



Associazione Tecnica Amatori Volpino Italiano

Studi sulle popolazioni di cani italiani moderni rivelano molteplici modelli per l'evoluzione della razza domestica

Attraverso migliaia di anni di allevamento e forte selezione umana, il cane (*Canis lupus familiaris*) esiste oggi all'interno di centinaia di popolazioni chiuse in tutto il mondo, ciascuna con fenotipi definiti. Una singolare regione geografica con un'ampia diversità nelle razze canine presenta un'interessante opportunità per osservare i potenziali meccanismi di formazione delle razze. L'Italia rivendica 14 razze canine riconosciute a livello internazionale, con numerose varietà locali aggiuntive. Per determinare la relazione tra le popolazioni di cani italiani, abbiamo integrato i dati genetici di 263 cani che rappresentano 23 popolazioni chiuse di cani dall'Italia, sette lupi grigi dell'Appennino e un set di dati stabilito di 161 razze di cani riconosciute a livello mondiale, applicando più metodi genetici per caratterizzare i modi con cui le razze si formano all'interno di una singola regione geografica. La nostra considerazione di ognuna delle cinque analisi genetiche rivela una serie di eventi di sviluppo che rispecchiano le modalità storiche della formazione della razza, ma con variazioni uniche per lo sviluppo del cane e delle popolazioni umane. Utilizzando 142.840 SNP su tutto il genoma e un set di dati di 1609 canini, che rappresentano 182 razze e 16 canidi selvatici, abbiamo identificato percorsi di sviluppo di razza per le razze italiane che includevano divergenze da popolazioni comuni per uno scopo specifico, mescolanza di stock regionali con quella di altre regioni e selezione isolata di azioni locali con attributi specifici.

Parole chiave: canino, addomesticamento, aplotipi, italiano, SNP

Vai a:

1. INTRODUZIONE

Nato da lupi grigi selvaggi sul continente euroasiatico oltre 15.000 anni fa, il cane (*Canis lupus familiaris*) è stata la prima specie ad essere addomesticata (Frantz et al., 2016; Freedman et al., 2014; Nobis, 1979; Savolainen, Zhang, Luo, Lundeberg, & Leitner, 2002). L'evidenza del DNA mitocondriale suggerisce che la sede della domesticazione del cane fosse o la Cina (Savolainen et al., 2002), l'Europa (Thalmann et al., 2013), o il Medio Oriente (von Holdt et al., 2010). Dall'addomesticamento, la specie ha subito migliaia di anni di allevamento selettivo, dando origine a una miriade di varianti fenotipiche. Tuttavia, la maggior parte delle razze moderne hanno 200 anni e sono di origine europea (Clubb, 2006, 2017; Lindblad-Toh et al., 2005; Parker et al., 2017).

L'analisi filogenetica ad alta densità e genomica è stata applicata a razze canine affermate per chiarire la complessa struttura delle relazioni di razza e il loro sviluppo (Dreger, Davis, et al., 2016; von Holdt et al., 2010; Mortlock, Khatkar e Williamson, 2016). Il più grande studio filogenetico riportato finora comprende 161 razze canine e oltre 1300 cani, costituiti da 23 gruppi cladistici basati su somiglianze genetiche (Parker et al., 2017). Esistono studi più piccoli che hanno affrontato la demografia della popolazione in razze globalmente riconosciute campionate da località discrete con un certo successo (Bigi, Marelli, Randi, & Polli, 2015; Ceh & Dovc, 2014; Dreger, Davis, et al., 2016; Koskinen e Bredbacka, 2000; Oliehoek, Bijma, & van der Meijden, 2009; Parra, Mendez, Canon, & Dunner, 2008; Pertoldi et al., 2013; Pribanova et al., 2009; Suarez, Betancor, Fregel e Pestano, 2013;



