

## Certificat d'Analyse(s)

**Propriétaire :** HENRY Céline

**Elevage :** 36927

**Demandeur :** HENRY Céline

**Organisation :**

**Préleveur :** CLAPPAZ Aline (21878)

**HENRY Céline**

97 Domaine La Figueraie

34120 NELIGNAN L'EVEQUE

**Date de prélèvement :** 19/08/2022

**Date de réception :** 29/08/2022

**Nombre de prélèvements :** 1

**Nature des prélèvements :** Buccal (brossette)

**Espèce :** CHAT

**Race :** MCO - Maine Coon

**Date de naissance :** 12/04/2022

**Sexe :** Femelle

## Pyruvate Kinase Deficiency (Pkdef)

**Date d'exécution :** 07/09/2022

Identification	Autres informations	Résultat
1 Code ADN : FC59267 Nom : TRY S PRYOR SHIJIN NONEKO Puce : 250269699588029		NORMAL (+/+)

*La présence de la mutation c.693+304G>A présente sur le gène PKLR est recherchée.*

*Cette mutation est responsable du Déficit en pyruvate kinase (PKDef) chez les chats de races : Abyssin/Somali, Bengal, Mau Egyptien, LaPerm, Maine Coon, Norvégien, Savannah, Sibérien, Singapura, Ocicat, Domestic longhair et shorthair.*

*Cette mutation se transmet de manière autosomique récessive ; Seuls les individus ayant reçu 2 allèles mutés (génotype -/-) sont considérés comme atteints par la maladie. Les individus ayant reçu un seul allèle muté (génotype +/-) sont considérés comme porteur de la maladie - ils ne développeront pas la maladie mais ont 50% de chance de transmettre héréditairement la mutation à leurs descendants. Les individus ne possédant pas d'allèles mutés (génotype +/+) sont considérés comme sains.*

*NORMAL (+/+): animal homozygote normal, non porteur de la mutation*

*PORTEUR (+/-): animal hétérozygote porteur de la mutation*

*ATTEINT (-/-): animal homozygote atteint*

*Ce compte-rendu ne concerne que les prélèvements soumis à analyse.  
La reproduction de ce document n'est autorisée que sous la forme de fac-similé  
photographique intégral.*

**Fait à Loudéac, le 09/09/2022**

*Dr David Schikorski*

*Responsable développement génétique et génomique*



## Certificat d'Analyse(s)

<b>Propriétaire :</b> HENRY Céline	<b>HENRY Céline</b>
<b>Elevage :</b> 36927	97 Domaine La Figueraie
<b>Demandeur :</b> HENRY Céline	
<b>Organisation :</b>	34120 NELIGNAN L'EVEQUE
<b>Préleveur :</b> CLAPPAZ Aline (21878)	

---

<b>Date de prélèvement :</b> 19/08/2022	<b>Date de réception :</b> 29/08/2022
<b>Nombre de prélèvements :</b> 1	<b>Nature des prélèvements :</b> Buccal (brossette)
<b>Espèce :</b> CHAT	<b>Race :</b> MCO - Maine Coon
<b>Date de naissance :</b> 12/04/2022	<b>Sexe :</b> Femelle

### Cardio-Myopathie Hypertrophique (HCM-MC)

Date d'exécution : 07/09/2022

Identification	Autres informations	Résultat
1 Code ADN : FC59267 Nom : TRY S PRYOR SHIJIN NONEKO Puce : 250269699588029		NORMAL (+/+)

*La présence de la mutation A31P présente sur le gène MyBPC3 est recherchée.*

*Cette mutation est responsable de la Myocardiopathie hypertrophique (HCM) chez les chats de race Maine Coon.*

*Cette mutation se transmet de manière autosomique dominante ; Les individus ayant reçu un allèle muté pourront développer la maladie plus ou moins tard et avec une intensité différente. Les individus ne possédant pas d'allèles mutés (génotype +/+) sont considérés comme sains.*

*NORMAL (+/+): animal homozygote normal, non porteur de la mutation*

*PORTEUR (+/-): animal hétérozygote porteur de la mutation*

*ATTEINT (-/-): animal homozygote atteint*

*Ce compte-rendu ne concerne que les prélèvements soumis à analyse.  
La reproduction de ce document n'est autorisée que sous la forme de fac-similé photographique intégral.*

