

Animal : **Shere Khan des Tommy Kenockers**

N° d'identification : **250 269 590 300 467**

Race : **Berger Belge Malinois**

Sexe : **Femelle**

Date de naissance : **10/06/2021**

Résultat établi le : **14/11/2022**

Propriétaire : **Anne MONACO**

N° de prélèvement : **E00822546** (prélevé le 27/10/2022)

Code résultat : **A00016559**



Prélèvement **authentifié** par :

Alexandra PICHEREAU (Vétérinaire - N° d'ordre : 25181)

Document établi le : **14/11/2022**

MALADIES	GÈNE Mutation	Mode d'expression	RÉSULTAT	EXPRESSION	TRANSMISSION
Atrophie du Système Nerveux Central et Ataxie Cérébelleuse	SELENOP del ~17 kb	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Cardiomyopathie et Mortalité Juvénile	YARS2 c.1054G>A	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Dégénérescence Spongieuse et Ataxie Cérébelleuse					
SDCA1	KCNJ10 c.986T>C	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
SDCA2	ATP1B2 c.130_131ins227	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Myélopathie Dégénérative (DM)	SOD1 c.118G>A	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 : **Shere Khan des Tommy Kenockers**

 N° d'identification : **250 269 590 300 467**

 Race : **Berger Belge Malinois**

 Sexe : **Femelle**

 Date de naissance : **10/06/2021**

 Résultat établi le : **14/11/2022**

 Propriétaire : **Anne MONACO**

 N° de prélèvement : **E00822546** (prélevé le 27/10/2022)

 Code résultat : **A00016559**

 Prélèvement **authentifié** par :

Alexandra PICHEREAU (Vétérinaire - N° d'ordre : 25181)

 Document établi le : **14/11/2022**

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 ^y /A ^y
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 ^m
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)
Longueur du Pelage			
	FGF5 c.284G>T	Autosomique récessif	Non porteur poil long
Poil Bouclé ou Ondulé (c ¹)			
	KRT71 c.451C>T	Autosomique dominant	Non porteur (C/C)
Polydactylie			
	LMBR1 DC-2	Autosomique dominant	Non porteur
Queue Courte			
	T c.189C>G	Autosomique dominant	Homozygote queue longue
Shedding			
	MC5R g.24430748C>T	Autosomique codominant	Chute de poils abondante