

Animal : **Sybelle La Tanière Aux Loups**

 N° d'identification : **250 269 608 857 950**

 Race : **Altdeutsche Schäferhunde**

 Sexe : **Femelle**

 Date de naissance : **13/01/2021**

 Résultat établi le : **25/11/2022**

 Propriétaire : **Céline PARACHE**

 N° de prélèvement : **E00738150** (prélevé le 03/11/2022)

 Code résultat : **A00017258**



 Prélèvement **authentifié** par :

Patricia MOSNIER (Vétérinaire - N° d'ordre : 21102)

 Document établi le : **25/11/2022**

MALADIES	GÈNE Mutation	Mode d'expression	RÉSULTAT	EXPRESSION	TRANSMISSION
				✓	✓
Myélopathie Dégénérative (DM)	SOD1 c.118G>A	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Nanisme Hypophysaire	LHX3 7pb del intron 5	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Hyperuricosurie (HUU)	SLC2A9 c.616G>T	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Sensibilité Médicamenteuse (MDR1)	MDR1 c.227_230delATAG	Autosomique codominant	Homozygote normal	✓	✓

EXPLICATIONS
Homozygote normal : l'animal possède 2 copies normales du gène.
Hétérozygote : l'animal possède une copie normale et une copie défectueuse du gène.
Homozygote muté : l'animal possède 2 copies défectueuses du gène.

EXPRESSION	TRANSMISSION
 L'animal ne développera pas la maladie associée à la mutation testée.	L'animal ne transmet pas la mutation testée.
 L'animal développera la maladie sans pouvoir prédire l'âge d'apparition ni la gravité des symptômes.	L'animal transmettra la mutation testée à tout ou partie de sa descendance. La reproduction est à éviter ou à adapter selon la maladie et la fréquence associée.

Animal : **Sybelle La Tanière Aux Loups**

 N° d'identification : **250 269 608 857 950**

 Race : **Altdeutsche Schäferhunde**

 Sexe : **Femelle**

 Date de naissance : **13/01/2021**

 Résultat établi le : **25/11/2022**

 Propriétaire : **Céline PARACHE**

 N° de prélèvement : **E00738150** (prélevé le 03/11/2022)

 Code résultat : **A00017258**

 Prélèvement **authentifié** par :

Patricia MOSNIER (Vétérinaire - N° d'ordre : 21102)

 Document établi le : **25/11/2022**
CARACTÈRES MORPHOLOGIQUES

	GÈNE Mutation	Mode d'expression	RÉSULTAT
Locus A - Agouti			
a	ASIP c.286C>T	Autosomique récessif	a ^w /a
A ^v	ASIP c.244G>T/248G>A	Autosomique dominant	a ^w /a ^w
Locus B - Marron			Non Porteur Marron (B/B)
b ^a	TYRP1 c.555T>G	Autosomique récessif	B/B
b ^c	TYRP1 c.121T>A	Autosomique récessif	B/B
b ^d	TYRP1 c.1033_1035del	Autosomique récessif	B/B
b ^e	TYRP1 c.1025T>G	Autosomique récessif	B/B
b ^s	TYRP1 c.991C>T	Autosomique récessif	B/B
Locus D - Dilution			Non Porteur (D/D)
d	MLPH c.22G>A	Autosomique récessif	D/D
d ²	MLPH c.705G>C	Autosomique récessif	D/D
d ³	MLPH c.667_668insC	Autosomique récessif	D/D
Locus E - Extension			Masque Sombre (E^m/E^m)
e	MC1R c.916C>T	Autosomique récessif	E/E
e ²	MC1R g.63695679C>G	Autosomique récessif	E/E
e ³	MC1R c.816_817delCT	Autosomique récessif	E/E
E ^m	MC1R c.790A>G	Autosomique dominant	E ^m /E ^m
Locus I - Intensité (i)			Intensité forte à modérée (I/i)
	MFSD12 c.151C>T	Autosomique récessif	
Locus K - Noir Dominant (K^b)			Non exprimé (k^v/k^v)
	CBD103 c.231_233del	Autosomique dominant	
Poil Bouclé ou Ondulé (c¹)			Non porteur (C/C)
	KRT71 c.451C>T	Autosomique dominant	
Polydactylie			Non porteur
	LMBR1 DC-2	Autosomique dominant	
Shedding			Chute de poils abondante
	MC5R g.24430748C>T	Autosomique codominant	