosa (Pferd)	197, 198	Lavender Foal Syndrome	198
Juvenile Epilepsie	72	LCORL-Gen	217
K		Leistungsbereitschaft (Pferd)	219
Kardiomyopathie, hypertrophe	168	LEMP	80
Kardiomyopathie mit Welpensterblichkeit	74	Leonberger Polyneuropathie	79
Leopard complex		Leopard complex	210
LEP		LERNbereitschaft (Pferd)	81
Lernbereitschaft (Pferd)		LERNbereitschaft (Pferd)	219

Leukoenzephalomyelopathie	80	MDR1-Genvariante (Hund).....	87
Leukoenzephalomyelopathie, spongiforme	128	MDR1-Genvariante (Katze).....	170
Leukoenzephalopathie	81	Megaösophagus, congenitaler.....	38
Leukozyten-Adhäsiionsdefizienz, canine	29	Merle-Allele.....	151
Leukozyten-Adhäsiionsdefizienz III	82	MERTK-PRA.....	116
LFS	198	Methämoglobinämie.....	88
LGMD	60	MetHg.....	88
LHS	83	MFE.....	89
Linsenluxation, primäre.....	108	MFF-Gen	89
Lippen-Kiefer-Gaumenspalte und Syndaktylie	82	MH.....	85
LOA	78	MHA	86
LOXHD1-Gen	52	Mikroenzephalitis, nekrotisierende.....	96
LP	77	Mikrophthalmie	88
LPN	79	Mikrosatelliten.....	223
LPPN3	78	MISRII-Gen	92
LSD	77, 83	Mitralklappenendokardiose	90
LTBP3-Gen	177	M-Lokus	151
Luftweg-Syndrom, oberes	102	MLPH.....	139
Lundehundsyndrom.....	83	MLS.....	93
Lungenerkrankung, entzündliche.....	51	MMVD	90
Lungenerkrankung, letale	80	MOCOS-Gen	136
Lungenversagen, akutes	26	MOD	92
Lupus erythematoses, exfoliativer kutaner.....	54	MPS3a	90
Lysosomale Speicherkrankheit	83	MPS3b	90
M		MPS6	91, 170
MAC	94	MPS7	91, 171
Makrothrombozytopenie	84	MSTN-Gen	217
MAN2B1-Gen	84	MTC	84
Mannosidose	162	MTM1-Gen	137
MAP3K7CL	43	MTMR13-Gen	34
MATP-Gen	207	Mucopolysaccharidose (Hund)	90, 91
Maxillary canine tooth mesioversion	86	Mucopolysaccharidose (Katze)	170, 171
May-Hegglin-Anomalie	86	Müller-Gang-Persistenz-Syndrom	92
MC1R-Gen	139, 148, 184	Multiple okuläre Defekte	92
MC5R-Gen	156	Mushroom	211
MCAD-Defizienz	87	Muskelerkrankung, spinale	177
MCD	85	Muskeldystrophie	93
MCM	86	Musladin-Lueke-Syndrom	93
MD	93	Mutilationssyndrom, akrales	25
		MYBPC3-Gen	169
		Mycobacterium-avium- Komplex-Sensitivität	94
		Myelopathie, degenerative	41

Myelopathie, degenerative,	
Risikomodifikator	42
MYH9-Gen	86
MYHM	197
MYO5A-Gen.....	57
MYO7A-Gen	53
Myopathie.....	49
Myopathie, centronukleäre.....	31
Myopathie, entzündliche.....	51
Myopathie, hereditäre	31
Myopathie, MYH1-.....	197
Myopathie, Nemalin-	97
Myopathie, Polysaccharid-Speicher-....	200
Myopathie, X-linked.....	137
Myositis, immune mediated.....	197
Myostatin-Gen	217
Myostatin-Mutation.....	95
Myotonia congenita (Hund).....	95
Myotonia congenita (Katze)	171
Myotonie, erbliche (Pferd).....	193
N	
Nachtblindheit (Hund).....	96, 110
Nachtblindheit (Pferd).....	198
NAD	99
Naked Foal Syndrome.....	199
NAPEPLD-Gen.....	.81
Narkolepsie	96
NCCD	98
NCL.....	100, 101
NEB-Gen	98
NEBL-Gen	90
NECAP1-PRA.....	117
Nekrotisierende Myelopathie	97
Nemalin-Myopathie.....	97
Neonatale cerebelläre Abiotrophie	98
Nephropathie, familiäre.....	56
Neuralrohrdefekt	98
Neuropathie, Charcot-Marie-Tooth-	34
Neuropathie, hereditäre.....	68
Neuropathie, sensorische.....	125
Neutropenie, canine zyklische	63
NEWS	98
NFS	199
NHEJ1-Gen.....	36
NHLRC1-Gen.....	76
Nierendysplasie und Leberfibrose.....	101
Nierenerkrankung,	
polyzystische (Hund).....	105
Nierenerkrankung,	
polyzystische (Katze)	173
Nierenzellkarzinom	
und noduläre Dermatofibrose	101
NKX2-8-Gen.....	99
NM.....	97
NME.....	96
NPHP4-Gen	113
NTD.....	98
O	
OA.....	144
OAAM.....	199
OCA	144
Occipitoatlantoaxial Malformation.....	199
OCD.....	102, 172
Ocular Squamous Cell Carcinoma.....	200
OLWS.....	202
OSD	124
Osteochondrodysplasie.....	102, 172
Osteogenesis imperfecta.....	59
Osteopathie, craniomandibuläre	39
Overodefekt, tödlicher weißer	202
Overo Lethal White Syndrome.....	202
P	
P2Y12-Gen	106
Paket.....	20
Paket Labogenetics XXL Hund.....	159
Paket Labogenetics XXL Katze	187
PAN2	43
Pandascheckung.....	152
pap-PRA1	117
Paradoxe Pseudomyotonie	103
Parakeratose, hereditäre nasale	67
Paralyse,	
hyperkaliämische periodische.....	195
PATN1.....	205

