

## Certificat d'Analyse(s)

**Propriétaire :** MAALLOUL Moncef  
**Elevage :** 23554  
**Demandeur :** MAALLOUL Moncef  
**Organisation :** PRO  
**Préleveur :** PASQUET Isabelle (17515)  
**Référence :** EXT20234218

**MAALLOUL Moncef**  
137 rue OBERKAMPF  
75011 PARIS

**Date de prélèvement :** 06/10/2023

**Date de réception :** 10/10/2023

**Nombre de prélèvements :** 1

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

**Espèce :** CHAT

**Race :** MCO - Maine Coon

**Date de naissance :** 12/07/2022

**Sexe :** Femelle

### Identification génétique par ADN


**Date d'exécution :** 13/10/2023

Identification : TEASE ME OF MAINE S FAIRIES/250269590850810 - Code ADN : FC70171									
FCA026	FCA069	FCA075	FCA105	FCA149	FCA201	FCA220	FCA229	FCA293	FCA310
152/152	107/109	136/136	201/201	122/130	143/151	214/214	162/164	189/191	126/136
FCA441	FCA453	FCA649	FCA678	ZSRY					
151/159	188/192	126/126	190/196	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 :** FC70171


**Nom :** TEASE ME OF MAINE S FAIRIES

**Identification :** 250269590850810

**Race :** MCO:Maine Coon

**Sexe :** Femelle

**Date de naissance :** 12/07/2022



**Genindexe**  
La Génétique à votre service

FCA026	152/152	FCA069	107/109	FCA075	136/136	FCA105	201/201
FCA149	122/130	FCA201	143/151	FCA220	214/214	FCA229	162/164
FCA293	189/191	FCA310	126/136	FCA441	151/159	FCA453	188/192
FCA649	126/126	FCA678	190/196	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 17/10/2023**

Olivier Yvernoiseau  
Technicien service Biologie Moléculaire



## Certificat d'Analyse(s)

**Propriétaire :** MAALLOUL Moncef  
**Elevage :** 23554  
**Demandeur :** MAALLOUL Moncef  
**Organisation :** PRO  
**Préleveur :** PASQUET Isabelle (17515)  
**Référence :** EXT20234218

**MAALLOUL Moncef**  
137 rue OBERKAMPF  
75011 PARIS

**Date de prélèvement :** 06/10/2023  
**Date de réception :** 10/10/2023  
**Nombre de prélèvements :** 3  
**Espèce :** CHAT  
**Race :** MCO - Maine Coon

### Filiation - contrôle de parenté

**Date d'exécution :** 18/10/2023

Mère(s) présumée(s)	Compatibilité(s)
<b>FC51470</b> RU SHOLIGRESS URSULA 643000000000287 - né(e) le 12/08/2021 Nature du prlvt : Buccal (brossette)	...
Père(s) présumé(s)	Compatibilité(s)
<b>ANT742495</b> SWEET HEND SO SEN TIAG 250269610020895 - né(e) le 10/06/2021 Nature du prlvt : ADN	...
Produit(s)	Compatibilité(s)
<b>FC70171</b> TEASE ME OF MAINE S FAIRIES 250269590850810 - Femelle - né(e) le 12/07/2022 Nature du prlvt : Buccal (brossette)	<b>Compatible avec le(s) parent(s) FC51470, ANT742495</b>

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 18/10/2023**

Olivier Yvernogean  
Technicien service Biologie Moléculaire



## Certificat d'Analyse(s)

**Propriétaire :** MAALLOUL Moncef  
**Elevage :** 23554  
**Demandeur :** MAALLOUL Moncef  
**Organisation :** PRO  
**Préleveur :** PASQUET Isabelle (17515)  
**Référence :** EXT20234218

**MAALLOUL Moncef**  
137 rue OBERKAMPF  
75011 PARIS

**Date de prélèvement :** 06/10/2023  
**Nombre de prélèvements :** 1  
**Espèce :** CHAT  
**Date de naissance :** 12/07/2022

