

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 :** Miranda de Labernois  
**Race :** Cavalier King Charles **Sexe :** femelle **Age :** 1 an et demi  
**I.D. :** 967000010050467  
**Dossier :**  
**Propriétaire :** Lucie Girard  
**Adresse :** 496 2<sup>e</sup> rang Est, Bégin, Québec. G0V 1B0  
**Téléphone :** 418-487-8912  
**Courriel :** letdgirard@hotmail.com

Reçu le : 2020-04-03  
Analyse : 2020-04-09  
Échantillon : 2334512  
Cas : M416-1067

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

Résultat :

M/N

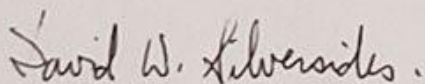
#### Interprétation des codes :

- N/N** Homozygote normal du gène *SOD1* (deux copies normales)
- N/M** 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.

**N/M 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

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 :** Miranda de Labernois  
**Race :** Cavalier King Charles **Sexe :** femelle **Age :** 1 an et demi  
**I.D. :** 967000010050467  
**Dossier :**  
**Propriétaire :** Lucie Girard  
**Adresse :** 496 2<sup>e</sup> rang Est, Bégin, Québec. G0V 1B0  
**Téléphone :** 418-487-8912  
**Courriel :** letdgirard@hotmail.com

Reçu le : 2020-04-03  
Analyse : 2020-04-08  
Échantillon : 2334512  
Cas : M478-35

### Analyse de Syndrome de chute épisodique (gène *BCAN* ; dél.15,7kb, exon1,2,3)

Résultat : **N/N**

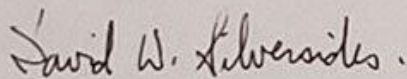
#### Interprétation des codes :

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

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

**N/M Hétérozygote (porteur)** : L'animal est hétérozygote (porteur) pour la mutation du gène *BCAN*. L'animal ne présente pas de risque d'avoir les symptômes du syndrome de chute épisodique. 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 *BCAN*. L'animal présente un risque d'avoir les symptômes du syndrome de chute épisodique. 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 :** Miranda de Labernois  
**Race :** Cavalier King Charles **Sexe :** femelle **Age :** 1 an et demi  
**I.D. :** 967000010050467  
**Dossier :**  
**Propriétaire :** Lucie Girard  
**Adresse :** 496 2<sup>e</sup> rang Est, Bégin, Québec. G0V 1B0  
**Téléphone :** 418-487-8912  
**Courriel :** letdgirard@hotmail.com

Reçu le : 2020-04-03  
Analyse : 2020-04-09  
Échantillon : 2334512  
Cas : M436-14

### Analyse de Macrothrombocytopénie congénitale (gène *TUBB1* ; c.745 G>A, exon5)

Résultat : **N/N**

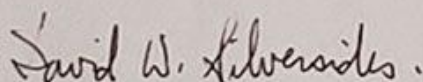
#### Interprétation des codes :

N/N Homozygote normal du gène *TUBB1* (deux copies normales)  
N/M Hétérozygote de la mutation du gène *TUBB1* (une copie normale, une copie mutée)  
M/M Homozygote de la mutation du gène *TUBB1* (deux copies mutées)

**N/N Homozygote (« clear »)** : L'animal est homozygote normal pour le gène *TUBB1*. L'animal ne présente pas de risque d'avoir les symptômes de macrothrombocytopénie congénitale. Si l'animal est utilisé pour la reproduction, il transmettra le gène normal à 100% de sa descendance.

**N/M Hétérozygote (porteur)** : L'animal est hétérozygote (porteur) pour la mutation du gène *TUBB1*. L'animal ne présente pas de risque d'avoir les symptômes de macrothrombocytopénie congénitale. 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 *TUBB1*. L'animal présente un risque d'avoir les symptômes de macrothrombocytopénie congénitale. Si l'animal est utilisé pour la reproduction, il transmettra la mutation à 100% de sa descendance.



Dr. David W. Silversides, DMV, PhD