PAX3-Gen	164	Pompe Disease	62
PCD	107	Powderpuff.....	157
PCG	174	PP	103
PCYT2-Defizienz	121	PRA3	117
PDE	96	PRA4	118
PDP1.....	122	PRA (Hund).....	110
pd-PRA	174	PRA (Hund), dominante Form.....	114
Pearl.....	211	PRA (Hund), generalisierte.....	115
PED	104	PRA (Hund), mit Neurodegeneration	121
PEK.....	105	PRA (Hund), X-Linked	121
Penetranz	23	Präkallikrein-Defizienz	106
Performance.....	217	PRA (Katze)	174
PKFD	105	prcd-PRA.....	118
PH	107	Probenentnahme	18
Phänotyp	23	Protein-Losing-Nephropathie.....	122
Phäomelanin-Intensität.....	150	PTPRQ-Gen.....	53
Phosphofruktokinase-Defizienz	105	PxD	103
Piebald	153	Pyruvatdehydrogenase- Phosphatase-1-Defizienz.....	122
PIP2	108	Pyruvakinase-Defizienz (Hund)	123
PKcs-Gen.....	125	Pyruvakinase-Defizienz (Katze).....	176
PKD (Hund)	105	Q	
PKD (Katze)	173	QIL1-Gen	133
PK (Hund)	123	Qualzucht.....	152
PK (Katze)	176	R	
Plattenepithekarzinom der Zehe, Risikoanalyse.....	105	R820W	168
PLL	108	Rachitis, Vitamin-D-abhängige	134
PLN	122	RAG1-Gen	125
PMDS	92	Raine-Syndrom	123
POAG	109	Rassenverzeichnis.....	229
POAG/PLL	109	Rassezuordnung.....	223
Polydaktylie.....	172	Rauhaar	155
Polymyopathie, familiäre episodische hypokalämische.....	169	RBP4	88
Polyneuropathie beim Alaskan Malamute.....	27	rcd-PRA.....	119, 120
Polyneuropathie beim Leonberger.....	79	RCND.....	101
Polysaccharid-Speicher-Myopathie	200	rdAc-PRA	175
Polyzystische Nierenerkrankung (Hund).....	105	RDHN	101
Polyzystische Nierenerkrankung (Katze).....	173	RD/OSD	123
POMC-Mutation.....	24	rdy-PRA	176
		RELN-Gen	33
		Retinaatrophie, progressive (Hund).....	110
		Retinaatrophie, progressive (Katze)	174

