

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

N° d'identification :	250 268 780 325 173	Propriétaire :	Laetitia et Guillaume BRISWALTER WENTZEL
Race :	Altdeutsche Schäferhunde	N° de prélèvement :	E00862479 (prélevé le 09/02/2024)
Sexe :	Femelle	Code résultat :	A00064725
Date de naissance :	20/03/2022	Préleveur :	Rodolphe WURTZ (Vétérinaire - N° d'ordre : 15958)
Pedigree :			Prélèvement authentifié
Résultat établi le :	23/02/2024	Document établi le :	23/02/2024

MALADIES	GÈNE Mutation	Mode d'expression	RÉSULTAT	EXPRESSION	TRANSMISSION
Myélopathie Dégénérative (DM)	SOD1 c.118G>A	Autosomique récessif	Hétérozygote	✓	!
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	✓	✓
Syndrome de Scott	TMEM16F g.8912219G>A	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓

EXPLICATIONS	EXPRESSION	TRANSMISSION
Homozygote normal : l'animal possède 2 copies normales du gène.	✓ L'animal ne développera pas la maladie associée à la mutation testée.	L'animal ne transmet pas la mutation testée.
Hétérozygote : l'animal possède une copie normale et une copie défectueuse du gène.	! 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.
Homozygote muté : l'animal possède 2 copies défectueuses du gène.		

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

N° d'identification :	250 268 780 325 173	Propriétaire :	Laetitia et Guillaume BRISWALTER WENTZEL
Race :	Altdeutsche Schäferhunde	N° de prélèvement :	E00862479 (prélevé le 09/02/2024)
Sexe :	Femelle	Code résultat :	A00064725
Date de naissance :	20/03/2022	Préleveur :	Rodolphe WURTZ (Vétérinaire - N° d'ordre : 15958)
Pedigree :			Prélèvement authentifié
Résultat établi le :	23/02/2024	Document établi le :	23/02/2024

Les résultats des caractères morphologiques ne permettent pas de déterminer précisément l'apparence de l'animal, mais vous informent sur leur transmission à la descendance.

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 Dilution (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 (porteur I/i)
Locus K - Noir Dominant (K^b)			
			Non exprimé (k^y/k^y)
Longueur du Pelage			
			Homozygote poil long
Poil Bouclé ou Ondulé (c¹)			
			Non porteur (C/C)
Polydactylie			
			Non porteur de polydactylie
Shedding			
			Chute de poils abondante