

Animal : **Tokyo**

N° d'identification : **250 268 780 541 453**
Race : **Ragdoll**
Sexe : **Femelle**
Date de naissance : **18/10/2022**
Pedigree :
Résultat établi le : **26/01/2024**

Propriétaire : **Céline FARCY**
N° de prélèvement : **E00841921** (prélevé le 04/01/2024)
Code résultat : **A00061319**
Préleveur : **Laura SILVA-MOLLET** (Vétérinaire - N° d'ordre : 25193)
Prélèvement **authentifié**
Document établi le : **26/01/2024**

MALADIES	GÈNE Mutation	Mode d'expression	RÉSULTAT	EXPRESSION	TRANSMISSION
Cardiomyopathie Hypertrophique (HCM-C)	MYBPC c.2460C>T (R820W)	Autosomique dominant	Homozygote normal	✓	✓
Déficiencia en Pyruvate Kinase (PKDef)	PKLR c.693+304G>A	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓
Groupe Sanguin	CMAH c.268T>A; c.179G>T; c.1322delT; c.364C>T	Autosomique récessif	Sérotypage A, non porteur b (A/A)		
Polykystose Rénale (PKD)	PKD1 c.10063C>A	Autosomique dominant	Homozygote normal	✓	✓
Sensibilité Médicamenteuse MDR1	ABCB1 c.1930_1931delTC	Autosomique récessif	Homozygote normal	✓	✓

Groupe sanguin - Les analyses génétiques reposent sur la détection de 4 mutations au sein du gène CMAH (Kehl 2018) et permettent de distinguer les 3 groupes sanguins du chat : A, B et AB. Une incompatibilité de groupe sanguin entre la mère et les chatons peut provoquer un empoisonnement des chatons (érythrolyse néonatale). Ce phénomène se produit lors de l'allaitement si la femelle est de groupe B (homozygote pour l'allèle b) et les chatons de groupe A ou AB : des anticorps anti-A contenus dans le colostrum de la mère passent dans la circulation sanguine des chatons provoquant l'érythrolyse néonatale.

EXPLICATIONS	EXPRESSION	TRANSMISSION
Homozygote normal : l'animal possède 2 copies normales du gène.	✓ L'animal ne développera pas la maladie associée à la mutation testée.	L'animal ne transmet pas la mutation testée.
Hétérozygote : l'animal possède une copie normale et une copie défectueuse du gène.	! L'animal développera la maladie sans pouvoir prédire l'âge d'apparition ni la gravité des symptômes.	L'animal transmettra la mutation testée à tout ou partie de sa descendance. La reproduction est à éviter ou à adapter selon la maladie et la fréquence associée.
Homozygote muté : l'animal possède 2 copies défectueuses du gène.		

Animal : **Tokyo**

N° d'identification :	250 268 780 541 453	Propriétaire :	Céline FARCY
Race :	Ragdoll	N° de prélèvement :	E00841921 (prélevé le 04/01/2024)
Sexe :	Femelle	Code résultat :	A00061319
Date de naissance :	18/10/2022	Préleveur :	Laura SILVA-MOLLET (Vétérinaire - N° d'ordre : 25193)
Pedigree :			Prélèvement authentifié
Résultat établi le :	26/01/2024	Document établi le :	26/01/2024

Les résultats des caractères morphologiques ne permettent pas de déterminer précisément l'apparence de l'animal, mais vous informent sur leur transmission à la descendance.

CARACTÈRES MORPHOLOGIQUES

	GÈNE Mutation	Mode d'expression	RÉSULTAT
Locus A - Agouti			
a	ASIP c.122_123delCA	Autosomique récessif	Robe unie (a/a) a/a
Locus B - Marron			
b	TYRP1 c.1261+5G>A	Autosomique récessif	Noir (B/B) B/B
b ^l	TYRP1 c.298C>T	Autosomique récessif	B/B
Locus C - Colour			
c	TYR c.975delC	Autosomique récessif	Non porteur (C/C) C/C
c ²	TYR c.1204C>T	Autosomique récessif	C/C
Locus D - Dilution			
	MLPH c.83delT	Autosomique récessif	Non porteur Dilution (D/D)
Locus Ta - Tabby			
Ta ^{b1}	LVRN c.2522G>A	Autosomique récessif	Porteur blotched (Ta^m/Ta^b) Ta ^m /Ta ^b
Ta ^{b3}	LVRN c.682G>A	Autosomique récessif	Ta^m/Ta^m
Locus Ti - Ticked			
Ti ^A	DKK4 c.188G>A	Autosomique dominant	Non exprimé (ti/ti) ti/ti
Ti ^{ck}	DKK4 c.53C>T	Autosomique dominant	ti/ti
Longueur du Pelage			
M1	FGF5 c.ins356T	Autosomique récessif	Homozygote poil long PC/PC
M2	FGF5 c.406C>T	Autosomique récessif	PC/PC
M3	FGF5 c.474delT	Autosomique récessif	PC/pl
M4	FGF5 c.475A>C	Autosomique récessif	PC/pl
M5	FGF5 c.577G>A	Autosomique récessif	PC/PC