**Date de réception :** 10/10/2023  
**Nature des prélèvements :** Buccal (brossette)  
**Race :** MCO - Maine Coon  
**Sexe :** Femelle

### Pyruvate Kinase Deficiency (Pkdef)

**Date d'exécution :** 16/10/2023

Identification	Autres informations	Résultat
1 Code ADN : FC70171 Nom : TEASE ME OF MAINE S FAIRIES Puce : 250269590850810		PORTEUR (+/-)

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

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 17/10/2023

Olivier Yvernoiseau  
Technicien service Biologie Moléculaire



## Certificat d'Analyse(s)

**Propriétaire :** MAALLOUL Moncef  
**Elevage :** 23554  
**Demandeur :** MAALLOUL Moncef  
**Organisation :** PRO  
**Préleveur :** PASQUET Isabelle (17515)  
**Référence :** EXT20234218

**MAALLOUL Moncef**  
137 rue OBERKAMPF  
75011 PARIS

**Date de prélèvement :** 06/10/2023  
**Nombre de prélèvements :** 1  
**Espèce :** CHAT  
**Date de naissance :** 12/07/2022

**Date de réception :** 10/10/2023  
**Nature des prélèvements :** Buccal (brossette)  
**Race :** MCO - Maine Coon  
**Sexe :** Femelle

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

Date d'exécution : 16/10/2023

Identification	Autres informations	Résultat
1 Code ADN : FC70171 Nom : TEASE ME OF MAINE S FAIRIES Puce : 250269590850810		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

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 17/10/2023

Olivier Yvernogean  
Technicien service Biologie Moléculaire



## Certificat d'Analyse(s)

**Propriétaire :** MAALLOUL Moncef  
**Elevage :** 23554  
**Demandeur :** MAALLOUL Moncef  
**Organisation :** PRO  
**Préleveur :** PASQUET Isabelle (17515)  
**Référence :** EXT20234218

**MAALLOUL Moncef**  
137 rue OBERKAMPF  
75011 PARIS

**Date de prélèvement :** 06/10/2023  
**Nombre de prélèvements :** 1  
**Espèce :** CHAT  
**Date de naissance :** 12/07/2022

**Date de réception :** 10/10/2023  
**Nature des prélèvements :** Buccal (brossette)  
**Race :** MCO - Maine Coon  
**Sexe :** Femelle

## Spinal Muscular Atrophy (SMA)

**Date d'exécution :** 13/10/2023

Identification	Autres informations	Résultat
1 Code ADN : FC70171 Nom : TEASE ME OF MAINE S FAIRIES Puce : 250269590850810		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

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 17/10/2023

Olivier Yvernogeu  
Technicien service Biologie Moléculaire



## Certificat d'Analyse(s)

**Propriétaire :** MAALLOUL Moncef  
**Elevage :** 23554  
**Demandeur :** MAALLOUL Moncef  
**Organisation :** PRO  
**Préleveur :** PASQUET Isabelle (17515)  
**Référence :** EXT20234218

**MAALLOUL Moncef**  
137 rue OBERKAMPF  
75011 PARIS

**Date de prélèvement :** 06/10/2023

**Date de réception :** 10/10/2023

**Nombre de prélèvements :** 1

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

**Espèce :** CHAT

**Race :** MCO - Maine Coon

**Date de naissance :** 12/07/2022

**Sexe :** Femelle

### GS ADN

**Date d'exécution :** 13/10/2023

Identification	Autres informations	Résultat
1 Code ADN : FC70171 Nom : TEASE ME OF MAINE S FAIRIES Puce : 250269590850810		nonb/nonb

GS ADN ou Groupe Sanguin par ADN. Mutation recherchée : Déletion -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 17/10/2023**

Olivier Yvernoiseau  
Technicien service Biologie Moléculaire

