

Bilan Génétique Santé & Reproduction

Animal: Siska

Pedigree:

N° d'identification : 250 268 743 984 231 Propriétaire : Victoire CABAN.

Race : Border Collie N° de prélèvement : E00881323 (prélevé le 10/11/2023)

Sexe: Femelle Code résultat : A00055035

Date de naissance : 21/06/2021 Préleveur : Clarisse GOETGHEBEUR (Vétérinaire - N° d'ordre : 39200)

Prélèvement authentifié

Résultat établi le : 24/11/2023 Document établi le : 24/11/2023

GÈNE Mutation	Mode d'expression	RÉSULTAT	EXPRESSION	TRANSMISSION
NHEJ1 c.588+462_588+8260del77 99bp	Autosomique récessif	Homozygote normal	Ø	Ø
CUBN c.8392delC	Autosomique récessif	Homozygote normal	⊘	Ø
OLFML3 c.590G>A	Autosomique récessif	Homozygote normal	Ø	②
MDR1 c.227_230delATAG	Autosomique codominant	Homozygote normal	Ø	②
FAM20C c.899C>T	Autosomique récessif	Homozygote normal	Ø	②
VPS13B g.4411956_4411960delGT TT	Autosomique récessif	Homozygote normal	Ø	Ø
PRCD c.5G>A	Autosomique récessif	Homozygote normal	Ø	②
CLN5 c.619C>T	Autosomique récessif	Homozygote normal	Ø	
DNM1 c.767G>T	Autosomique récessif	Homozygote normal	Ø	②
SLC3A1 c.1095_1100delACCACC	Autosomique dominant	Homozygote normal	Ø	Ø
COL11A2 c.143G>C	Autosomique récessif	Homozygote normal	Ø	②
SOD1 c.118G>A	Autosomique récessif	Homozygote normal	⊘	②
CLCN1 c.2665insA	Autosomique récessif	Homozygote normal	⊘	②
AP3B1 c.2401_2402insA	Autosomique récessif	Homozygote normal	Ø	②
	Mutation NHEJ1 c.588+462_588+8260del77 99bp CUBN c.8392delC OLFML3 c.590G>A MDR1 c.227_230delATAG FAM20C c.899C>T VPS13B g.4411956_4411960delGT TT PRCD c.5G>A CLN5 c.619C>T DNM1 c.767G>T SLC3A1 c.1095_1100delACCACC COL11A2 c.143G>C SOD1 c.118G>A CLCN1 c.2665insA AP3B1	Mutation d'expression NHEJ1 c.588+462_588+8260del77 99bp CUBN c.8392delC OLFML3 c.590G-A Autosomique récessif Autosomique récessif Autosomique récessif Autosomique récessif PAM20C c.899C-T VPS13B g.4411956_4411960delGT TT Autosomique récessif Autosomique récessif Autosomique récessif CLN5 c.619C-T Autosomique récessif Autosomique récessif CLN5 c.619C-T Autosomique récessif Autosomique récessif Autosomique récessif CLN5 c.619C-T Autosomique récessif Autosomique récessif COL11A2 c.143G-C SOD1 c.118G-A Autosomique récessif Autosomique récessif	Mutation d'expression RESULTAT NHEJ1 c.588+462_588+8260del77 99bp CUBN c.8392delC OLFML3 c.590G-A Autosomique récessif Homozygote normal OLFML3 c.590G-A Autosomique récessif Homozygote normal MDR1 c.227_230delATAG FAM20C c.899C-T VPS13B g.4411956_4411960delGT TT Autosomique récessif Homozygote normal VPS13B g.4411956_4411960delGT TT Autosomique récessif Homozygote normal Homozygote normal Homozygote normal LUN5 c.619C-T Autosomique récessif Homozygote normal BUNM1 c.767G-T Autosomique récessif Homozygote normal LUN5 c.619C-T BUNM1 c.767G-T Autosomique récessif Homozygote normal LUS3A1 c.1095_1100delAcCACC COL11A2 c.143G-C Autosomique récessif Homozygote normal Homozygote normal CUCN1 c.118G-A Autosomique récessif Homozygote normal Homozygote normal CUCN1 c.2665insA Autosomique récessif Homozygote normal	NHEJ1 c.588+462_588+8260del77 P9bp Autosomique récessif Homozygote normal CUBML3 c.590c>A Autosomique récessif Homozygote normal Autosomique récessif Homozygote normal CZZZ_230delATAG Homozygote normal FAM20C c.899C>T Autosomique récessif Homozygote normal VPS13B g.4411956_4411960delGT TT PRCD c.56>A Autosomique récessif Homozygote normal CLN5 c.619C>T Autosomique récessif Homozygote normal CLN5 c.619C>T Autosomique récessif Homozygote normal CLN5 c.619C>T Autosomique récessif Homozygote normal CCLN5 c.19C>T Autosomique récessif Homozygote normal CCLN5 c.19C>T Autosomique récessif Homozygote normal CCLN1 c.1095_1100delACCACC Autosomique récessif Homozygote normal CCLN1 c.118C>A Autosomique récessif Homozygote normal CCLCN1 c.118C>A Autosomique récessif Homozygote normal CCLCN1 c.2665insA Autosomique récessif Homozygote normal Autosomique récessif Homozygote normal Autosomique récessif Homozygote normal CCLCN1 c.2665insA Autosomique récessif 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	
②	L'animal ne développera pas la maladie associée à la mutation testée.	L'animal ne transmet pas la mutation testée.	
0	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: Siska

