

Certificat d'Analyse(s)

Propriétaire : FRAGNAUD COLOMBEAU Jérôme
Elevage : 48983
Demandeur : FRAGNAUD COLOMBEAU Jérôme
Organisation :
Préleveur : DETROOZ Brigitte (12771)
Référence : EXT20250007

FRAGNAUD COLOMBEAU Jérôme
131 Rue du Chêne Houpline
59200 TOURCOING

Date de prélèvement : 24/10/2025

Date de réception : 27/10/2025

Nombre de prélèvements : 1

Nature des prélèvements : Buccal (brossette)

Espèce : CHAT

Race : MCO - Maine Coon

Date de naissance : 02/04/2025

Sexe : Femelle

Pack génétique - MAINE COON

Date d'exécution : 30/10/2025

Identification	Locus A - Agouti	Locus B - Couleur de base	Locus C - Patron (Sepia/Mink/Point)	Locus D - Dilution
1 Code ADN : FC87807 Nom : ANDORA DES WONDERKITTEN Puce : 250269101363821	a/a: Homozygote non porteur Agouti - Robe non Agouti	B/B : Noir, non porteur de chocolat ou cinnamon	C/C : Couleur unie, non porteur de Sépia (Burmese) ou de Point (Siamois)	D/d : Porteur de dilution

Locus A : Basé sur l'étude du variant c.123delCA présent sur le gène ASIP (agouti signaling protein) influençant la pigmentation de la robe des chats. Le locus A peut présenter 2 allèles différents avec la dominance hiérarchique suivante : allèle A > allèle a.

Locus B : Basé sur l'étude des mutations c.8C>G et c.298C>T présent sur le gène TYRP1. Le locus B peut présenter 3 allèles différents avec la dominance hiérarchique suivante : B > b > bl.

Locus C : Basé sur l'étude des mutations c.679G>T (p.G227W) et c.901G>A (p.G301R) présent sur le gène TYR. Le locus C peut présenter 3 allèles différents avec la dominance hiérarchique suivante : C > cb > cs.

Locus D : Basé sur l'étude du variant c.83delT présent sur le gène MLPH (mélanophiline) influençant la couleur de la robe des chats. Le locus D peut présenter 2 allèles différents avec la dominance hiérarchique suivante : allèle D > allèle d.

Les tests génétiques mis en œuvre 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.

Légendes:

A/A : Chat Agouti, porteur de 2 allèles agouti.

A/a : Chat Agouti, mais porteur d'un allèle non-agouti.

a/a : Chat non-agouti (poils unis), porteur de 2 allèles non-agouti.

B/B : Animal homozygote Noir.

B/b : Animal hétérozygote Noir porteur Chocolat.

B/bl : Animal hétérozygote Noir porteur Cinnamon.

b/b : Animal homozygote Chocolat.

b/bl : Animal hétérozygote Chocolat porteur Cinnamon.

bl/bl : Animal homozygote Cinnamon.

C/C : Animal homozygote pour l'allèle C. Robe en catégorie dite "traditionnelle" avec pleine expression de la couleur.

C/cb : Animal hétérozygote porteur d'un allèle C et d'un allèle cb responsable du patron Sépia. Robe en catégorie dite "traditionnelle" avec pleine expression de la couleur.

C/cs : Animal hétérozygote porteur d'un allèle C et d'un allèle cs responsable du patron Point. Robe en catégorie dite "traditionnelle" avec pleine expression de la couleur.

cb/cs : Animal hétérozygote porteur d'un allèle cb (Sépia) et d'un allèle cs (Point). La dominance de cb est incomplète, il s'exprime un patron de robe intermédiaire appelé Mink.

cb/cb : Animal homozygote pour l'allèle cb. Robe de catégorie Sépia (Burmese).

cs/cs : Animal homozygote pour l'allèle cs. Robe en catégorie Point (Siamois).

D/D : Chat non dilué, et non porteur de dilution.

D/d : Chat non dilué, mais porteur d'un allèle dilution.

d/d : Chat dilué, porteur de 2 allèles dilution.

Fait à Loudéac, le 31/10/2025

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.

Olivier Yvernogean

Technicien service Biologie Moléculaire



Certificat d'Analyse(s)

Propriétaire : FRAGNAUD COLOMBEAU Jérôme
Elevage : 48983
Demandeur : FRAGNAUD COLOMBEAU Jérôme
Organisation :
Préleveur : DETROOZ Brigitte (12771)
Référence : EXT20250007

FRAGNAUD COLOMBEAU Jérôme
131 Rue du Chêne Houpline
59200 TOURCOING

*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 31/10/2025

Olivier Yvernogeu
Technicien service Biologie Moléculaire



Certificat d'Analyse(s)

Propriétaire : FRAGNAUD COLOMBEAU Jérôme

Elevage : 48983

Demandeur : FRAGNAUD COLOMBEAU Jérôme

Organisation :

Préleveur : DETROOZ Brigitte (12771)

Référence : EXT20250007

FRAGNAUD COLOMBEAU Jérôme

131 Rue du Chêne Houpline

59200 TOURCOING

Date de prélèvement : 24/10/2025

Date de réception : 27/10/2025

Nombre de prélèvements : 1

Nature des prélèvements : Buccal (brossette)

Espèce : CHAT

Race : MCO - Maine Coon

Date de naissance : 02/04/2025

Sexe : Femelle

Pack génétique - MAINE COON

Date d'exécution : 30/10/2025

Identification	Pyruvate Kinase Deficiency (Pkdef)	Cardio-Myopathie Hypertrophique (HCM-MC)	Spinal Muscular Atrophy (SMA)	GS ADN
1 Code ADN : FC87807 Nom : ANDORA DES WONDERKITTEN Puce : 250269101363821	NORMAL (+/+)	NORMAL (+/+)	NORMAL (+/+)	nonb/nonb

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

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

ATTEINT (-/-) : animal homozygote atteint

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.

