

Laboklin GmbH & Co. KG, Max Kämpf-Platz 1 Postfach, 4002 Basel

Mont-Terri Vétérinaires
Sur-le-Bottenier 1
2950 Courgenay
Schweiz

Résultat d'analyses Nr.:

Réception le:	22.02.2024
Date du résultat:	27.02.2024
Début de l'analyse:	22.02.2024
Fin de l'analyse:	27.02.2024
Statut des résultats:	Résultat final

Espèce:	Hund
Race:	Berger Australien
Sexe:	Unbekannt
Nom:	Benji
Nr. de la puce:	
Date de naissance / Âge:	22.05.2022
Nature du prélèvement:	EDTA-Blut
Date de prélèvement:	14.02.2024
Échantillonneur:	Mont Terri Veterinaires
Propriétaire de l'animal:	Theubet, Sylvie
Numéro EDP / ID des résultats:	---

Annexe du 22.02.2024 au résultat.

M-locus* (alleles: Mh, M, Ma+, Ma, Mc+, Mc, m et mosaïques) - PCR *

Résultat: Génotype M(267)/m

Résultats d'analyse : Génotype M/m

Interprétation : L'animal est hétérozygote pour les allèles M et m.

Le test détecte les allèles Mh (merle harlequin), M (merle), Ma+ et Ma (merle atypique), Mc+ et Mc (merle cryptique) et m (non-merle).

Série allèle : Mh, M, Ma+, Ma, Mc+, Mc > m

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 réalisé et authentifié de manière officielle par le vétérinaire suivant:

Mont Terri Veterinaires

Mont-Terri Vétérinaires
Sur-le-Bottenier 1
2950 Courgenay
Schweiz

Résultat d'analyses Nr.:

Réception le:	15.02.2024
Date du résultat:	21.02.2024
Début de l'analyse:	15.02.2024
Fin de l'analyse:	21.02.2024
Statut des résultats:	Résultat final

Espèce:	Hund
Race:	Berger Australien
Sexe:	Unbekannt
Nom:	Benji
Nr. de la puce:	
Date de naissance / Âge:	22.05.2022
Nature du prélèvement:	EDTA-Blut
Date de prélèvement:	14.02.2024
Échantillonneur:	Mont-Terri Vétérinaires
Propriétaire de l'animal:	Theubet, Sylvie
Numéro EDP / ID des résultats:	---

Mutation du gène MDR1 (sensibilité médicamenteuse) - PCR

Résultat :génotype N/N (+/+)

Interprétation:le chien examiné est homozygote normal et ne porte donc pas la mutation dans le gène MDR1 responsable d'une hypersensibilité à certains médicaments,notamment l'ivermectine et ses dérivés.II est sain et ne transmettra pas cette mutation à sa descendance.

Sont concernées les races suivantes:Colley,Berger australien,Bobtail, Border et Bearded Collies, Berger des Shetland,Whippet à poil long, Silken Windhound,Bergers allemand et blanc suisse(liste non limitative).

Remarque : des cas isolés d' individus hétérozygotes ayant développé les symptômes de la maladie ont été rapportés

Le test génétique qui met en évidence la mutation nt230 (de14) du gène MDR1, est réalisé d'après la publication deMealey et al. (2001) "Ivermectin sensitivity in collies is associated with a deletion mutation of the mdr1 gene."

Myélopathie dégénérative - PCR

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

Interprétation : L'animal est homozygote pour l'allèle type naturel. Il ne possède pas 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).

Hyperuricosurie - PCR

Résultat: Génotype: N/N (sain)

Interprétation: Le chien examiné est homozygote normal pour le gène intact. Ce chien n'est pas porteur de la mutation décrite comme responsable de cette forme d'hyperuricosurie. Uniquement la mutation connu jusqu'à aujourd' hui à été analysé.

Le résultat n'est que validé pour l'échantillon envoyé.

Brachyurie congénitale - PCR

Résultat: génotype N/N (sain)

Interprétation:le chien examiné est homozygote normal et ne porte donc pas la mutation (C189G du gène T) à l'origine de la brachyurie ("queue courte")dans certaines races,principalement de chiens de berger et de chasse.Il ne transmettra à sa descendance que l'allèle sauvage normal.

