Genindexe
La génétique à votre service

**Dossier : 220329001817 01**

**Date :** 29/03/2022



# Certificat d'Analyse(s)

**Propriétaire :** Mr PARISSE Christophe
**Elevage :** 323
**Demandeur :** PARISSE Christophe
**Organisation :** PRO
**Préleveur :** PASQUET Isabelle (17515)
**Référence :** EXT20222327

**Mr PARISSE Christophe**
137 Rue OBERKAMPF
hall 4
75011 PARIS

**Date de prélèvement :** 29/03/2022
**Nombre de prélèvements :** 1
**Espèce :** CHAT
**Date de naissance :** 22/10/2021

**Date de réception :** 31/03/2022
**Nature des prélèvements :** Buccal (brossette)
**Race :** MCO - Maine Coon
**Sexe :** Femelle

***Remarques :*** *LOOF 2022.9034*

## Identification génétique par ADN

**Date d'exécution :** 01/04/2022

Identification : SHIRAZ DE MAYCOONFOLIE S/250269590330733 - Code ADN : FC53852

| FCA026 | FCA069 | FCA075 | FCA105 | FCA149 | FCA201 | FCA220 | FCA229 | FCA293 | FCA310 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 150/152 | 107/107 | 136/136 | 175/203 | 122/130 | 155/159 | 214/214 | 164/168 | 187/189 | 136/136 |
| FCA441 | FCA453 | FCA649 | FCA678 | ZSRY | | | | | |
| 151/167 | 188/188 | 126/130 | 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 2006 v2.1. 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 :** FC53852
**Nom :** SHIRAZ DE MAYCOONFOLIE S
**Identification :** 250269590330733
**Race :** MCO:Maine Coon
**Sexe :** Femelle
**Date de naissance :** 22/10/2021

Genindexe
La Génétique à votre service

| | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| FCA026 | 150/152 | FCA069 | 107/107 | FCA075 | 136/136 | FCA105 | 175/203 |
| FCA149 | 122/130 | FCA201 | 155/159 | FCA220 | 214/214 | FCA229 | 164/168 |
| FCA293 | 187/189 | FCA310 | 136/136 | FCA441 | 151/167 | FCA453 | 188/188 |
| FCA649 | 126/130 | FCA678 | 190/190 | ZSRY | X/X | | |

**Fait à Loudéac, le** 04/04/2022

*Anne-Sophie Guyomard*
*Chargée de développement génétique et génomique*

*Certificat d'analyse d'identification génétique- ANAACR 01 EN 02- date:17/04/2013 - I.R:01*
*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.*

© Chatterie de Maycoonfolie S

Genindexe
La génétique à votre service

**Dossier : 220329001817 02**

**Date :** 29/03/2022



# Certificat d'Analyse(s)

**Propriétaire :** Mr PARISSE Christophe
**Elevage :** 323
**Demandeur :** PARISSE Christophe
**Organisation :** PRO
**Préleveur :** PASQUET Isabelle (17515)
**Référence :** EXT20222327

**Mr PARISSE Christophe**
137 Rue OBERKAMPF
hall 4
75011 PARIS

**Date de prélèvement :** 29/03/2022
**Nombre de prélèvements :** 3
**Espèce :** CHAT

**Date de réception :** 31/03/2022
**Nature des prélèvements :** Buccal (brossette)
**Race :** MCO - Maine Coon

## Filiation - contrôle de parenté

**Date d'exécution :** 04/04/2022

| *Mère(s) présumée(s)* | | *Compatibilité(s)* |
|---|---|---|
| **FC50389** | RUN THE WORLD (GIRLS) DE MAYCOONFOLIE S 250269590223734 - né(e) le 29/08/2020 | **...** |

| *Père(s) présumé(s)* | | *Compatibilité(s)* |
|---|---|---|
| **FC27943** | PRINCE PHOENIX OF MAINE S FAIRIES 250269100044905 - né(e) le 21/12/2019 | **...** |

| *Produit(s)* | | *Compatibilité(s)* |
|---|---|---|
| **FC53852** | SHIRAZ DE MAYCOONFOLIE S 250269590330733 - Femelle - né(e) le 22/10/2021 LOOF 2022.9034 | **Compatible avec le(s) parent(s) FC50389, FC27943** |

*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.*

**Fait à Loudéac, le** 04/04/2022

*Anne-Sophie Guyomard*
*Chargée de développement génétique et génomique*

*Certificat d'analyse de filiation-contrôle de parenté - ANAACR 01 EN 03 - date:17/04/2013 - I.R:01*
*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.*

© Chatterie de Maycoonfolie S

**Laboratoire Genindexe Labofarm,** SARL au capital de 42773,50 € - RCS St-Brieuc - Code APE 852Z - N°TVA FR 63378911796
4, rue Théodore Botrel - BP 351 - 22603 LOUDEAC CEDEX - France - Tél. : +33 (0)2 96 28 63 43 - Fax : +33 (0)2 96 66 08 88
Mail : contact@genindexe.com - Site : www.genindexe.com

# Certificat d'Analyse(s)

**Propriétaire :** Mr PARISSE Christophe
**Elevage :** 323
**Demandeur :** PARISSE Christophe
**Organisation :** PRO
**Préleveur :** PASQUET Isabelle (17515)
**Référence :** EXT20222327

