

Certificat d'Analyse(s)

Propriétaire : Mme VENDE Claudia
Elevage : 25585
Demandeur : VENDE Claudia
Organisation :
Préleveur : MONPEYSSSEN David (13898)
Référence : EXT20222581

Mme VENDE Claudia
603 Route de Lavelanet
31220 SAINT JULIEN SUR GARONNE

Date de prélèvement : 02/06/2022

Date de réception : 03/06/2022

Nombre de prélèvements : 1

Nature des prélèvements : Buccal (brossette)

Espèce : CHAT

Race : MCO - Maine Coon

Date de naissance : 08/07/2021

Sexe : Femelle

Remarques : LOOF 2021.44516

Pyruvate Kinase Deficiency (Pkdef)

Date d'exécution : 07/06/2022

Identification	Autres informations	Résultat
1 Code ADN : FC56282 Nom : CHAH NAME CAT S SASKIA Puce : 250268780018898	LOOF 2021.44516	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 13/06/2022

Anne-Sophie Guyomard
Chargée de développement génétique et génomique



Certificat d'Analyse(s)

Propriétaire : Mme VENDE Claudia
Elevage : 25585
Demandeur : VENDE Claudia
Organisation :
Préleveur : MONPEYSSSEN David (13898)
Référence : EXT20222581

Mme VENDE Claudia
603 Route de Lavelanet
31220 SAINT JULIEN SUR GARONNE

Date de prélèvement : 02/06/2022
Nombre de prélèvements : 1
Espèce : CHAT
Date de naissance : 08/07/2021

Date de réception : 03/06/2022
Nature des prélèvements : Buccal (brossette)
Race : MCO - Maine Coon
Sexe : Femelle

Remarques : LOOF 2021.44516

Cardio-Myopathie Hypertrophique (HCM-MC)

Date d'exécution : 07/06/2022

Identification	Autres informations	Résultat
1 Code ADN : FC56282 Nom : CHAH NAME CAT S SASKIA Puce : 250268780018898	LOOF 2021.44516	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 13/06/2022

Anne-Sophie Guyomard
Chargée de développement génétique et génomique



Certificat d'Analyse(s)

Propriétaire : Mme VENDE Claudia
Elevage : 25585
Demandeur : VENDE Claudia
Organisation :
Préleveur : MONPEYSSSEN David (13898)
Référence : EXT20222581

Mme VENDE Claudia
603 Route de Lavelanet
31220 SAINT JULIEN SUR GARONNE

Date de prélèvement : 02/06/2022
Nombre de prélèvements : 1
Espèce : CHAT
Date de naissance : 08/07/2021

Date de réception : 03/06/2022
Nature des prélèvements : Buccal (brossette)
Race : MCO - Maine Coon
Sexe : Femelle

Remarques : LOOF 2021.44516

Spinal Muscular Atrophy (SMA)

Date d'exécution : 07/06/2022

Identification	Autres informations	Résultat
1 Code ADN : FC56282 Nom : CHAH NAME CAT S SASKIA Puce : 250268780018898	LOOF 2021.44516	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 13/06/2022

Anne-Sophie Guyomard
Chargée de développement génétique et génomique



Certificat d'Analyse(s)

Propriétaire : Mme VENDE Claudia
Elevage : 25585
Demandeur : VENDE Claudia
Organisation :
Préleveur : MONPEYSSSEN David (13898)
Référence : EXT20222581

Mme VENDE Claudia
603 Route de Lavelanet
31220 SAINT JULIEN SUR GARONNE

Date de prélèvement : 02/06/2022

Date de réception : 03/06/2022

Nombre de prélèvements : 1

Nature des prélèvements : Buccal (brossette)

Espèce : CHAT

Race : MCO - Maine Coon

Date de naissance : 08/07/2021

Sexe : Femelle

Remarques : LOOF 2021.44516

GS ADN

Date d'exécution : 07/06/2022

Identification	Autres informations	Résultat
1 Code ADN : FC56282 Nom : CHAH NAME CAT S SASKIA Puce : 250268780018898	LOOF 2021.44516	nonb/nonb

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 13/06/2022

Anne-Sophie Guyomard
Chargée de développement génétique et génomique

