

Animal : **Aska**

|                       |                                 |                      |  |
|-----------------------|---------------------------------|----------------------|--|
| N° d'identification : | <b>250 269 611 529 937</b>      | Propriétaire :       | <b>Marion PERNET</b>   |
| Race :                | <b>Altdeutsche Schäferhunde</b> | N° de prélèvement :  | <b>E00894262</b> (prélevé le 17/11/2025)   |
| Sexe :                | <b>Femelle</b>                  | Code résultat :      | <b>A00127171</b>   |
| Date de naissance :   | <b>28/07/2025</b>               | Type prélèvement :   | Frottis buccal   |
| Pedigree :            |                                 | Préleveur :          | <b>Manon GARRONE</b> (Vétérinaire - N° d'ordre : 28361)<br>Prélèvement authentifié |
| Résultat établi le :  | <b>28/11/2025</b>               | Document établi le : | <b>04/12/2025</b>  |

## MALADIES

|                                 | GÈNE<br>Mutation         | Mode<br>d'expression   | RÉSULTAT          | EXPRESSION | TRANSMISSION |
|---------------------------------|--------------------------|------------------------|-------------------|------------|--------------|
| Myélopathie Dégénérative (DM)   | SOD1<br>c.118G>A         | Autosomique récessif   | Homozygote normal | ✓          | ✓            |
| Nanisme Hypophysaire            | LHX3<br>7pb del intron 5 | Autosomique récessif   | Homozygote normal | ✓          | ✓            |
| Hyperuricosurie (HUU)           | SLC2A9<br>c.616G>T       | Autosomique récessif   | Homozygote normal | ✓          | ✓            |
| Sensibilité Médicamenteuse MDR1 | MDR1<br>c.227_230delATAG | Autosomique codominant | Homozygote normal | ✓          | ✓            |
| Syndrome de Scott               | TMEM16F<br>g.8912219G>A  | Autosomique récessif   | Homozygote normal | ✓          | ✓            |

| 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 défective du gène. |
| <b>Homozygote muté</b> : l'animal possède 2 copies défectiveuses 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 : **Aska**

