

Animal : **Rani du Domaine de Mironas**

N° d'identification : **250 269 590 122 305**

Race : **Berger Blanc Suisse**

Sexe : **Femelle**

Date de naissance : **02/11/2020**

Résultat établi le : **12/08/2022**

Propriétaire : **Guy GROUSSON**

N° de prélèvement : **E00815859** (prélevé le 28/07/2022)

Code résultat : **A00008131**



Prélèvement effectué par :

**Romain NORMAND** (Vétérinaire - N° d'ordre : 22960)

Document établi le : **12/08/2022**

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>	✓	✓
Sensibilité Médicamenteuse (MDR1)	MDR1 c.227_230delATAG	Autosomique codominant	<b>Homozygote normal</b>	✓	✓
Déficit d'Adhérence Leucocytaire (LAD3)	FERMT3 c.1349_1350insAAGACGGC TGCC	Autosomique récessif	<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 : **Rani du Domaine de Mironas**N° d'identification : **250 269 590 122 305**Race : **Berger Blanc Suisse**Sexe : **Femelle**Date de naissance : **02/11/2020**Résultat établi le : **12/08/2022**Propriétaire : **Guy GROUSSON**N° de prélèvement : **E00815859** (prélevé le 28/07/2022)Code résultat : **A00008131**

Prélèvement effectué par :

**Romain NORMAND** (Vétérinaire - N° d'ordre : 22960)Document établi le : **12/08/2022****CARACTÈRES MORPHOLOGIQUES**

	<b>GÈNE</b> Mutation	<b>Mode</b> <b>d'expression</b>	<b>RÉSULTAT</b>
Longueur du Pelage	FGF5 c.284G>T	Autosomique récessif	<b>Homozygote poil long</b>
Poil Bouclé ou Ondulé (c <sup>1</sup> )	KRT71 c.451C>T	Autosomique dominant	<b>Non porteur (C/C)</b>
Polydactylie	LMBR1 DC-2	Autosomique dominant	<b>Non porteur</b>
Shedding	MC5R g.24430748C>T	Autosomique codominant	<b>Chute de poils abondante</b>