**Fait à Loudéac, le 09/09/2022**

*Dr David Schikorski*

*Responsable développement génétique et génomique*



## Certificat d'Analyse(s)

<b>Propriétaire :</b> HENRY Céline	<b>HENRY Céline</b>
<b>Elevage :</b> 36927	97 Domaine La Figueraie
<b>Demandeur :</b> HENRY Céline	
<b>Organisation :</b>	
<b>Préleveur :</b> CLAPPAZ Aline (21878)	34120 NELIGNAN L'EVEQUE

---

<b>Date de prélèvement :</b> 19/08/2022	<b>Date de réception :</b> 29/08/2022
<b>Nombre de prélèvements :</b> 1	<b>Nature des prélèvements :</b> Buccal (brossette)
<b>Espèce :</b> CHAT	<b>Race :</b> MCO - Maine Coon
<b>Date de naissance :</b> 12/04/2022	<b>Sexe :</b> Femelle

## Spinal Muscular Atrophy (SMA)

Date d'exécution : 07/09/2022

Identification	Autres informations	Résultat
1 Code ADN : FC59267 Nom : TRY S PRYOR SHIJIN NONEKO Puce : 250269699588029		NORMAL (+/+)

La présence de la mutation "140kb del (exons 4-6) "présente sur le gène LIX1 est recherchée.

Cette mutation est responsable de l'atrophie musculaire spinale (SMA) chez les chats de race Maine Coon.

Cette mutation se transmet de manière autosomique récessive ; Seuls les individus ayant reçu 2 allèles mutés (génotype -/-) sont considérés comme atteints par la maladie. Les individus ayant reçu un seul allèle muté (génotype +/-) sont considérés comme porteur de la maladie - ils ne développeront pas la maladie mais ont 50% de chance de transmettre héréditairement la mutation à leurs descendants. Les individus ne possédant pas d'allèles mutés (génotype +/+) sont considérés comme sains.

*NORMAL (+/+)* : animal homozygote normal, non porteur de la mutation

*PORTEUR (+/-)* : animal hétérozygote porteur de la mutation

*ATTEINT (-/-)* : animal homozygote atteint

Ce compte-rendu ne concerne que les prélèvements soumis à analyse.  
La reproduction de ce document n'est autorisée que sous la forme de fac-similé photographique intégral.

Fait à Loudéac, le 09/09/2022

Dr David Schikorski

Responsable développement génétique et génomique



## Certificat d'Analyse(s)

Propriétaire : HENRY Céline

Elevage : 36927

Demandeur : HENRY Céline

Organisation :

Préleveur : CLAPPAZ Aline (21878)

**HENRY Céline**

97 Domaine La Figueraie

34120 NELIGNAN L'EVEQUE

Date de prélèvement : 19/08/2022

Date de réception : 29/08/2022

Nombre de prélèvements : 1

Nature des prélèvements : Buccal (brossette)

Espèce : CHAT

Race : MCO - Maine Coon

Date de naissance : 12/04/2022

Sexe : Femelle

### GS ADN

Date d'exécution : 07/09/2022

Identification	Autres informations	Résultat
1 Code ADN : FC59267 Nom : TRY S PRYOR SHIJIN NONEKO Puce : 250269699588029		nonb/b

GS ADN ou Groupe Sanguin par ADN

Résultat nonb/nonb: aucun allèle b détecté = groupe sanguin A ou AB. Résultat nonb/b: 1 allèle b détecté = groupe sanguin A ou AB. Résultat b/b: 2 allèles b détectés = groupe sanguin B.

Dans l'état actuel des connaissances, ce test est valable chez de nombreuses races de chats mais peut présenter des exceptions parmi les races suivantes : Angora turc, Ragdoll, Bengal, Chaussie, Savannah, Sibérien, Sphynx et European Shorthair.

*Ce compte-rendu ne concerne que les prélèvements soumis à analyse.  
La reproduction de ce document n'est autorisée que sous la forme de fac-similé  
photographique intégral.*

**Fait à Loudéac, le 09/09/2022**

Dr David Schikorski

Responsable développement génétique et génomique