|                       |                                 |                      |   |
|-----------------------|---------------------------------|----------------------|---|
| N° d'identification : | <b>250 269 611 529 937</b>      | Propriétaire :       | <b>Marion PERNET</b>                                    |
| Race :                | <b>Altdeutsche Schäferhunde</b> | N° de prélèvement :  | <b>E00894262</b> (prélevé le 17/11/2025)                |
| Sexe :                | <b>Femelle</b>                  | Code résultat :      | <b>A00127171</b>  |
| Date de naissance :   | <b>28/07/2025</b>               | Type prélèvement :   | Frottis buccal  |
| Pedigree :            |                                 | Préleveur :          | <b>Manon GARRONE</b> (Vétérinaire - N° d'ordre : 28361) |
| Résultat établi le :  | <b>28/11/2025</b>               | Document établi le : | <b>04/12/2025</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<br>Mutation        | Mode<br>d'expression | RÉSULTAT   |
|---|-------------------------|----------------------|--|
| Locus A - Agouti                          |                         |                      | <b>Gris-Loup porteur noir et feu (aʷ/a¹)</b>       |
| a   | ASIP<br>c.286C>T        | Autosomique récessif | <b>aʷ/aʷ</b>                                       |
| a <sup>t</sup>                            | ASIP<br>SINE insertion  | Autosomique récessif | <b>aʷ/a<sup>t</sup></b>                            |
| A <sup>y</sup>                            | ASIP<br>c.244G>T/248G>A | Autosomique dominant | <b>aʷ/aʷ</b>                                       |
| Locus B - Marron                          |                         |                      | <b>Non Porteur Marron (B/B)</b>                    |
| b <sup>a</sup>                            | TYRP1<br>c.555T>G       | Autosomique récessif | <b>B/B</b>   |
| b <sup>c</sup>                            | TYRP1<br>c.121T>A       | Autosomique récessif | <b>B/B</b>   |
| b <sup>d</sup>                            | TYRP1<br>c.1033_1035del | Autosomique récessif | <b>B/B</b>   |
| b <sup>e</sup>                            | TYRP1<br>c.1025T>G      | Autosomique récessif | <b>B/B</b>   |
| b <sup>s</sup>                            | TYRP1<br>c.991C>T       | Autosomique récessif | <b>B/B</b>   |
| Locus D - Dilution                        |                         |                      | <b>Non Porteur Dilution (D/D)</b>                  |
| d   | MLPH<br>c.-22G>A        | Autosomique récessif | <b>D/D</b>   |
| d <sup>2</sup>                            | MLPH<br>c.705G>C        | Autosomique récessif | <b>D/D</b>   |
| d <sup>3</sup>                            | MLPH<br>c.667_668insC   | Autosomique récessif | <b>D/D</b>   |
| Locus E - Extension                       |                         |                      | <b>Masque Sombre (E<sup>m</sup>/E<sup>m</sup>)</b> |
| e   | MC1R<br>c.916C>T        | Autosomique récessif | <b>E/E</b>   |
| e <sup>2</sup>                            | MC1R<br>g.63695679C>G   | Autosomique récessif | <b>E/E</b>   |
| e <sup>3</sup>                            | MC1R<br>c.816_817delCT  | Autosomique récessif | <b>E/E</b>   |
| E <sup>m</sup>                            | MC1R<br>c.790A>G        | Autosomique dominant | <b>E<sup>m</sup>/E<sup>m</sup></b>                 |
| Locus I - Intensité (i)                   | MFSD12<br>c.151C>T      | Autosomique récessif | <b>Intensité forte à modérée (porteur I/i)</b>     |
| Locus K - Noir Dominant (K <sup>ø</sup> ) | CBD103<br>c.231_233del  | Autosomique dominant | <b>Non exprimé (k<sup>ø</sup>/k<sup>ø</sup>)</b>   |
| Longueur du Pelage                        |                         |                      | <b>Homozygote poil long</b>                        |
| L1  | FGF5<br>c.284G>T        | Autosomique récessif | <b>pl/pl</b>                                       |
| L2  | FGF5<br>c.578C>T        | Autosomique récessif | <b>PC/PC</b>                                       |
| L3  | FGF5<br>c.556_571del    | Autosomique récessif | <b>PC/PC</b>                                       |
| L4  | FGF5<br>c.559_560dup    | Autosomique récessif | <b>PC/PC</b>                                       |
| Poil Bouclé ou Ondulé (c <sup>1</sup> )   | KRT71<br>c.451C>T       | Autosomique dominant | <b>Non porteur (C/C)</b>                           |

Animal : **Aska**

|                       |                                 |                      |  |
|-----------------------|---------------------------------|----------------------|--|
| N° d'identification : | <b>250 269 611 529 937</b>      | Propriétaire :       | <b>Marion PERNET</b>   |
| Race :                | <b>Altdeutsche Schäferhunde</b> | N° de prélèvement :  | <b>E00894262</b> (prélevé le 17/11/2025)   |
| Sexe :                | <b>Femelle</b>                  | Code résultat :      | <b>A00127171</b>   |
| Date de naissance :   | <b>28/07/2025</b>               | Type prélèvement :   | Frottis buccal   |
| Pedigree :            |                                 | Préleveur :          | <b>Manon GARRONE</b> (Vétérinaire - N° d'ordre : 28361)<br>Prélèvement authentifié |
| Résultat établi le :  | <b>28/11/2025</b>               | Document établi le : | <b>04/12/2025</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<br>Mutation      | Mode<br>d'expression   | RÉSULTAT                           |
|--------------|-----------------------|------------------------|------------------------------------|
| Polydactylie | LMBR1<br>DC-2         | Autosomique dominant   | <b>Non porteur de polydactylie</b> |
| Shedding     | MC5R<br>g.24430748C>T | Autosomique codominant | <b>Chute de poils abondante</b>    |