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

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.

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 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. 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.

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 31/10/2025

Olivier Yvernogean

Technicien service Biologie Moléculaire



Certificat d'Analyse(s)

Propriétaire : FRAGNAUD COLOMBEAU Jérôme
Elevage : 48983
Demandeur : FRAGNAUD COLOMBEAU Jérôme
Organisation :
Préleveur : DETROOZ Brigitte (12771)
Référence : EXT20250007

FRAGNAUD COLOMBEAU Jérôme
131 Rue du Chêne Houpline
59200 TOURCOING

Date de prélèvement : 24/10/2025

Date de réception : 27/10/2025

Nombre de prélèvements : 3

Espèce : CHAT

Race : MCO - Maine Coon

Filiation - contrôle de parenté

Date d'exécution : 31/10/2025

Mère(s) présumée(s)

Compatibilité(s)

A00117452 URIELLE LE TRESOR D OBIWAN
978142000786244 - né(e) le 01/10/2023
Nature du prlvt : Adulte

...

Père(s) présumé(s)

Compatibilité(s)

FC86542 RAYMOND MARYLISS COUNTRY
643099001761696 - né(e) le 17/11/2022
Nature du prlvt : Buccal (brossette)

...

Produit(s)

Compatibilité(s)

FC87807 ANDORA DES WONDERKITTEN
250269101363821 - Femelle - né(e) le 02/04/2025
Nature du prlvt : Buccal (brossette)

**Compatible avec le(s) parent(s) A00117452,
FC86542**

Règles d'interprétation (protocole de coopération LOOF-GENINDEXE/ méthode interne ANAACR 05):

- Une filiation ne peut être interprétée que lorsque le nombre de marqueurs microsatellites génotypés communs entre le descendant et ses parents est au-minimum égal à 8 du core panel.

- Une filiation est incompatible lorsqu'au moins deux marqueurs ne respectent pas les lois de la transmission héréditaire. Première loi : un produit doit avoir reçu un allèle de chacun de ses deux parents. Deuxième loi : un parent doit avoir transmis l'un de ses deux allèles à son produit.

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 31/10/2025

Olivier Yvernogean
Technicien service Biologie Moléculaire



Certificat d'Analyse(s)

Propriétaire : FRAGNAUD COLOMBEAU Jérôme
Elevage : 48983
Demandeur : FRAGNAUD COLOMBEAU Jérôme
Organisation :
Préleveur : DETROOZ Brigitte (12771)
Référence : EXT20250007

FRAGNAUD COLOMBEAU Jérôme
131 Rue du Chêne Houpline
59200 TOURCOING

Date de prélèvement : 24/10/2025

Date de réception : 27/10/2025

Nombre de prélèvements : 1

Nature des prélèvements : Buccal (brossette)

Espèce : CHAT

Race : MCO - Maine Coon

Date de naissance : 02/04/2025


Sexe : Femelle

Identification génétique par ADN

Date d'exécution : 30/10/2025

Identification : ANDORA DES WONDERKITTEN/250269101363821 - Code ADN : FC87807									
FCA026	FCA069	FCA075	FCA105	FCA149	FCA201	FCA220	FCA229	FCA293	FCA310
150/152	107/109	136/136	199/201	128/128	151/153	214/214	162/168	189/189	126/136
FCA441	FCA453	FCA649	FCA678	ZSRY					
151/159	188/188	126/126	190/190	X/X					

L'identification génétique est réalisée par PCR (méthode ANAACR05) à l'aide de 15 marqueurs microsatellites, indiqués dans le tableau de résultats ci-dessus, validés scientifiquement au niveau international par l'ISAG (International Society for Animal Genetics). Ce panel de marqueurs répond à la version ISAG 2014. Pour chaque marqueur, l'animal possède deux allèles symbolisés par des nombres. Une identification génétique ne peut être considérée comme valide et ne peut être transmise que si le nombre de marqueurs microsatellites génotypés est égal à un minimum de 9 marqueurs dont 8 du core panel.



Genindexe
La Génétique à votre service

Carte d'identité génétique / Genetic identity card

Code ADN : FC87807

Nom : ANDORA DES WONDERKITTEN

Identification : 250269101363821

Race : MCO:Maine Coon

Sexe : Femelle

Date de naissance : 02/04/2025

FCA026	150/152	FCA069	107/109	FCA075	136/136	FCA105	199/201
FCA149	128/128	FCA201	151/153	FCA220	214/214	FCA229	162/168
FCA293	189/189	FCA310	126/136	FCA441	151/159	FCA453	188/188
FCA649	126/126	FCA678	190/190	ZSRY	X/X		

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 31/10/2025

Olivier Yvernogean
Technicien service Biologie Moléculaire