Associazione Tecnica Amatori Volpino Italiano

Wiener et al., 2017). Mentre tali studi forniscono informazioni sullo stato e sulla salute genetica delle popolazioni locali, non considerano necessariamente i modelli genomici specifici della razza preesistenti sviluppati prima della localizzazione o l'impatto dell'importazione e dell'esportazione dal vivaio locale. Inoltre, la maggior parte dei precedenti tentativi di affrontare la storia e la composizione genetica delle cosiddette popolazioni di cani di nicchia hanno utilizzato la copertura del genoma a bassa profondità incorporando solo SNP, microsatelliti o DNA mitocondriale e utilizzando un numero limitato di razze scelte frequentemente per il loro moderno numero di abitanti (Ceh & Dovc, 2014; Kang et al., 2009; Pires et al., 2006; Puja, Irion, Schaffer, & Pedersen, 2005; Suarez et al., 2013). Questi approcci riguardano solo la relazione superficiale, diminuendo l'impatto della selezione artificiale, la divergenza naturale e l'ibridazione diretta delle razze, che sono evidenti solo attraverso l'analisi di dati genetici profondi.

I registri di cani di razza, come l'American Kennel Club (AKC) o la Fédération Cynologique Internationale (FCI), tentano di classificare le popolazioni di cani come razze distinte applicando regolamenti di tracciabilità del pedigree, aderenza a uno standard scritto e dimensioni della popolazione. Recentemente è stato definito un modello genomico per la classificazione dello stato di razza basato su valori di 79 razze di razza riconosciute a livello globale e include livelli soglia da quattro misurazioni di omozigosi (Dreger, Davis, et al., 2016; Dreger, Rimbault, et al., 2016). Queste metriche delimitano gli estremi della lunghezza di omozigosi di cane singolo, la lunghezza condivisa di omozigosi di dieci cani, il coefficiente di consanguineità e il tasso di decadimento comune di omozigosi rappresentato da razze canine standardizzate pure.

L'Italian Kennel Club (ENCI) è stata fondata nel 1882 con l'iscrizione del pedigree del Bracco Italiano (ENCI). Oggi, l'ENCI riconosce 16 diverse razze italiane (ENCI), di cui 13 utilizzate in questo studio. Inoltre, in questo studio sono incluse sette popolazioni locali di popolazioni locali, definite come varietà distinte di cani uniche per una specifica area geografica con popolazioni di allevamento storicamente limitate. Questi ultimi non sono riconosciuti da alcun registro canino di razza, ma, tuttavia, possono mostrare un modello genetico coerente con altri purosangue (Alam, Han, Lee, Ha, e Kim, 2012; Puja et al., 2005; Tanabe, 2007; Wijnrocx, Francois, Stinckens, Janssens, & Buys, 2016; Yoo et al., 2017), come è stato osservato per una popolazione regionale italiana, il Fonni's Dog (Dreger, Davis, et al., 2016; Dreger, Rimbault, et al., 2016; Sechi et al., 2016). Concentrando le nostre analisi su razze con diversi fenotipi che sono tutti originati in un singolo paese, miriamo a impiegare dati genetici per ampliare i conti storici di formazione delle razze e definire i modi con cui gli esseri umani hanno prodotto razze canine riconoscibili e diversificate. Mentre studi su piccola scala hanno identificato percorsi genetici di sviluppo della razza relativi a tipi di razza di cani discreti (Akkad, Gerding, Gasser, & Epplen, 2015; Parra et al., 2008), questi obiettivi non sono stati ancora applicati ad un ampio, completo rappresentazione di diverse razze.



Associazione Tecnica Amatori Volpino Italiano

In questo studio, abbiamo studiato 23 popolazioni di cani di origine italiana (Tabella 1, Figura 1) e un campionamento di sette lupi selvatici appartenenti alla popolazione di lupi grigi italiani che sono stati raccolti dalle catene montuose dell'Appennino Italiano (di seguito denominati "lupi appenninici"). (Tabella 1). Le razze italiane provenivano da popolazioni selezionate per la caccia, il monitoraggio, la pastorizia, la proprietà e la sorveglianza del bestiame, il corso e la compagnia, ciascuna con una lunga e distinta storia di sviluppo in regioni italiane di nicchia. Abbiamo determinato la struttura della popolazione genetica di queste popolazioni regionali in relazione a un ampio campionamento di 161 razze canine globali con relazioni consolidate (Parker et al., 2017) utilizzando i dati provenienti dall'array SNP CanineHD 170 ~ Illumina. Con un totale di 1.609 cani domestici, che rappresentano 182 razze e 16 canidi selvatici, abbiamo assemblato il più ampio e diversificato insieme di dati dei genomi canini per determinare lo stato di razza delle varietà di cani domestici in una singola regione geografica. Utilizzando analisi di filogenesi, condivisione dell'apotipo identico alla discendenza e mescolanza, identifichiamo istanze specifiche di tre modi con cui sono state formate le razze canine: (1) specializzazione delle razze attraverso la segmentazione all'interno di una popolazione fenotipicamente simile; (2) diretto raggiungimento di fenotipi comuni a livello di specie all'interno di diversi pool genici regionalmente isolati; (3) introduzione delle caratteristiche desiderate attraverso l'introggressione con popolazioni lontane.

