Certificat d'Analyse(s)

Propriétaire : DROUOT Hélène
Elevage : 18828
Demandeur : DROUOT Hélène
Organisation :
Préleveur : CAILLON Julie (25963)

DROUOT Hélène

Date de prélèvement : 17/09/2024
Nombre de prélèvements : 3
Espèce : CHAT
Date de naissance : 20/07/2024

Date de réception : 23/09/2024
Nature des prélèvements : Buccal (brossette)
Race : MCO - Maine Coon
Sexe : Mâle

Pyruvate Kinase Deficiency (Pkdef)

Date d'exécution : 24/09/2024

Identification	Autres informations	Résultat
2 Code ADN : FC78421 Nom : PURR PLE FAIRY S YGGDRASIL Puce : 250269591770415		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.
Les tests génétiques mis en oeuvre conformément aux données acquises de la science identifient uniquement la mutation connue, d'autres anomalies génétiques impliquées dans l'expression de la maladie n'étant pas exclues.

NORMAL (+/+) : animal homozygote normal, non porteur de la mutation
PORTEUR (+/-) : animal hétérozygote porteur de la mutation
ATTEINT (-/-) : animal homozygote atteint

Commentaires / conclusions : Suite à une rectification de certaines données du rapport d'analyses que vous avez précédemment reçu, une nouvelle version vous est envoyée. Ce nouveau rapport annule et remplace le précédent. Ce dernier est à nous retourner ou à détruire par vos soins. Modifications apportées : Nom de l'animal - Motif : Erreur(s)/oubli(s) administratif(s) du laboratoire vu(s) par le client.

Fait à Loudéac, le 30/09/2024

Olivier Yvernogeau
Technicien service Biologie Moléculaire

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.

Certificat d'Analyse(s)

Propriétaire : DROUOT Hélène
Elevage : 18828
Demandeur : DROUOT Hélène
Organisation :
Préleveur : CAILLON Julie (25963)

DROUOT Hélène

Date de prélèvement : 17/09/2024
Nombre de prélèvements : 3
Espèce : CHAT
Date de naissance : 20/07/2024

Date de réception : 23/09/2024
Nature des prélèvements : Buccal (brossette)
Race : MCO - Maine Coon
Sexe : Mâle

Cardio-Myopathie Hypertrophique (HCM-MC)

Date d'exécution : 24/09/2024

Identification	Autres informations	Résultat
2 Code ADN : FC78421 Nom : PURR PLE FAIRY S YGGDRASIL Puce : 250269591770415		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.
Les tests génétiques mis en oeuvre conformément aux données acquises de la science identifient uniquement la mutation connue, d'autres anomalies génétiques impliquées dans l'expression de la maladie n'étant pas exclues.

NORMAL (+/+) : animal homozygote normal, non porteur de la mutation
PORTEUR (+/-) : animal hétérozygote porteur de la mutation
ATTEINT (-/-) : animal homozygote atteint

Commentaires / conclusions : Suite à une rectification de certaines données du rapport d'analyses que vous avez précédemment reçu, une nouvelle version vous est envoyée. Ce nouveau rapport annule et remplace le précédent. Ce dernier est à nous retourner ou à détruire par vos soins. Modifications apportées : Nom de l'animal - Motif : Erreur(s)/oubli(s) administratif(s) du laboratoire vu(s) par le client.

Fait à Loudéac, le 30/09/2024

Olivier Yvernogeau
Technicien service Biologie Moléculaire

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.

Certificat d'Analyse(s)

Propriétaire : DROUOT Hélène
Elevage : 18828
Demandeur : DROUOT Hélène
Organisation :
Préleveur : CAILLON Julie (25963)

DROUOT Hélène

Date de prélèvement : 17/09/2024
Nombre de prélèvements : 3
Espèce : CHAT
Date de naissance : 20/07/2024

Date de réception : 23/09/2024
Nature des prélèvements : Buccal (brossette)
Race : MCO - Maine Coon
Sexe : Mâle

Spinal Muscular Atrophy (SMA)

Date d'exécution : 24/09/2024

Identification	Autres informations	Résultat
2 Code ADN : FC78421 Nom : PURR PLE FAIRY S YGGDRASIL Puce : 250269591770415		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.
Les tests génétiques mis en oeuvre conformément aux données acquises de la science identifient uniquement la mutation connue, d'autres anomalies génétiques impliquées dans l'expression de la maladie n'étant pas exclues.

NORMAL (+/+) : animal homozygote normal, non porteur de la mutation
PORTEUR (+/-) : animal hétérozygote porteur de la mutation
ATTEINT (-/-) : animal homozygote atteint

Commentaires / conclusions : Suite à une rectification de certaines données du rapport d'analyses que vous avez précédemment reçu, une nouvelle version vous est envoyée. Ce nouveau rapport annule et remplace le précédent. Ce dernier est à nous retourner ou à détruire par vos soins. Modifications apportées : Nom de l'animal - Motif : Erreur(s)/oubli(s) administratif(s) du laboratoire vu(s) par le client.

Fait à Loudéac, le 30/09/2024

Olivier Yvernogeau
Technicien service Biologie Moléculaire

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.

Certificat d'Analyse(s)

Propriétaire : DROUOT Hélène
Elevage : 18828
Demandeur : DROUOT Hélène
Organisation :
Préleveur : CAILLON Julie (25963)

DROUOT Hélène

Date de prélèvement : 17/09/2024
Nombre de prélèvements : 3
Espèce : CHAT
Date de naissance : 20/07/2024

Date de réception : 23/09/2024
Nature des prélèvements : Buccal (brossette)
Race : MCO - Maine Coon
Sexe : Mâle

GS ADN

Date d'exécution : 24/09/2024

Identification	Autres informations	Résultat
2 Code ADN : FC78421 Nom : PURR PLE FAIRY S YGGDRASIL Puce : 250269591770415		nonb/nonb

GS ADN ou Groupe Sanguin par ADN. Mutation recherchée : Insertion 18 pb / Del 53 (5'UTR) d'après Gandolfi et al. Plos One 2016
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 connaîssances, 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.
Le test réalisé ne concerne que la mutation recherchée. D'autres mutations du CMAH existent. Le résultat obtenu par ce test ne présage pas des autres résultats pouvant être obtenus sur les autres mutations.

Commentaires / conclusions : Suite à une rectification de certaines données du rapport d'analyses que vous avez précédemment reçu, une nouvelle version vous est envoyée. Ce nouveau rapport annule et remplace le précédent. Ce dernier est à nous retourner ou à détruire par vos soins. Modifications apportées : Nom de l'animal - Motif : Erreur(s)/oubli(s) administratif(s) du laboratoire vu(s) par le client.

Fait à Loudéac, le 30/09/2024

Olivier Yvernogeau
Technicien service Biologie Moléculaire

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.