

Laboklin GmbH & Co. KG, Steubenstraße 4, 97688 Bad Kissingen

Frau
Sara Collura
Birkenweg 13
79771 Klettgau
Deutschland

Untersuchungsbefund Nr.: 2606-W-231428
Probeneingang: 30.06.2026
Datum Befund: 02.07.2026
Untersuchungsbeginn: 30.06.2026
Untersuchungsende: 02.07.2026
Befundstatus: Endbefund

Tierart:	Katze
Rasse:	Maine Coon
Geschlecht:	weiblich
Name:	Upendi Trinidad
Zuchtbuchnummer:	CM-LO-240522-3972-DE
Chipnummer:	276099200813857
Geburtsdatum / Alter:	22.05.2024
Probenmaterial:	Abstrich 2x
Patientenbesitzer:	Collura, Sara
EDV-Nummer / Befund-ID:	---

Genetische Bestimmung der Blutgruppe - PCR

Ergebnis: Genotyp N/b

Interpretation: Das untersuchte Tier ist Anlageträger (heterozygot) für eine der bisher bekannten ursächlichen Varianten für das Allel b, welches mit der serologischen Blutgruppe B korreliert ist, prägt diese aber nicht aus.

Erfasst werden drei genetische Varianten (268T>A, 179G>T, 1322delT) für die Allele b und eine Variante (364C>T) für c.

Allelische Reihe nach Dominant: N>c>b

Hypertrophe Kardiomyopathie (HCM1) Maine Coon - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für die Hypertrophe Cardiomyopathie im MYBPC3-Gen (A31P).

Erbgang: autosomal-dominant

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Maine Coon und verwandte Rassen

Pyruvatkinase-Defizienz - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für die Pyruvatkinase-Defizienz im PKLR-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Faktor XI Defizienz - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die assoziierte Variante für Faktor XI Defizienz im FXI-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgender Rasse gefunden: Maine Coon

Spinale Muskelatrophie (SMA) - PCR

Ergebnis: Genotyp N/N

Interpretation: Das untersuchte Tier ist reinerbig (homozygot) für das Wildtyp-Allel. Es trägt somit nicht die ursächliche Mutation für die Spinale Muskelatrophie im LIX1-LNPEP-Gen.

Erbgang: autosomal-rezessiv

Eine Korrelation zwischen dieser Mutation und der Erkrankung wurde bisher bei folgenden Rassen beschrieben: Maine Coon und verwandte Rassen

Die Ergebnisse gelten nur für das im Labor eingegangene Probenmaterial. Die Verantwortung für die Richtigkeit der Angaben zu den eingesandten Proben liegt beim Einsender. Gewährleistungsverpflichtungen dafür können nicht übernommen werden. Schadensersatzverpflichtungen sind, soweit gesetzlich zulässig, auf den Rechnungswert der durchgeführten Untersuchung/en beschränkt, im Übrigen haften wir nur für Vorsatz und grobe Fahrlässigkeit, soweit gesetzlich möglich.

Weitere Genveränderungen, die ebenfalls die Ausprägung der Erkrankung/Merkmale beeinflussen können, können nicht ausgeschlossen werden. Die Untersuchung/en erfolgte/n nach dem derzeitigen allgemeinen wissenschaftlichen Kenntnisstand.

Das Labor ist für die auf diesem Befund aufgeführten Untersuchungen akkreditiert nach DIN EN ISO/IEC 17025:2018 (ausgenommen Partnerlabor-Leistungen).

Zuchtverbandsrabatte wurden für rabattfähige Leistungen berücksichtigt!

Das Methoden-Abkürzungsverzeichnis finden Sie unter www.laboklin.com in der Rubrik "Leistungen".

Die Untersuchungsergebnisse beziehen sich auf das uns eingesandte Probenmaterial. Dieses war untersuchungsfähig, sofern nichts anderes angegeben ist. Die Richtigkeit der Angaben zu den Proben verantwortet der Einsender. Dieser Prüfbericht darf nur vollständig und unverändert weitergegeben werden. Abweichende Vorgehensweisen bedürfen der schriftlichen Genehmigung der Laboklin GmbH & Co. KG. Hinweis: Wer die in diesem Dokument aufgeführten Daten absichtlich so speichert oder verändert, dass bei ihrer Wahrnehmung eine unechte/verfälschte Urkunde vorliegen würde, oder derart gespeicherte oder veränderte Daten gebraucht, macht sich strafbar und muss mit juristischen Konsequenzen rechnen.

LABOKLIN ist ein nach DIN EN ISO/IEC 17025:2018 akkreditiertes Labor, mit Nummern D-PL-13186-01-01, D-PL-13186-01-02 und D-PL-13186-01-03. Diese Akkreditierung bezieht sich auf alle in der Akkreditierungsurkunde aufgeführten Prüfverfahren.



Fr. Dr. Weimann
Dipl.-Ing. Molekularbiologie

***** ENDE des Befundes *****