

**Certificat d'Analyse(s)**

**Annule et remplace Dossier  
250425002689 12 du 12/05/2025**

**Propriétaire :** DELOBEL Natacha  
**Elevage :** 49297  
**Demandeur :** DELOBEL Natacha  
**Organisation :**  
**Préleveur :** VERIN Xavier (15660)

**DELOBEL Natacha**  
208 rue de Longpaon  
76160 DARNETAL

**Date de prélèvement :** 22/04/2025

**Date de réception :** 25/04/2025

**Nombre de prélèvements :** 1

**Nature des prélèvements :** Buccal (brossette)

**Espèce :** CHAT

**Race :** MCO - Maine Coon

**Date de naissance :** 10/02/2025

**Sexe :** Femelle

**Pyruvate Kinase Deficiency (Pkdef)**

**Date d'exécution :** 30/04/2025

Identification	Autres informations	Résultat
1 Code ADN : FC83348 Nom : ASTREA DES DERNIERS VIKINGS Puce : 250269592016755		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 : Changement de propriétaire - Motif : Modification du propriétaire.

*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 24/11/2025**

Olivier Yvernogean  
Technicien service Biologie Moléculaire



**Certificat d'Analyse(s)**

**Annule et remplace Dossier  
250425002689 12 du 12/05/2025**

**Propriétaire :** DELOBEL Natacha  
**Elevage :** 49297  
**Demandeur :** DELOBEL Natacha  
**Organisation :**  
**Préleveur :** VERIN Xavier (15660)

**DELOBEL Natacha**  
208 rue de Longpaon  
76160 DARNETAL

**Date de prélèvement :** 22/04/2025

**Date de réception :** 25/04/2025

**Nombre de prélèvements :** 1

**Nature des prélèvements :** Buccal (brossette)

**Espèce :** CHAT

**Race :** MCO - Maine Coon

**Date de naissance :** 10/02/2025

**Sexe :** Femelle

**Cardio-Myopathie Hypertrophique (HCM-MC)**

**Date d'exécution :** 30/04/2025

Identification	Autres informations	Résultat
1 Code ADN : FC83348 Nom : ASTREA DES DERNIERS VIKINGS Puce : 250269592016755		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 : Changement de propriétaire - Motif : Modification du propriétaire.

*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 24/11/2025**

Olivier Yvernogean  
Technicien service Biologie Moléculaire



**Certificat d'Analyse(s)**

**Annule et remplace Dossier  
250425002689 12 du 12/05/2025**

**Propriétaire :** DELOBEL Natacha  
**Elevage :** 49297  
**Demandeur :** DELOBEL Natacha  
**Organisation :**  
**Préleveur :** VERIN Xavier (15660)

**DELOBEL Natacha**  
208 rue de Longpaon  
76160 DARNETAL

**Date de prélèvement :** 22/04/2025

**Date de réception :** 25/04/2025

**Nombre de prélèvements :** 1

**Nature des prélèvements :** Buccal (brossette)

**Espèce :** CHAT

**Race :** MCO - Maine Coon

**Date de naissance :** 10/02/2025

**Sexe :** Femelle

**Spinal Muscular Atrophy (SMA)**

**Date d'exécution :** 30/04/2025

Identification	Autres informations	Résultat
1 Code ADN : FC83348 Nom : ASTREA DES DERNIERS VIKINGS Puce : 250269592016755		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 : Changement de propriétaire - Motif : Modification du propriétaire.

*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 24/11/2025**

Olivier Yvernogean  
Technicien service Biologie Moléculaire



**Certificat d'Analyse(s)**

**Annule et remplace Dossier  
250425002689 12 du 12/05/2025**

**Propriétaire :** DELOBEL Natacha  
**Elevage :** 49297  
**Demandeur :** DELOBEL Natacha  
**Organisation :**  
**Préleveur :** VERIN Xavier (15660)

**DELOBEL Natacha**  
208 rue de Longpaon  
76160 DARNETAL

**Date de prélèvement :** 22/04/2025

**Date de réception :** 25/04/2025

**Nombre de prélèvements :** 1

**Nature des prélèvements :** Buccal (brossette)

**Espèce :** CHAT

**Race :** MCO - Maine Coon

**Date de naissance :** 10/02/2025

**Sexe :** Femelle

**GS ADN**

**Date d'exécution :** 30/04/2025

Identification	Autres informations	Résultat
1 Code ADN : FC83348 Nom : ASTREA DES DERNIERS VIKINGS Puce : 250269592016755		nonb/b

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.

**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 : Changement de propriétaire - Motif : Modification du propriétaire.

*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 24/11/2025**

Olivier Yvernogean  
Technicien service Biologie Moléculaire