Razze italiane utilizzate per modellare le modalità di sviluppo della razza. Levrieri: (a) Levriero italiano, (b) Cirneco dell'Etna, e (c) Levriero Meridionale. Ibrido di lupo: (d) Lupo Italiano. Allevamento delle razze: (e) Pastore bergamasco, (f) Cane Paratore, (g) Pastore d'Oropa, (h) Pastore della Lessinia e del Lagorai, e (i) Lupino del Gigante. Segugi del profumo: (j) Segugio Italiano Pelo Raso e (k) Segugio Italiano Pelo Forte. Razze da caccia: (l) Bracco Italiano, (m) Spinone Italiano, e (n) Lagotto Romagnolo. Companion alleva: (o) Bolognese e (p) Volpino Italiano. Razze di guardie del bestiame: (q) Pastore della Sila, (r) Cane di Mannara, (s) Cane di Fonnì, (t) Pastore Maremmano e (u) Mastino Abruzzese. Mastiff: (v) Cane Corso e (w) Mastino Napoletano. Canide selvaggio: (x) lupo appenninico. I crediti fotografici sono elencati in Ringraziamenti

Tabella 1

La classificazione fenotipica e il livello di registrazione delle ventitré popolazioni di cani italiani sotto inchiesta

Razza typeA Registryb

Bergamasco Shepherd Herding ENCI, AKC

Compagno bolognese ENCI, FSS

Bracco Italiano Pointer ENCI, FSS

Mastino Cane Corso ENCI, AKC

Cirneco dell'Etna Sighthound ENCI, AKC

Cane Paratore Herding Locale in Abruzzo

Il cane di Fonnì Guardiano del bestiame Locale in Sardegna



Associazione Tecnica Amatori Volpino Italiano

Compagno di levriero italiano ENCI, AKC
Lagotto Romagnolo Water dog ENCI, AKC
Levriero Meridionale Levriero Local to Southern Italy
Lupino del Gigante Herding Local to Emilia-Romagna
Lupo Italianoc Appennino ibrido di lupo Gestito a livello nazionale
Il cane di Mannara Guardiano del bestiame Locale in Sicilia
Cane da pastore della Maremma Guardiano del bestiame ENCI
Mastino Abruzzese Guardiano del bestiame locale in Abruzzo
Mastino napoletano Mastiff ENCI, AKC
Pastore della Lessinia e del Lagorai Herding Local to Northeast Italy
Pastore della Sila Guardiano del bestiame Locale in Calabria
Pastore d'Oropa Herding Local to Lombardy
Segugio Italiano Pelo Forte Scent hound ENCI
Segugio Italiano Pelo Raso Scent hound ENCI
Spinone Italiano Pointer ENCI, AKC
Volpino Italiano Compagno ENCI
Lupo appenninico Appennino canid selvaggio e alpi occidentali
Apri in una finestra separata

a) Tipo basato sulle caratteristiche fisiche e comportamentali.

Se riconosciuto a livello nazionale, il registro di razza è elencato come l'American Kennel Club (ENCI), l'American Kennel Club (AKC), o AKC foundation stock service (FSS). Se non riconosciuto a livello nazionale, è indicata la regione italiana di popolarità.

Il Lupo Italiano sarebbe stato prodotto attraverso l'allevamento di un lupo appenninico e di più pastori tedeschi. La razza è strettamente gestita e mantenuta dal governo italiano.

