

Animal : **Tornado**

N° d'identification : **250 269 610 310 764**
Race : **Berger Belge Malinois**
Sexe : **Femelle**
Date de naissance : **01/01/2022**
Pedigree :

Propriétaire : **Sandrine RACLIN**
N° de prélèvement : **E00756895** (prélevé le 06/03/2022)
Code résultat : **A00122136**
Type prélèvement : **Frottis buccal**
Préleveur : **Vincent CHARLES** (Vétérinaire - N° d'ordre : 19478)
Prélèvement **authentifié**

Résultat établi le : 09/10/2025

Document établi le : 10/10/2025

MALADIES	GÈNE Mutation	Mode d'expression	RÉSULTAT	EXPRESSION	TRANSMISSION
				✓	✓
Atrophie du Système Nerveux Central et Ataxie Cérébelleuse	SELENOP del ~17 kb	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Cardiomyopathie et Mortalité Juvénile	YARS2 c.1054G>A	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Dégénérescence Spongieuse et Ataxie Cérébelleuse					
SDCA1	KCNJ10 c.986T>C	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
SDCA2	ATP1B2 c.130_131ins227	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Myélopathie Dégénérative (DM)	SOD1 c.118G>A	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Hyperuricosurie (HUU)	SLC2A9 c.616G>T	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Sensibilité Médicamenteuse MDR1	MDR1 c.227_230delATAG	Autosomique codominant	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
✓ 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 : **Tornado**

N° d'identification :	250 269 610 310 764	Propriétaire :	Sandrine RACLIN
Race :	Berger Belge Malinois	N° de prélèvement :	E00756895 (prélevé le 06/03/2022)
Sexe :	Femelle	Code résultat :	A00122136
Date de naissance :	01/01/2022	Type prélèvement :	Frottis buccal
Pedigree :		Préleveur :	Vincent CHARLES (Vétérinaire - N° d'ordre : 19478)
			Prélèvement authentifié
Résultat établi le :	09/10/2025	Document établi le :	10/10/2025

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
Locus A - Agouti			Fauve charbonné (A^y/A^y)
a	ASIP c.286C>T	Autosomique récessif	a^w/a^w
a ⁱ	ASIP SINE insertion	Autosomique récessif	a^w/a^w
A ^y	ASIP c.244G>T/248G>A	Autosomique dominant	A^y/A^y
Locus D - Dilution			Non Porteur Dilution (D/D)
d	MLPH c.-22G>A	Autosomique récessif	D/D
d ²	MLPH c.705G>C	Autosomique récessif	D/D
d ³	MLPH c.667_668insC	Autosomique récessif	D/D
Locus E - Extension			Masque Sombre (E^m/E^m)
e	MC1R c.916C>T	Autosomique récessif	E/E
e ²	MC1R g.63695679C>G	Autosomique récessif	E/E
e ³	MC1R c.816_817delCT	Autosomique récessif	E/E
E ^m	MC1R c.790A>G	Autosomique dominant	E^m/E^m
Locus I - Intensité (i)	MFSD12 c.151C>T	Autosomique récessif	Intensité forte à modérée (I/I)
Locus K - Noir Dominant (K ^a)	CBD103 c.231_233del	Autosomique dominant	Non exprimé (k^y/k^y)
Longueur du Pelage			Non porteur poil long
L1	FGF5 c.284G>T	Autosomique récessif	PC/PC
L2	FGF5 c.578C>T	Autosomique récessif	PC/PC
L3	FGF5 c.556_571del	Autosomique récessif	PC/PC
L4	FGF5 c.559_560dup	Autosomique récessif	PC/PC
Poil Bouclé ou Ondulé (c ¹)	KRT71 c.451C>T	Autosomique dominant	Non porteur (C/C)
Polydactylie	LMBR1 DC-2	Autosomique dominant	Hétérozygote polydactyle
Queue Courte	T c.189C>G	Autosomique dominant	Homozygote queue longue
Shedding	MC5R g.24430748C>T	Autosomique codominant	Chute de poils abondante