

**Certificat d'Analyse(s)**

**Annule et remplace Dossier  
250306001467 02 du 14/03/2025**

**Propriétaire :** VAURIS Romain  
**Elevage :** 47061  
**Demandeur :** VAURIS Romain  
**Organisation :**  
**Préleveur :** CUNY Delphine (28193)

**VAURIS Romain**  
8 place Vincent Van Gogh  
63400 CHAMALIERE

**Date de prélèvement :** 01/03/2025

**Date de réception :** 06/03/2025

**Nombre de prélèvements :** 1

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

**Espèce :** CHAT

**Race :** BEN - Bengal

**Date de naissance :** 28/05/2023

**Sexe :** Femelle

**Pack génétique - BENGAL**

**Date d'exécution :** 10/03/2025

Identification	Locus A - Agouti	Locus B - Couleur de base	Locus C - Patron (Sepia/Mink/Point)	Locus D - Dilution
1 Code ADN : FC82208 Nom : UMayMA Puce : 250269591005891	A/A:Homozygote Agouti - Robe Agouti	B/B : Noir, non porteur de chocolat ou cinnamon	C/cs : Couleur unie, porteur de Point (Siamois)	D/D : Non 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 (Sépie) 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 Sépie (Burmese).*

*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 18/03/2025**

*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.*

Olivier Yvernoiseau  
Technicien service Biologie Moléculaire



**Certificat d'Analyse(s)**

**Annule et remplace Dossier  
250306001467 02 du 14/03/2025**

**Propriétaire :** VAURIS Romain

**Elevage :** 47061

**Demandeur :** VAURIS Romain

**Organisation :**

**Préleveur :** CUNY Delphine (28193)

**VAURIS Romain**

8 place Vincent Van Gogh

63400 CHAMALIERE

**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 : Nom de l'animal - Motif : Erreur(s)/oubli(s) administratif(s) du client corrigé(s) à sa demande.

*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 18/03/2025**

Olivier Yvernogean

Technicien service Biologie Moléculaire



**Certificat d'Analyse(s)**

**Annule et remplace Dossier  
250306001467 02 du 14/03/2025**

**Propriétaire :** VAURIS Romain  
**Elevage :** 47061

**VAURIS Romain**  
8 place Vincent Van Gogh

**Demandeur :** VAURIS Romain

**Organisation :**

63400 CHAMALIERE

**Préleveur :** CUNY Delphine (28193)

**Date de prélèvement :** 01/03/2025

**Date de réception :** 06/03/2025

**Nombre de prélèvements :** 1

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

**Espèce :** CHAT

**Race :** BEN - Bengal

**Date de naissance :** 28/05/2023

**Sexe :** Femelle

**Pack génétique - BENGAL**

**Date d'exécution :** 11/03/2025

Identification	Pyruvate Kinase Deficiency (Pkdef)	APRb - Atrophie Progressive de la Rétine du Bengal		
1 Code ADN : FC82208 Nom : UMayMA Puce : 250269591005891	NORMAL (+/+)	NORMAL (+/+)		

*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.

Le test repose sur la détection de la mutation « *c.1000G>A* » présente sur le gène *KIF3B*. Cette mutation est responsable de l'atrophie progressive de la rétine chez les chats de race Bengal. 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.

**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 : Nom de l'animal - Motif : Erreur(s)/oubli(s) administratif(s) du client corrigé(s) à sa demande.

*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 18/03/2025**

Olivier Yvernoeau  
Technicien service Biologie Moléculaire