**Mr PARISSE Christophe**
137 Rue OBERKAMPF
hall 4
75011 PARIS

**Date de prélèvement :** 29/03/2022
**Nombre de prélèvements :** 1
**Espèce :** CHAT
**Date de naissance :** 22/10/2021

**Date de réception :** 31/03/2022
**Nature des prélèvements :** Buccal (brossette)
**Race :** MCO - Maine Coon
**Sexe :** Femelle

***Remarques :*** *LOOF 2022.9034*

## Pyruvate Kinase Deficiency (Pkdef)

**Date d'exécution :** 01/04/2022

| Identification | Autres informations | Résultat |
|---|---|---|
| 1 Code ADN : FC53852<br>Nom : SHIRAZ DE MAYCOONFOLIE S<br>Puce : 250269590330733 | LOOF 2022.9034 | 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.*

*NORMAL (+/+) : animal homozygote normal, non porteur de la mutation*
*PORTEUR (+/-) : animal hétérozygote porteur de la mutation*
*ATTEINT (-/-) : animal homozygote atteint*

© Chatterie de Maycoonfolie S

**Fait à Loudéac, le** 05/04/2022

*Anne-Sophie Guyomard*
*Chargée de développement génétique et génomique*

*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 :** Mr PARISSE Christophe
**Elevage :** 323
**Demandeur :** PARISSE Christophe
**Organisation :** PRO
**Préleveur :** PASQUET Isabelle (17515)
**Référence :** EXT20222327

**Mr PARISSE Christophe**
137 Rue OBERKAMPF
hall 4
75011 PARIS

**Date de prélèvement :** 29/03/2022
**Nombre de prélèvements :** 1
**Espèce :** CHAT
**Date de naissance :** 22/10/2021

**Date de réception :** 31/03/2022
**Nature des prélèvements :** Buccal (brossette)
**Race :** MCO - Maine Coon
**Sexe :** Femelle

***Remarques :*** *LOOF 2022.9034*

## Cardio-Myopathie Hypertrophique (HCM-MC)

**Date d'exécution :** 01/04/2022

| Identification | Autres informations | Résultat |
|---|---|---|
| 1 Code ADN : FC53852<br>Nom : SHIRAZ DE MAYCOONFOLIE S<br>Puce : 250269590330733 | LOOF 2022.9034 | 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.*

*NORMAL (+/+) : animal homozygote normal, non porteur de la mutation*
*PORTEUR (+/-) : animal hétérozygote porteur de la mutation*
*ATTEINT (-/-) : animal homozygote atteint*

© Chatterie de Maycoonfolie S

**Fait à Loudéac, le** 05/04/2022

*Anne-Sophie Guyomard*
*Chargée de développement génétique et génomique*

*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 :** Mr PARISSE Christophe
**Elevage :** 323
**Demandeur :** PARISSE Christophe
**Organisation :** PRO
**Préleveur :** PASQUET Isabelle (17515)
**Référence :** EXT20222327

**Mr PARISSE Christophe**
137 Rue OBERKAMPF
hall 4
75011 PARIS

**Date de prélèvement :** 29/03/2022
**Nombre de prélèvements :** 1
**Espèce :** CHAT
**Date de naissance :** 22/10/2021

**Date de réception :** 31/03/2022
**Nature des prélèvements :** Buccal (brossette)
**Race :** MCO - Maine Coon
**Sexe :** Femelle

***Remarques :*** *LOOF 2022.9034*

## Spinal Muscular Atrophy (SMA)

**Date d'exécution :** 01/04/2022

| Identification | Autres informations | Résultat |
|---|---|---|
| 1 Code ADN : FC53852<br>Nom : SHIRAZ DE MAYCOONFOLIE S<br>Puce : 250269590330733 | LOOF 2022.9034 | 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.*

*NORMAL (+/+) : animal homozygote normal, non porteur de la mutation*
*PORTEUR (+/-) : animal hétérozygote porteur de la mutation*
*ATTEINT (-/-) : animal homozygote atteint*

© Chatterie de Maycoonfolie S

**Fait à Loudéac, le** 05/04/2022

*Anne-Sophie Guyomard*
*Chargée de développement génétique et génomique*

*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 :** Mr PARISSE Christophe
**Elevage :** 323
**Demandeur :** PARISSE Christophe
**Organisation :** PRO
**Préleveur :** PASQUET Isabelle (17515)
**Référence :** EXT20222327

**Mr PARISSE Christophe**
137 Rue OBERKAMPF
hall 4
75011 PARIS

**Date de prélèvement :** 29/03/2022
**Nombre de prélèvements :** 1
**Espèce :** CHAT
**Date de naissance :** 22/10/2021

**Date de réception :** 31/03/2022
**Nature des prélèvements :** Buccal (brossette)
**Race :** MCO - Maine Coon
**Sexe :** Femelle

***Remarques :*** *LOOF 2022.9034*

## GS ADN

**Date d'exécution :** 01/04/2022

| Identification | Autres informations | Résultat |
|---|---|---|
| 1 Code ADN : FC53852<br>Nom : SHIRAZ DE MAYCOONFOLIE S<br>Puce : 250269590330733 | LOOF 2022.9034 | nonb/nonb |

*GS ADN ou Groupe Sanguin par ADN*
*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 connaîssances, 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.*

© Chatterie de Maycoonfolie S

**Fait à Loudéac, le** 05/04/2022

*Anne-Sophie Guyomard*
*Chargée de développement génétique et génomique*

*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.*