Retinale Dysplasie	123, 124	SLC13A1-Gen	102
Retinol binding protein 4 (RBP4-Gen)	88	SLC24A5-Gen	215
Retinopathie, canine multifokale	30	SLC25A12-Gen	33, 51
Risikomodifikator	42	SLC39A4-Gen	162
Roan Zygosity	212	SLC45A2-Gen	144, 215
Robinow-like-Syndrom	124	SLEM	128
Rod-cone-Dysplasie	120	S-Lokus	153
Rot	181	SMA	177
RPE65-Gen	96	SN	125
RSPO2-Gen	155, 156	SNE	130
Russet	183	Snow	182
Ryanodin-Rezeptor-Gen	193	Snowdrop	213
S			
SA	201	SOD1	41
Sabino-1	212	SP6-Gen	217
Saddle-Tan	152	SPAID	126
Sanfilippo-Syndrom Typ 3b	.91	Speed-Gen	217
SBF2-Gen	34	Speichelproben	18
SCA	127	Sphynx (Felltyp)	185
SCC	200	Splashed White (SW 1-4)	213
Schwarzmaskenallel	149	Splashed White (SW 5-8)	214
SCID (Hund)	125, 137	SPS	69
SCID (Pferd)	201	SSADHD	131
Scott-Syndrom	65	Stargardt-Syndrom	129
SD	177	Startle Disease	130
SDCA	128	STGD	129
SEL1L-Gen	58	Stockmaß	217
SERPINF2-Gen	106	Stummelrute	28
SFS	50	STX17-Gen	209
SGK3-Gen	157	Succinat-Semialdehyd-	
Shaking Puppy Syndrome	69, 128	Dehydrogenase-Defizienz	131
sh-Allel	156	Sunshine	215
Shar Pei autoinflammatory disease	126	Superoxid-Dismutase-1-Gen	41
Shar Pei Fieber	126	SynchroGait	218
Shedding	155	Syndrom, autoimmunes	
SHOX-Gen	202	lymphoproliferatives	163
Siam (Fellfarbe)	181	Systemdegeneration, canine multiple	30
Silver	213	T	
Skelettatavismus	201	Tabby (Mackerel, Blotched)	179
Skin Fragility Syndrome	50	Tagblindheit	24
SLC2A9-Gen	68	Taqpep-Gen	179
SLC7A10-Gen	103	Taubheit, erbliche	52
		(Fellfarbe, Hund)	152, 153

Taubheit (Fellfarbe, Katze)	184
Thrombozytopathie	131
Ticked	179
Ticking	153
Tierartendifferenzierung	226
Tiger Eye	215
Tigerschecken-Komplex	210
T-Lokus	153
TNS	132
Tobiano	216
TPO-Gen	57
Tractability	219
Träger	21
Trapped Neutrophil Syndrome	132
TRPV4-Gen	172
TYRP1-Gen	139, 180
U	
UAS	102
Untersuchungsauftrag	19
Upper Airway Syndrome	102
V	
Van den Ende-Gupta-Syndrom	132
Variabilität, genetische	161
VDEGS	132
VDR	134
Verdünnung	145
Verhaltensanomalie	133
VLDLR-Gen	41
Vollblutprobe	18
Von-Willebrand-Krankheit (vWD) ...	134, 135
W	
Warmblood Fragile Foal Syndrome	202
Weißscheckung	153
Weitwinkel-Glaukom, primäres	109
Weitwinkel-Glaukom, primäres, und Linsenluxation	109
WFFS	202
White	184
White Spotting	184
Windfarbgen	213
W-Lokus	184
X	
Xanthinurie Typ II	135
X-chromosomal-dominant	22
X-chromosomal-rezessiv	23
XL-MTM	137
XL-PRA	121
XLRD	136
X-SCID	136
Z	
Zahnschmelzhypoplasie, familiäre	28
ZNS-Atrophie mit cerebellärer Ataxie	137
Zuchtverbandsrabatte	19
Zwergwuchs (Chondrodysplasie) (Hund)	35
Zwergwuchs, disproportionierter (Hund)	48
Zwergwuchs (Hund)	138
Zwergwuchs (Pferd)	203, 204

KLAR, SPANNEND, INTUITIV: DER NEUE LABOGEN-WEBSHOP

shop.labogen.com



- ➔ **Zeit und Aufwand sparen:** Online-Verfahren anstelle von PDF-Anträgen
- ➔ **Gentest-Bestellungen über den Zuchtverband:** rabattierte Preise sind direkt hinterlegt
- ➔ **Einfache Wahlmöglichkeit:** Bestellung über den Verein oder privat – ohne zusätzliche bürokratische Hürden
- ➔ **Intuitive Bedienoberfläche:** benutzerfreundliche Gestaltung erleichtert Navigation und Nutzung
- ➔ **Mobiler Zugang:** durch Mobiloptimierung jederzeit und von überall aus bestellen

LABOGEN

DIE GENETIK VON LABOKLIN

D

Telefon
E-mail
Internet

Steubenstraße 4
97688 Bad Kissingen
Deutschland
+49 971 7 20 20
info@laboklin.com
www.laboklin.com

A

Telefon
E-mail
Internet

Paul-Hahn-Straße 3/D/1
4020 Linz
Österreich
+43-732 717 24 20
labor.linz@laboklin.com
www.laboklin.com

CH

Telefon
E-mail
Internet

Max-Kämpf-Platz 1
Postfach, 4002 Basel
Schweiz
+41-61 319 60 60
labor.basel@laboklin.ch
www.laboklin.com