Pedigree:

N° d'identification : 250 268 743 984 231 Propriétaire : Victoire CABAN.

Race : Border Collie N° de prélèvement : E00881323 (prélevé le 10/11/2023)

Sexe: Femelle Code résultat : A00055035

Date de naissance : 21/06/2021 Préleveur : Clarisse GOETGHEBEUR (Vétérinaire - N° d'ordre : 39200)

Prélèvement authentifié

Résultat établi le : 24/11/2023 Document établi le : 24/11/2023

Les résultats des caractères morphologiques ne permettent pas de déterminer précisement 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 ^v	ASIP c.244G>T/248G>A	Autosomique dominant	A ^y /a ^w
Locus B - Marron			Non Porteur Marron (B/B)
b ^a	TYRP1 c.555T>G	Autosomique récessif	B/B
b∘	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	В/В
b ^s	TYRP1 c.991C>T	Autosomique récessif	В/В
Locus D - Dilution			Non Porteur Dilution (D/D)
d	MLPH c22G>A	Autosomique récessif	D/D
d^2	MLPH c.705G>C	Autosomique récessif	D/D
d³	MLPH c.667_668insC	Autosomique récessif	D/D
Locus E - Extension			Porteur Jaune (E ^m /e)
e	MC1R c.916C>T	Autosomique récessif	E/e
e²	MC1R g.63695679C>G	Autosomique récessif	E/E
e³	MC1R c.816_817delCT	Autosomique récessif	E/E
E ^m	MC1R c.790A>G	Autosomique dominant	E ^m /E
Locus K - Noir Dominant (K ^s)	CBD103 c.231_233del	Autosomique dominant	Noir dominant ou bringé (K [®] /k ^y)
Locus M - Merle	SILV SINE insertion	Autosomique dominant	Non porteur Merle (m/m)
Longueur du Pelage	FGF5 c.284G>T	Autosomique récessif	Homozygote poil long
Poil Bouclé ou Ondulé (c¹)	KRT71 c.451C>T	Autosomique dominant	Poil bouclé ou ondulé (C/c¹)
Polydactylie	LMBR1 DC-2	Autosomique dominant	Non porteur de polydactylie
Shedding	MC5R g.24430748C>T	Autosomique codominant	Chute de poils modérée