

Réception des échantillons, CDEVQ
Service de diagnostic
Faculté de médecine vétérinaire
Université de Montréal, 3220, rue Sicotte
Saint-Hyacinthe, Québec, Canada J2S 2M2

Rapport d'analyse ADN

Nom : Sharptailed Stance Blackbird Mach
Race : Gordon Setter **Sexe :** mâle **Age :** 2 ans 5 mois
I.D. : 956000006347797
Dossier : 1142354
Propriétaire : Jean-Philippe Poisson
Adresse : 608 rue Des Rouges-Gorges, Saint-Lambert de Lauzon, Québec. G0S 2W0
Téléphone : 418-802-4250
Courriel : info@gordonsetter.ca

Reçu le : 2020-11-12
Analyse : 2020-11-17
Échantillon : 2424042
Cas : M432-55

Analyse d'Ataxie héréditaire (gène *RAB24* ; c.113 A>C, exon1)

Résultat :

N/N

Interprétation des codes :

- N/N** Homozygote normal du gène *RAB24* (deux copies normales)
M/N Hétérozygote de la mutation du gène *RAB24* (une copie normale, une copie mutée)
M/M Homozygote de la mutation du gène *RAB24* (deux copies mutées)

N/N Homozygote (« clear ») : L'animal est homozygote normal pour le gène *RAB24*. L'animal ne présente pas de risque d'avoir les symptômes d'ataxie héréditaire. Si l'animal est utilisé pour la reproduction, il transmettra le gène normal à 100% de sa descendance.

M/N Hétérozygote (porteur) : L'animal est hétérozygote (porteur) pour la mutation du gène *RAB24*. L'animal ne présente pas de risque d'avoir les symptômes d'ataxie héréditaire. Si l'animal est utilisé pour la reproduction, il transmettra la mutation à 50% (en moyenne) de sa descendance.

M/M Homozygote (à risque) : L'animal est homozygote muté pour le gène *RAB24*. L'animal présente un risque d'avoir les symptômes d'ataxie héréditaire. Si l'animal est utilisé pour la reproduction, il transmettra la mutation à 100% de sa descendance.

David W. Silversides.

Dr. David W. Silversides, DMV, PhD

Rapport d'analyse ADN

Nom : Sharptailed Stance Blackbird Mach
Race : Gordon Setter **Sexe :** mâle **Age :** 2 ans 5 mois
I.D. : 956000006347797
Dossier : 1142354
Propriétaire : Jean-Philippe Poisson
Adresse : 608 rue Des Rouges-Gorges, Saint-Lambert de Lauzon, Québec. G0S 2W0
Téléphone : 418-802-4250
Courriel : info@gordonsetter.ca

Reçu le : 2020-11-12
Analyse : 2020-11-17
Échantillon : 2424042
Cas : M431-70

Analyse de la PRA-RCD4 (Atrophie progressive et tardive de la rétine)(gène *C2orf71*, c.3149_3150 ins.C, exon1)**Résultat :**

N/N

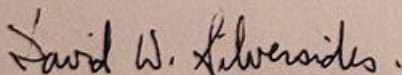
Interprétation des codes :

- N/N** Homozygote normal du gène *C2orf71* (deux copies normales)
M/N Hétérozygote de la mutation du gène *C2orf71* (une copie normale, une copie mutée)
M/M Homozygote de la mutation du gène *C2orf71* (deux copies mutées)

N/N Homozygote (« clear ») : L'animal est homozygote normal pour le gène *C2orf71*. L'animal ne présente pas de risque d'avoir les symptômes de la maladie de PRA-RCD4. Si l'animal est utilisé pour la reproduction, il transmettra le gène normal à 100% de sa descendance.

M/N Hétérozygote (porteur) : L'animal est hétérozygote (porteur) pour la mutation du gène *C2orf71*. L'animal ne présente pas de risque d'avoir les symptômes de la maladie de PRA-RCD4. Si l'animal est utilisé pour la reproduction, il transmettra la mutation à 50% (en moyenne) de sa descendance.

M/M Homozygote (à risque) : L'animal est homozygote muté pour le gène *C2orf71*. L'animal présente un risque d'avoir les symptômes de la maladie de PRA-RCD4. Si l'animal est utilisé pour la reproduction, il transmettra la mutation à 100% de sa descendance.



