

Animal : **Vega**

N° d'identification : **250 268 781 149 604**
 Race : **Border Collie**
 Sexe : **Femelle**
 Date de naissance : **03/03/2024**
 Pedigree :

Propriétaire : **Victoire CABAN**
 N° de prélèvement : **E01051782** (prélevé le 06/08/2026)
 Code résultat : **A00150854**
 Type prélèvement : **Frottis buccal**
 Préleveur : **Helene CARRE** (Vétérinaire - N° d'ordre : 30923)
 Prélèvement **authentifié**

Résultat établi le : 20/08/2026

Document établi le : 20/08/2026

MALADIES

	GÈNE Mutation	Mode d'expression	RÉSULTAT	EXPRESSION	TRANSMISSION
Anomalie de l'Oeil du Colley (Hypoplasie Choroïdienne) (AOC)	NHEJ1 c.588+462_588+8260del77 99bp	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Déficit en Vitamine B12	CUBN c.8392delC	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Goniodysgénésie et Glaucome	OLFML3 c.590G>A	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Neuropathie Sensitive	FAM134B 6.47 Mb inversion	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Sensibilité Médicamenteuse MDR1 (ABCB1)	MDR1 (ABCB1) c.227_230delATAG	Autosomique codominant	Homozygote normal	✓	✓
Syndrome de Raine	FAM20C c.899C>T	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Syndrome de Séquestration des Neutrophiles	VPS13B g.4411956_4411960delGT TT	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Atrophie Progressive de la Rétine (APR-prcd)	PRCD c.5G>A	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Céroïde-Lipofuscinose Neuronale (NCL-B)	CLN5 c.619C>T	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Collapsus Induit par l'Exercice (EIC)	DNM1 c.767G>T	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Cystinurie	SLC3A1 c.1095_1100delACCACC	Autosomique dominant	Homozygote normal	✓	✓
Dysplasie Squelettique 2	COL11A2 c.143G>C	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Hyperuricosurie (HUU)	SLC2A9 c.616G>T	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Myélopathie Dégénérative (DM)	SOD1 c.118G>A	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Myotonie Congénitale (MC-C)	CLCN1 c.2665insA	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Neutropénie Cyclique	AP3B1 c.2401_2402insA	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓

EXPLICATIONS	EXPRESSION	TRANSMISSION
Homozygote normal : l'animal possède 2 copies normales du gène.	✓ L'animal ne développera pas la maladie associée à la mutation testée.	L'animal ne transmet pas la mutation testée.
Hétérozygote : l'animal possède une copie normale et une copie défectueuse du gène.	! 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.
Homozygote muté : l'animal possède 2 copies défectueuses du gène.		

Animal : **Vega**

N° d'identification : **250 268 781 149 604**
 Race : **Border Collie**
 Sexe : **Femelle**
 Date de naissance : **03/03/2024**
 Pedigree :

Propriétaire : **Victoire CABAN**
 N° de prélèvement : **E01051782** (prélevé le 06/08/2026)
 Code résultat : **A00150854**
 Type prélèvement : **Frottis buccal**
 Préleveur : **Helene CARRE** (Vétérinaire - N° d'ordre : 30923)
 Prélèvement **authentifié**

Résultat établi le : **20/08/2026**

Document établi le : **20/08/2026**

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			Gris-Loup porteur noir et feu (a^w/a^t)
a	ASIP c.286C>T	Autosomique récessif	a^w/a^w
a ^t	ASIP SINE insertion	Autosomique récessif	a^w/a^t
A ^y	ASIP c.244G>T/248G>A	Autosomique dominant	a^w/a^w
Locus B - Marron			Non Porteur Marron (B/B)
b ^a	TYRP1 c.555T>G	Autosomique récessif	B/B
b ^c	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	B/B
b ^s	TYRP1 c.991C>T	Autosomique récessif	B/B
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)
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
Locus K - Noir Dominant (K ^B)			Noir dominant ou bringé (K^B/k^y)
	CBD103 c.231_233del	Autosomique dominant	
Locus M - Merle			Hétérozygote Merle (M/m)
	SILV SINE insertion	Autosomique dominant	
Longueur du Pelage			Homozygote poil long
L1	FGF5 c.284G>T	Autosomique récessif	pl/pl
L2	FGF5 c.578C>T	Autosomique récessif	PC/PC
Poil Bouclé ou Ondulé (c ¹)			Non porteur (C/C)
	KRT71 c.451C>T	Autosomique dominant	
Polydactylie			Hétérozygote polydactyle
	LMBR1 DC-2	Autosomique dominant	
Shedding			Chute de poils abondante
	MC5R g.24430748C>T	Autosomique codominant	