

## 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  
**Nombre de prélèvements :** 1  
**Espèce :** CHAT  
**Date de naissance :** 02/04/2025

**Date de réception :** 27/10/2025  
**Nature des prélèvements :** Buccal (brossette)  
**Race :** MCO - Maine Coon  
**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 (Burmes) 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 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.*

*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 (Burmes).

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

Olivier Yvernogea

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 : 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 Yvernogeau

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 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.*

*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 présente pas des autres résultats pouvant être obtenus sur les autres mutations.*

Fait à Loudéac, le 31/10/2025

Olivier Yvernogea

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 :** 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 prlv : Adulte

...

#### Père(s) présumé(s)

#### Compatibilité(s)

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

...

#### Produit(s)

#### Compatibilité(s)

**FC87807** ANDORA DES WONDERKITTEN  
 250269101363821 - Femelle - né(e) le 02/04/2025  
 Nature du prlv : 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 Yvernogeoau

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.

**Carte d'identité génétique / Genetic identity card**

PHOTO	Code ADN : FC87807 Nom : ANDORA DES WONDERKITTEN Identification : 250269101363821 Race : MCO:Maine Coon Sexe : Femelle Date de naissance : 02/04/2025																																
 <b>Genindexe</b> <small>La génétique à votre service</small>																																	
<table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse;"> <tr> <td style="width: 12.5%;">FCA026</td> <td style="width: 12.5%;">150/152</td> <td style="width: 12.5%;">FCA069</td> <td style="width: 12.5%;">107/109</td> <td style="width: 12.5%;">FCA075</td> <td style="width: 12.5%;">136/136</td> <td style="width: 12.5%;">FCA105</td> <td style="width: 12.5%;">199/201</td> </tr> <tr> <td>FCA149</td> <td>128/128</td> <td>FCA201</td> <td>151/153</td> <td>FCA220</td> <td>214/214</td> <td>FCA229</td> <td>162/168</td> </tr> <tr> <td>FCA293</td> <td>189/189</td> <td>FCA310</td> <td>126/136</td> <td>FCA441</td> <td>151/159</td> <td>FCA453</td> <td>188/188</td> </tr> <tr> <td>FCA649</td> <td>126/126</td> <td>FCA678</td> <td>190/190</td> <td>ZSRY</td> <td>X/X</td> <td></td> <td></td> </tr> </table>		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		
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 Yvernogeoau

Technicien service Biologie Moléculaire

