

Animal : **Chester Enexa**

N° d'identification :	<b>953 010 004 774 818</b>	Propriétaire :	<b>Laetitia et Guillaume BRISWALTER WENTZEL</b>
Race :	<b>Altdeutsche Schäferhunde</b>	N° de prélèvement :	<b>E00766138</b>
Sexe :	<b>Mâle</b>	Code résultat :	<b>A00061499</b>
Date de naissance :	<b>15/07/2022</b>	Préleveur :	<b>Alexandre LAMBERT (Vétérinaire - N° d'ordre : 37566)</b>
Pedigree :			<b>Prélèvement authentifié</b>
Résultat établi le :	<b>26/01/2024</b>	Document établi le :	<b>26/01/2024</b>

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>	✓	✓
Syndrome de Scott	TMEM16F g.8912219G>A	Autosomique récessif	<b>Homozygote normal</b>	✓	✓

EXPLICATIONS	EXPRESSION	TRANSMISSION
<b>Homozygote normal</b> : 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.
<b>Hétérozygote</b> : 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.
<b>Homozygote muté</b> : l'animal possède 2 copies défectueuses du gène.		

Animal : **Chester Enexa**

N° d'identification :	<b>953 010 004 774 818</b>	Propriétaire :	<b>Laetitia et Guillaume BRISWALTER WENTZEL</b>
Race :	<b>Altdeutsche Schäferhunde</b>	N° de prélèvement :	<b>E00766138</b>
Sexe :	<b>Mâle</b>	Code résultat :	<b>A00061499</b>
Date de naissance :	<b>15/07/2022</b>	Préleveur :	<b>Alexandre LAMBERT (Vétérinaire - N° d'ordre : 37566)</b>
Pedigree :			<b>Prélèvement authentifié</b>
Résultat établi le :	<b>26/01/2024</b>	Document établi le :	<b>26/01/2024</b>

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
<b>Locus A - Agouti</b>			
a	ASIP c.286C>T	Autosomique récessif	a <sup>w</sup> /a
A <sup>y</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 Dilution (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 (porteur I/i)</b>
<b>Locus K - Noir Dominant (K<sup>b</sup>)</b>			<b>Non exprimé (k<sup>y</sup>/k<sup>y</sup>)</b>
<b>Poil Bouclé ou Ondulé (c<sup>1</sup>)</b>			<b>Non porteur (C/C)</b>
<b>Polydactylie</b>			<b>Non porteur de polydactylie</b>
<b>Shedding</b>			<b>Chute de poils abondante</b>