

LABOKLIN GmbH & Co. KG, Steubenstraße 4, 97688 Bad Kissingen

Madame
Corinne Carter
520 chemin des hautes, entrecheaux
83150 Bandol
Frankreich

Résultat d'analyses Nr.: **2104-W-83898**
Réception le: 01.04.2021
Date du résultat: 06.04.2021
Début de l'analyse: 01.04.2021
Fin de l'analyse: 06.04.2021

Espèce:	Chien
Race:	Chien de Rhodesie a crete dorsale
Sexe:	Femelle
Nom:	Ozzy
Nr. de la puce:	250268712788159
Date de naissance / Âge:	17.11.2018
Nature du prélèvement:	Ecouvillon / sang EDTA
Échantillonneur:	Dr. Cedric Corlay (18774)
Propriétaire de l'animal:	Carter, Corinne
Numéro EDP / ID des résultats:	---

Myélopathie dégénérative - PCR

Résultats d'analyse : Génotype N/MD (Exon 2)

Interprétation : L'animal est porteur (hétérozygote) pour la mutation pour MD d'exon 2 du gène SOD1.

Transmission : autosomique récessive

Remarque : chez le Bouvier bernois, une seconde mutation, qui se trouve aussi sur le gène SOD 1 (exon 1), est également impliquée dans l'apparition de la myélopathie dégénérative (MD).

Hémophilie B (Facteur IX) - PCR

Résultat: femelle :génotype X(N)/X(N) male : génotype X(N)/Y Interprétation: l' animal examiné est homozygote normal. Il n'est donc pas porteur de la mutation sur le gène FIX responsable de l' hémophilie B.

Mode de transmission : gonosomique récessif lié à l' X Une corrélation entre cette mutation et la maladie est à ce jour décrite dans les races suivantes: Rhodesian Ridgeback

Epilepsie myoclonique juvénile (JME) - PCR

Résultat: génotype N/N

Interprétation: l' animal examiné est homozygote normal. Il n'est donc pas porteur de la mutation sur le gène DIRAS1 responsable de l' épilepsie myoclonique juvénile (JME).

Mode de transmission: autosomique récessif.

Une corrélation entre cette mutation et cette maladie est à ce jour décrite dans les races suivantes: Rhodesian Ridgeback.

Locus D (Dilution) - PCR

Résultat pour d1: génotype N/N (anciennement D/D)

Interprétation: l'animal examiné n'est pas porteur de l'allèle d1.

Le génotype complet du locus D ne peut être clairement établi qu'à partir des résultats des tests génétiques recherchant tous les allèles connus à ce jour au locus D (d1, d2 et d3), avec prise en compte de la spécificité raciale de certains d'entre eux.

Remarque: La nomenclature des tests à été adaptée suite à l'harmonisation des résultats des tests génétiques.

Locus B (marron chocolat, foie)

test génétique du locus B recherche les 3 allèles connus à ce jour dans toutes les races, à savoir bd, bc et bs, ainsi que les allèles sauvages N correspondants.

Variant bd

Résultat pour bd: génotype N/N (anciennement B/B)

Interprétation: l'animal examiné n'est pas porteur de l'allèle bd.

Variant bc

Résultat pour bc: génotype N/N (anciennement B/B)

Interprétation: l'animal examiné n'est pas porteur de l'allèle bc.

Variant bs

Résultat pour bs: génotype N/N (anciennement B/B)

Interprétation: l'animal examiné n'est pas porteur de l'allèle bs.

La couleur de l'eumélanine (noire ou marron), dépend de la répartition des allèles au locus B. En présence de 2 copies d'un des allèles (homozygotie), la couleur de l'eumélanine sera modifiée en conséquence. En présence au locus B d'une copie de plusieurs de ces allèles (combinaison hétérozygote), il n'est pas possible de prévoir les nuances de couleur ni leur répartition sur le pelage.

Le génotype complet du locus B ne peut être clairement établi qu'à partir des résultats des tests génétiques recherchant tous les allèles connus à ce jour au locus B (bd, bc, bs, b4 et be), avec prise en compte de la spécificité raciale de certains d'entre eux.

Remarque : La nomenclature des tests à été adaptée suite à l'harmonisation des résultats des tests génétiques.

Locus EM (masque noir) - PCR

Résultat pour EM: génotype N/EM (anciennement Ex/EM)

Interprétation: l'animal examiné est porteur d'une copie de l'allèle EM (hétérozygote).

Le génotype complet du locus E ne peut être clairement établi qu'à partir des résultats des tests génétiques recherchant tous les allèles connus à ce jour au locus E (e1, e2, e3, eA, eg, eh et EM) avec prise en compte de la spécificité raciale de certains d'entre eux.

Remarque : La nomenclature des tests à été adaptée suite à l'harmonisation des résultats des tests génétiques.

Ce résultat ne concerne que le prélèvement reçu et analysé par le laboratoire. Les tests génétiques mis en oeuvre conformément aux données acquises de la science identifient uniquement la mutation connue, d'autres anomalies génétiques impliquées dans l'expression de la maladie n'étant pas exclues.

Le donneur d'ordre est responsable de l'authentification des données relatives à l'animal et au prélèvement. Le laboratoire est tenu à une obligation de moyens. Les dommages et intérêts sont limités au montant des prestations réalisées, et ce dans la limite légale autorisée. Le laboratoire est accrédité selon la norme DIN EN ISO/IEC 17025:2018 pour les prestations de ce rapport d'analyses. (sauf les prestations des laboratoires partenaires)

Prélèvement:

Le prélèvement issu de cet animal a été identifié de manière officielle par le vétérinaire suivant:

Dr. Cedric Corlay (18774)

Les résultats d'analyses se rapportent uniquement au prélèvement reçu et soumis à analyse dans notre laboratoire. L'exactitude des données relatives au prélèvement est de la responsabilité de l'expéditeur. Sauf mention contraire, l'échantillon a pu faire l'objet des analyses demandées. Ce rapport d'essai ne peut être diffusé qu'en entier et sans modifications. Toute reproduction partielle ou contenant des modifications doit recevoir au préalable l'autorisation écrite de Laboklin GmbH & Co. KG.



Fr. Dipl.-Ing. Christina Dangel
Abt. Molekularbiologie

*** Fin du résultat ***



Laboklin App