

Certificat d'Analyse(s)

**Annule et remplace Dossier
240305001689 01 du 12/03/2024**

Propriétaire : MC LEGACY

MC LEGACY

Elevage : 43479

71 Rue des Gallerands

Demandeur : MC LEGACY

Organisation :

Préleveur : TUNE Bruno (8724)

95160 MONTMORENCY

Date de prélèvement : 16/02/2024

Date de réception : 05/03/2024

Nombre de prélèvements : 2

Nature des prélèvements : Buccal (brossette)

Espèce : CHAT

Race : MCO - Maine Coon

Date de naissance : 21/09/2022

Sexe : Femelle

Pyruvate Kinase Deficiency (Pkdef)

Date d'exécution : 07/03/2024

Identification	Autres informations	Résultat
2 Code ADN : FC73326 Nom : LANGSTAIGER S NEW SUNRISE BLUE Puce : 276099200369853		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.

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 13/03/2024

Olivier Yvernogean

Technicien service Biologie Moléculaire



Certificat d'Analyse(s)

**Annule et remplace Dossier
240305001689 01 du 12/03/2024**

Propriétaire : MC LEGACY

MC LEGACY

Elevage : 43479

71 Rue des Gallerands

Demandeur : MC LEGACY

Organisation :

Préleveur : TUNE Bruno (8724)

95160 MONTMORENCY

Date de prélèvement : 16/02/2024

Date de réception : 05/03/2024

Nombre de prélèvements : 2

Nature des prélèvements : Buccal (brossette)

Espèce : CHAT

Race : MCO - Maine Coon

Date de naissance : 21/09/2022

Sexe : Femelle

Cardio-Myopathie Hypertrophique (HCM-MC)

Date d'exécution : 07/03/2024

Identification	Autres informations	Résultat
2 Code ADN : FC73326 Nom : LANGSTAIGER S NEW SUNRISE BLUE Puce : 276099200369853		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.

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 13/03/2024

Olivier Yvernogea

Technicien service Biologie Moléculaire



Certificat d'Analyse(s)

**Annule et remplace Dossier
240305001689 01 du 12/03/2024**

Propriétaire : MC LEGACY

MC LEGACY

Elevage : 43479

71 Rue des Gallerands

Demandeur : MC LEGACY

Organisation :

Préleveur : TUNE Bruno (8724)

95160 MONTMORENCY

Date de prélèvement : 16/02/2024

Date de réception : 05/03/2024

Nombre de prélèvements : 2

Nature des prélèvements : Buccal (brossette)

Espèce : CHAT

Race : MCO - Maine Coon

Date de naissance : 21/09/2022

Sexe : Femelle

Spinal Muscular Atrophy (SMA)

Date d'exécution : 07/03/2024

Identification	Autres informations	Résultat
2 Code ADN : FC73326 Nom : LANGSTTAIGER S NEW SUNRISE BLUE Puce : 276099200369853		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.

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 13/03/2024

Olivier Yvernogea

Technicien service Biologie Moléculaire



Certificat d'Analyse(s)

**Annule et remplace Dossier
240305001689 01 du 12/03/2024**

Propriétaire : MC LEGACY

MC LEGACY

Elevage : 43479

71 Rue des Gallerands

Demandeur : MC LEGACY

Organisation :

Préleveur : TUNE Bruno (8724)

95160 MONTMORENCY

Date de prélèvement : 16/02/2024

Date de réception : 05/03/2024

Nombre de prélèvements : 2

Nature des prélèvements : Buccal (brossette)

Espèce : CHAT

Race : MCO - Maine Coon

Date de naissance : 21/09/2022

Sexe : Femelle

GS ADN

Date d'exécution : 07/03/2024

Identification	Autres informations	Résultat
2 Code ADN : FC73326 Nom : LANGSTAIGER S NEW SUNRISE BLUE Puce : 276099200369853		nonb/b

*GS ADN ou Groupe Sanguin par ADN. Mutation recherchée : Delétion -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 connaissances, ce test est valable chez de nombreuses races de chats mais peut présenter des exceptions parmi les races suivantes : Angora turc, Ragdoll, Bengal, Chausie, 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.

*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 13/03/2024

Olivier Yvernogea

Technicien service Biologie Moléculaire