MATERIALI E METODI

2.1. Campioni

Campioni di sangue di 256 cani e sette lupi appenninici (Tabella 1) sono stati raccolti seguendo le Regole europee per il benessere degli animali quando raccolti in Italia e approvati protocolli National Care Genome Research Institute (NHGRI) per la cura degli animali e l'uso del comitato quando raccolti o ricevuti negli Stati Uniti. Le popolazioni di cani rappresentano 23 razze o varietà di origine storica italiana. L'ENCI riconosce 13 di queste popolazioni come purebreeds e nove di queste sono anche riconosciute dall'AKC. Dieci popolazioni sono definite "varietà" e rappresentano popolazioni regionali omogenee, generalmente gestite da registri informali e gestite dai proprietari per specifiche applicazioni comportamentali. Tre razze, il Cane Corso, il levriero italiano e il mastino napoletano, sono stati campionati dalle popolazioni italiane per completare una collezione preesistente di popolazioni americane delle stesse razze. Gli animali selezionati per l'analisi erano il più possibile correlati in base alle informazioni genealogiche dell'ENCI. L'estrazione del DNA è stata eseguita con il kit Qiagen DNeasy Blood and Tissue. I campioni sono stati genotipizzati sul chip di perline Illumina CanineHD (Illumina, San Diego, CA, USA), che contiene 172.115 marcatori potenziali, nel laboratorio Ostrander del



Associazione Tecnica Amatori Volpino Italiano

National Human Genome Research Institute (NHGRI) del National Institutes of Health (Bethesda, MD, USA) utilizzando i protocolli consigliati dal produttore.

I campioni genotipizzati sono stati uniti con un set di dati più ampio di 1.346 cani che rappresentano 161 razze (descritto in (Parker et al., 2017)) e genotipi disponibili pubblicamente da cinque cani cantanti della Nuova Guinea e tre Catahoula Leopard Dogs (Hayward et al., 2016) produrre un set di dati di 1609 cani che rappresentano 182 razze, sette lupi appenninici, sette rappresentanti globali di lupi grigi e due sciacalli dorati.

2.2. Modifica dei dati

Il dataset iniziale del genotipo è stato sottoposto a screening per rimuovere tutti gli SNP con una frequenza di chiamata $<95\%$ e una frequenza allelica minore $<0,01\%$ utilizzando il software Plink 1.9 (Purcell et al., 2007). Solo gli indicatori sugli autosomi sono stati conservati per le successive analisi, risultando in 142.840 varianti SNP. Dopo l'esclusione di marcatori di bassa qualità, i cani con un basso tasso di chiamata ($<90\%$) sono stati esclusi. Individui duplicati sono stati rilevati utilizzando Identity-by-state (IBS) con un cutoff del $>99\%$. Un animale per ogni coppia identica è stato escluso dall'analisi successiva. Coppie di cani strettamente correlate sono state identificate e potate utilizzando il conteggio omozigote discordante (errore Mendeliano, ME), in cui una coppia di individui è stata classificata come correlata se la loro ME era <100 .

2.3. Stima filogenetica e distanza genetica

Tutte le razze del set di dati sono state ridimensionate a un massimo di 10 individui selezionati casualmente per evitare pregiudizi legati alla dimensione che influenzano l'analisi filogenetica. Per gli individui appartenenti alle razze Cane Corso, Mastino Napoletano e Levriero Italiano, sono stati ammessi un massimo di 10 individui per entrambe le località di campionamento. Le distanze genetiche tra individui sono state stimate usando la funzione "-distance" di Plink 1.9 (Purcell et al., 2007) e i modificatori "1-ibs", "square" e "flat-missing", con 100 bootstrap. Il calcolo del filogenesi e del consenso dell'albero adiacenti, con Golden Jackal come outgroup, è stato condotto utilizzando il pacchetto software PHYLIP (Felsenstein, 1989). Tutti i cani che non hanno raggruppato in base alla loro razza attesa con una stima del 90% di strappo sono stati considerati erroneamente classificati e rimossi dalle analisi successive. Le razze furono assegnate a cladi, rappresentati da colori diversi nella figura 2, relativi all'organizzazione attesa presentata in Parker et al. (Parker et al., 2017).

figura 2

Dendrogramma di filogenesi calcolato mediante distanza genetica. La filogenesi è stata avviata 100 volte, sono indicati nodi con una percentuale di confidenza superiore al 50%. Tutte le razze sono raggruppate con il 100% di confidenza, salvo diversa indicazione.



