



Animal : **Carmen**

N° d'identification : **616 093 901 513 146**  
 Race : **Altdeutsche Schäferhunde**  
 Sexe : **Femelle**  
 Date de naissance : **12/04/2021**  
 Pedigree :  
 Résultat établi le : **17/03/2023**

Propriétaire : **Laëtitia BRISWALTER**  
 N° de prélèvement : **E00704167** (prélevé le 15/06/2021)  
 Code résultat : **A00029395**  
 Préleveur : **Bruno SAPY** (Vétérinaire - N° d'ordre : 19060)  
 Prélèvement **authentifié**  
 Document établi le : **17/03/2023**

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

EXPLICATIONS
<b>Homozygote normal</b> : l'animal possède 2 copies normales du gène.
<b>Hétérozygote</b> : l'animal possède une copie normale et une copie défectueuse du gène.
<b>Homozygote muté</b> : 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 : **Carmen**

N° d'identification :	<b>616 093 901 513 146</b>	Propriétaire :	<b>Laëtitia BRISWALTER</b>
Race :	<b>Altdeutsche Schäferhunde</b>	N° de prélèvement :	<b>E00704167</b> (prélevé le 15/06/2021)
Sexe :	<b>Femelle</b>	Code résultat :	<b>A00029395</b>
Date de naissance :	<b>12/04/2021</b>	Préleveur :	<b>Bruno SAPY</b> (Vétérinaire - N° d'ordre : 19060)
Pedigree :			<b>Prélèvement authentifié</b>
Résultat établi le :	<b>17/03/2023</b>	Document établi le :	<b>17/03/2023</b>

## CARACTÈRES MORPHOLOGIQUES

	GÈNE Mutation	Mode d'expression	RÉSULTAT
<b>Locus A - Agouti</b>			
a	ASIP c.286C>T	Autosomique récessif	<b>a<sup>w</sup>/a<sup>w</sup></b>
A <sup>y</sup>	ASIP c.244G>T/248G>A	Autosomique dominant	<b>a<sup>w</sup>/a<sup>w</sup></b>
<b>Locus B - Marron</b>			
b <sup>a</sup>	TYRP1 c.555T>G	Autosomique récessif	<b>B/B</b>
b <sup>c</sup>	TYRP1 c.121T>A	Autosomique récessif	<b>B/b<sup>c</sup></b>
b <sup>d</sup>	TYRP1 c.1033_1035del	Autosomique récessif	<b>B/B</b>
b <sup>e</sup>	TYRP1 c.1025T>G	Autosomique récessif	<b>B/B</b>
b <sup>s</sup>	TYRP1 c.991C>T	Autosomique récessif	<b>B/B</b>
<b>Locus D - Dilution</b>			
d	MLPH c.-22G>A	Autosomique récessif	<b>D/d</b>
d <sup>2</sup>	MLPH c.705G>C	Autosomique récessif	<b>D/D</b>
d <sup>3</sup>	MLPH c.667_668insC	Autosomique récessif	<b>D/D</b>
<b>Locus E - Extension</b>			
e	MC1R c.916C>T	Autosomique récessif	<b>E/e</b>
e <sup>2</sup>	MC1R g.63695679C>G	Autosomique récessif	<b>E/E</b>
e <sup>3</sup>	MC1R c.816_817delCT	Autosomique récessif	<b>E/E</b>
E <sup>m</sup>	MC1R c.790A>G	Autosomique dominant	<b>E<sup>m</sup>/E</b>
<b>Locus I - Intensité (i)</b>			
	MFSD12 c.151C>T	Autosomique récessif	<b>Intensité forte à modérée (porteur I/i)</b>
<b>Locus K - Noir Dominant (K<sup>h</sup>)</b>			
	CBD103 c.231_233del	Autosomique dominant	<b>Noir dominant ou bringé (K<sup>h</sup>/k<sup>y</sup>)</b>
<b>Poil Bouclé ou Ondulé (c<sup>1</sup>)</b>			
	KRT71 c.451C>T	Autosomique dominant	<b>Non porteur (C/C)</b>
<b>Polydactylie</b>			
	LMBR1 DC-2	Autosomique dominant	<b>Non porteur de polydactylie</b>
<b>Shedding</b>			
	MC5R g.24430748C>T	Autosomique codominant	<b>Chute de poils abondante</b>