

Animal : **Rio Schwarz Wolf**

N° d'identification : **616 093 901 473 781**

Race : **Altdeutsche Schäferhunde**

Sexe : **Mâle**

Date de naissance : **10/09/2021**

Résultat établi le : **05/08/2022**

Propriétaire : **Céline PARACHE**

N° de prélèvement : **E00803442** (prélevé le 11/07/2022)

Code résultat : **A00007199**

Prélèvement effectué par :

Gwenaëlle DRIEU (Vétérinaire - N° d'ordre : 24836)

Document établi le : **05/08/2022**

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	EXPRESSION	TRANSMISSION
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.	✓ L'animal ne développera pas la maladie associée à la mutation testée. ! L'animal développera la maladie sans pouvoir prédire l'âge d'apparition ni la gravité des symptômes.	L'animal ne transmet pas la mutation testée. 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 : **Rio Schwarz Wolf**

N° d'identification : **616 093 901 473 781**

Race : **Altdeutsche Schäferhunde**

Sexe : **Mâle**

Date de naissance : **10/09/2021**

Résultat établi le : **05/08/2022**

Propriétaire : **Céline PARACHE**

N° de prélèvement : **E00803442** (prélevé le 11/07/2022)

Code résultat : **A00007199**

Prélèvement effectué par :

Gwenaëlle DRIEU (Vétérinaire - N° d'ordre : 24836)

Document établi le : **05/08/2022**

CARACTÈRES MORPHOLOGIQUES

	GÈNE Mutation	Mode d'expression	RÉSULTAT
Locus A - Agouti			
a	ASIP c.286C>T	Autosomique récessif	a/a
A ^y	ASIP c.244G>T/248G>A	Autosomique dominant	a^y/a^y
Locus B - Marron			
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			
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			
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
Locus I - Intensité (i)	MFSD12 c.151C>T	Autosomique récessif	Intensité forte à modérée (I/I)
Locus K - Noir Dominant (K ^b)	CBD103 c.231_233del	Autosomique dominant	Non exprimé (k^y/k^y)
Poil Bouclé ou Ondulé (c ¹)	KRT71 c.451C>T	Autosomique dominant	Non porteur (C/C)
Polydactylie	LMBR1 DC-2	Autosomique dominant	Non porteur
Shedding	MC5R g.24430748C>T	Autosomique codominant	Chute de poils abondante