

Animal : **Sibérie du Domaine de l'Attrape-Rêves**

N° d'identification : **250 268 743 750 132**

Race : **Altdeutsche Schäferhunde**

Sexe : **Femelle**

Date de naissance : **06/02/2021**

Résultat établi le : **18/11/2022**

Propriétaire : **Laëtitia BRISWALTER**

N° de prélèvement : **E00806141** (prélevé le 03/11/2022)

Code résultat : **A00017368**

Prélèvement **authentifié** par :

Delphine DEISS-BOCH (Vétérinaire - N° d'ordre : 18629)

Document établi le : **18/11/2022**

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
<p>✓ L'animal ne développera pas la maladie associée à la mutation testée.</p>	L'animal ne transmet pas la mutation testée.
<p>! L'animal développera la maladie sans pouvoir prédire l'âge d'apparition ni la gravité des symptômes.</p>	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 : **Sibérie du Domaine de l'Attrape-Rêves**

 N° d'identification : **250 268 743 750 132**

 Race : **Altdeutsche Schäferhunde**

 Sexe : **Femelle**

 Date de naissance : **06/02/2021**

 Résultat établi le : **18/11/2022**

 Propriétaire : **Laëtitia BRISWALTER**

 N° de prélèvement : **E00806141** (prélevé le 03/11/2022)

 Code résultat : **A00017368**

 Prélèvement **authentifié** par :

Delphine DEISS-BOCH (Vétérinaire - N° d'ordre : 18629)

 Document établi le : **18/11/2022**

CARACTÈRES MORPHOLOGIQUES

	GÈNE Mutation	Mode d'expression	RÉSULTAT
Locus A - Agouti			
a	ASIP c.286C>T	Autosomique récessif	a ^w /a ^w
A ^y	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)
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)			Intensité forte à modérée (I/i)
Locus K - Noir Dominant (K^b)			Non exprimé (k^y/k^y)
Poil Bouclé ou Ondulé (c¹)			Non porteur (C/C)
Polydactylie			Non porteur
Shedding			Chute de poils abondante