

Animal : **Phantom Alto**

N° d'identification : **250 269 100 028 757**

Race : **Altdeutsche Schäferhunde**

Sexe : **Mâle**

Date de naissance : **02/05/2019**

Résultat établi le : **03/10/2022**

Propriétaire : **Frédérique AMBRY**

N° de prélèvement : **E00818419** (prélevé le 19/09/2022)

Code résultat : **A00012569**



Prélèvement effectué par :

**Laetitia ETIENNE** (Vétérinaire - N° d'ordre : 17856)

Document établi le : **03/10/2022**

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 : **Phantom Alto**

 N° d'identification : **250 269 100 028 757**

 Race : **Altdeutsche Schäferhunde**

 Sexe : **Mâle**

 Date de naissance : **02/05/2019**

 Résultat établi le : **03/10/2022**

 Propriétaire : **Frédérique AMBRY**

 N° de prélèvement : **E00818419** (prélevé le 19/09/2022)

 Code résultat : **A00012569**

Prélèvement effectué par :

**Laetitia ETIENNE** (Vétérinaire - N° d'ordre : 17856)

 Document établi le : **03/10/2022**

## CARACTÈRES MORPHOLOGIQUES

	GÈNE Mutation	Mode d'expression	RÉSULTAT
<b>Locus A - Agouti</b>			
a	ASIP c.286C>T	Autosomique récessif	a <sup>w</sup> /a
A <sup>v</sup>	ASIP c.244G>T/248G>A	Autosomique dominant	a <sup>w</sup> /a <sup>w</sup>
<b>Locus B - Marron</b>			<b>Non Porteur Marron (B/B)</b>
b <sup>a</sup>	TYRP1 c.555T>G	Autosomique récessif	B/B
b <sup>c</sup>	TYRP1 c.121T>A	Autosomique récessif	B/B
b <sup>d</sup>	TYRP1 c.1033_1035del	Autosomique récessif	B/B
b <sup>e</sup>	TYRP1 c.1025T>G	Autosomique récessif	B/B
b <sup>s</sup>	TYRP1 c.991C>T	Autosomique récessif	B/B
<b>Locus D - Dilution</b>			<b>Non Porteur (D/D)</b>
d	MLPH c.22G>A	Autosomique récessif	D/D
d <sup>2</sup>	MLPH c.705G>C	Autosomique récessif	D/D
d <sup>3</sup>	MLPH c.667_668insC	Autosomique récessif	D/D
<b>Locus E - Extension</b>			<b>Masque Sombre (E<sup>m</sup>/E<sup>m</sup>)</b>
e	MC1R c.916C>T	Autosomique récessif	E/E
e <sup>2</sup>	MC1R g.63695679C>G	Autosomique récessif	E/E
e <sup>3</sup>	MC1R c.816_817delCT	Autosomique récessif	E/E
E <sup>m</sup>	MC1R c.790A>G	Autosomique dominant	E <sup>m</sup> /E <sup>m</sup>
<b>Locus I - Intensité (i)</b>			<b>Intensité forte à modérée (I/I)</b>
	MFS12 c.151C>T	Autosomique récessif	
<b>Locus K - Noir Dominant (K<sup>b</sup>)</b>			<b>Non exprimé (k<sup>v</sup>/k<sup>v</sup>)</b>
	CBD103 c.231_233del	Autosomique dominant	
<b>Poil Bouclé ou Ondulé (c<sup>1</sup>)</b>			<b>Non porteur (C/C)</b>
	KRT71 c.451C>T	Autosomique dominant	
<b>Polydactylie</b>			<b>Non porteur</b>
	LMBR1 DC-2	Autosomique dominant	
<b>Shedding</b>			<b>Chute de poils abondante</b>
	MC5R g.24430748C>T	Autosomique codominant	