Céroïde-lipofuscinose neuronale (NCL) - PCR

Résultat; génotype N/N (sain)

Interprétation: le chien examiné est homozygote normal et porte donc 2 copies normales du gène concerné.Il est sain et ne développera pas la lipofuscinose neuronale céroïde (NCL).Il ne transmettra donc pas à sa descendance la mutation responsable de la NCL. Ce résultat ne concerne que le prélèvement reçu et soumis à analyse Ce resultat est validé pour le race Berger australien.

Céroïde-lipofuscinose neuronale (NCL) adult onset - PCR

Résultat : génotype N/N

Interprétation: l'animal examiné est homozygote normal. Il n'est donc pas porteur sur le gène CLN8 de la mutation responsable de la NCL (ceroïde lipofuscinose neuronale).

Mode de transmission : autosomique récessif.

Une corrélation entre cette mutation et la maladie est à ce jour décrite dans les races suivantes : Berger australien.

Mutation du gène MDR1 (sensibilité médicamenteuse) - PCR

Résultat :génotype N/N (+/+)

Interprétation:le chien examiné est homozygote normal et ne porte donc pas la mutation dans le gène MDR1 responsable d'une hypersensibilité à certains médicaments,notamment l'ivermectine et ses dérivés.Il est sain et ne transmettra pas cette mutation à sa descendance.

Sont concernées les races suivantes:Colley,Berger australien,Bobtail, Border et Bearded Collies, Berger des Shetland,Whippet à poil long, Silken Windhound,Bergers allemand et blanc suisse(liste non limitative).

Remarque : des cas isolés d' individus hétérozygotes ayant développé les symptômes de la maladie ont été rapportés

Le test génétique qui met en évidence la mutation nt230 (de14) du gène MDR1, est réalisé d'après la publication deMealey et al. (2001) "Ivermectin sensitivity in collies is associated with a deletion mutation of the mdr1 gene."

Dégénérescence des photorécepteurs (prcd-PRA) - PCR *

Résultat: génotype N/N (A, libre)

Interprétation: le chien examiné est homozygote normal au regard de la mutation décrite comme responsable de cette forme d'atrophie progressive de la rétine (prcd-APR). Il n'est donc pas porteur de la mutation et ne développera pas cette maladie oculaire.

Ce résultat est validé pour les races mentionnées ci-dessous.

Ce résultat est validé pour les races suivantes (liste non limitative):

Australian Cattle Dog, American Cocker Spaniel, American Eskimo, Chinese Crested, Chiens d'eau portugais et espagnol, Golden Retriever, Labrador Retriever, Chesapeake Bay Retriever, English Cocker Spaniel, Entlebucher Sennenhund, Chiens suédois et finnois de Lapponie, Lapponian Herder, Elkhound norvégien, Kuvasz, Nova Scotia Duck tolling Retriever, Yorkshire & Silky Terriers, Australian Stumpy Tail cattle Dog, Australian Shepherd, Caniches Nain, Moyen & Toy.

Anomalie de l'oeil du Colley *

Résultat: Génotype N/N (libre)

Interprétation: Le chien examiné est sain (homozygote) pour le gène intact. Il n'est pas porteur de la mutation décrite comme responsable de l'Anomalie Oculaire du Colley (CEA/CH). Seul le gène intact sera transmis à la descendance.

Le résultat vaut seulement pour les races de Colley, Border Collie, Berger australien, Shetland, Lonhaired Whippet, Retriever de la Nouvelle-Ecosse, Lancashire Heeler et Hokkaido.

Cataracte héréditaire - PCR

Résultat: génotype N/N (libre)

interprétation: le chien examiné est homozygote normal et porte donc deux copies normales du gène HSF4. Il est sain et ne transmettra pas la mutation dans le gène HSF4 responsable de cette forme de cataracte héréditaire concernant le Berger australien et le Waeller. Seule la mutation identifiée à ce jour a fait l'objet d'une analyse. Ce résultat ne concerne que le prélèvement reçu et soumis à analyse par le laboratoire.

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 réalisé et authentifié de manière officielle par le vétérinaire suivant:

Mont-Terri Vétérinaires