Dr. David W. Silversides, DMV, PhD

Réception des échantillons, CDEVQ
Service de diagnostic
Faculté de médecine vétérinaire
Université de Montréal, 3220, rue Sicotte
Saint-Hyacinthe, Québec, Canada J2S 2M2

Rapport d'analyse ADN

Nom : Sharptailed Stance Blackbird Mach
Race : Gordon Setter **Sexe** : mâle **Age** : 2 ans 5 mois
I.D. : 956000006347797
Dossier : 1142354
Propriétaire : Jean-Philippe Poisson
Adresse : 608 rue Des Rouges-Gorges, Saint-Lambert de Lauzon, Québec. G0S 2W0
Téléphone : 418-802-4250
Courriel : info@gordonsetter.ca

Reçu le : 2020-11-12
Analyse : 2020-11-17
Échantillon : 2424042
Cas : M454-15

Analyse de Céroïde-lipofuscinose neuronale 8 (NCL-8) (gène *CLN8* ; c.4911 T>C, exon2)

Résultat : **N/N**

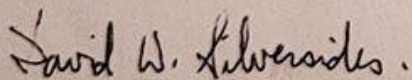
Interprétation des codes :

- N/N** Homozygote normal du gène *CLN8* (deux copies normales)
M/N Hétérozygote de la mutation du gène *CLN8* (une copie normale, une copie mutée)
M/M Homozygote de la mutation du gène *CLN8* (deux copies mutées)

N/N Homozygote (« clear ») : L'animal est homozygote normal pour le gène *CLN8*. L'animal ne présente pas de risque d'avoir les symptômes de céroïde-lipofuscinose neuronale 8 (NCL-8). Si l'animal est utilisé pour la reproduction, il transmettra le gène normal à 100% de sa descendance.

M/N Hétérozygote (porteur) : L'animal est hétérozygote (porteur) pour la mutation du gène *CLN8*. L'animal ne présente pas de risque d'avoir les symptômes de céroïde-lipofuscinose neuronale 8 (NCL-8). Si l'animal est utilisé pour la reproduction, il transmettra la mutation à 50% (en moyenne) de sa descendance.

M/M Homozygote (à risque) : L'animal est homozygote muté pour le gène *CLN8*. L'animal présente un risque d'avoir les symptômes de céroïde-lipofuscinose neuronale 8 (NCL-8). Si l'animal est utilisé pour la reproduction, il transmettra la mutation à 100% de sa descendance.



Dr. David W. Silversides, DMV, PhD

Réception des échantillons, CDEVQ
Service de diagnostic
Faculté de médecine vétérinaire
Université de Montréal, 3220, rue Sicotte
Saint-Hyacinthe, Québec, Canada J2S 2M2

Rapport d'analyse ADN

Nom : Sharptailed Stance Blackbird Mach
Race : Gordon Setter **Sexe :** mâle **Age :** 2 ans 5 mois
I.D. : 956000006347797
Dossier : 1142354
Propriétaire : Jean-Philippe Poisson
Adresse : 608 rue Des Rouges-Gorges, Saint-Lambert de Lauzon, Québec. G0S 2W0
Téléphone : 418-802-4250
Courriel : info@gordonsetter.ca

Reçu le : 2020-11-12
Analyse : 2020-11-17
Échantillon : 2424042
Cas : M416-1271

Analyse de la myélopathie dégénérative (gène *SOD1*, c.118 G>A, exon2)

Résultat :

N/N

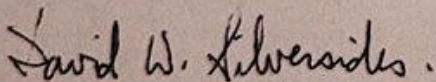
Interprétation des codes :

- N/N** Homozygote normal du gène *SOD1* (deux copies normales)
M/N Hétérozygote de la mutation du gène *SOD1* (une copie normale, une copie mutée)
M/M Homozygote de la mutation du gène *SOD1* (deux copies mutées)

N/N Homozygote (« clear ») : L'animal est homozygote normal pour le gène *SOD1*. L'animal ne présente pas de risque d'avoir les symptômes de myélopathie dégénérative. Si l'animal est utilisé pour la reproduction, il transmettra le gène normal à 100% de sa descendance.

M/N Hétérozygote (porteur) : L'animal est hétérozygote (porteur) pour la mutation du gène *SOD1*. L'animal ne présente pas de risque d'avoir les symptômes de myélopathie dégénérative. Si l'animal est utilisé pour la reproduction, il transmettra la mutation à 50% (en moyenne) de sa descendance.

M/M Homozygote (à risque) : L'animal est homozygote muté pour le gène *SOD1*. L'animal présente un risque d'avoir les symptômes de myélopathie dégénérative. Si l'animal est utilisé pour la reproduction, il transmettra la mutation à 100% de sa descendance.



Dr. David W. Silversides, DMV, PhD