Associazione Tecnica Amatori Volpino Italiano

Le lame sono colorate in relazione alle relazioni di distanza genetica. Le razze italiane sono evidenziate con tex verde

2.4. Condivisione di Haplotype

La condivisione dell'aplotipo, determinata dalle stime di identità per discesa tra gli individui, è stata calcolata utilizzando il software Beagle v4.1 (Browning & Browning, 2013). Gli Haplotypes condivisi tra individui, stimati su tutti i marcatori, sono stati ricostruiti usando finestre scorrevoli 100-SNP con un passo di 40 marcatori ciascuna e consentendo di tagliare fino a 10 marcatori. È stata rilevata la somma delle lunghezze degli haplotipi condivisi per ogni coppia di cani di cladi diversi, consentendo il calcolo della lunghezza mediana degli aplotipi condivisi tra tutti i cani di ciascuna coppia di razze cross-clade. Tutte le coppie individuali che non avevano una condivisione di aplotipi sono state considerate avere una stima mediana di aplotipi condivisi di lunghezza = 0. La condivisione dell'aplotipo è stata considerata significativa quando i valori mediani erano superiori al 95 ° percentile (9.257.455 bp) di tutte le coppie di cross-clade. L'età relativa della storia genetica condivisa tra razze è stata stimata utilizzando metodi precedentemente pubblicati sulla base della dimensione mediana della condivisione degli aplotipi (Parker et al., 2017).

2.5. Rilevamento firma singola selezione e analisi di clade

Successive analisi su cladi filogenetici contenenti razze italiane includevano set di dati completi e non erano limitate a 10 cani per razza. Ove necessario, le analisi di follow-up includevano cladi con razze che mostravano una sostanziale condivisione di aplotipi con le razze italiane. Il calcolo filogenetico per gli eventi di introgressione è stato condotto con il software Treemix (Pickrell & Pritchard, 2012). Il numero di eventi di miscelazione variava da 0 (nessun evento di migrazione) a N, dove N è il numero di razze nel ramo analizzato. Il modello di migrazione con l'errore residuo assoluto più basso è stato considerato ideale.

L'analisi della struttura genetica della popolazione è stata eseguita utilizzando il software fastSTRUCTURE (Raj, Stephens e Pritchard, 2014). Le divisioni di popolazione (K) variano da due al numero di razze all'interno di ciascuna analisi cladistica. Il valore K ottimale è stato determinato dalla massima verosimiglianza della suddivisione (Pritchard, Stephens, & Donnelly, 2000).

2.6. Omozigosità condivisa, tasso di decadimento e calcolo del coefficiente di consanguineità

I tassi di decadimento genetico condiviso di omozigosi (L_nH) e omozigosità per ciascuna razza sono stati calcolati dai genotipi del chip SNP di IlluminaHD usando Plink 1.9 (Purcell et al., 2007) come descritto in precedenza (Dreger, Davis, et al., 2016; Dreger, Rimbault, et al., 2016). Tre razze sono state raccolte negli Stati Uniti e in Italia e mantenute per analisi indipendenti. Le razze venivano potate a un massimo di dieci individui a caso e solo le razze con un minimo di dieci individui venivano utilizzate nei calcoli di L_nH . Il calcolo del tasso di decadimento è stato condotto per tutte le razze con un minimo di cinque individui.



Associazione Tecnica Amatori Volpino Italiano

Tutte le razze italiane, tuttavia, sono state incluse nei calcoli per omozigosi di cane singolo e coefficiente di inbreeding basato su SNP (F). La F specifica per la razza è stata determinata calcolando la media dei singoli valori F per tutti i cani di una singola razza. Questi valori sono stati confrontati con i parametri genetici di razza precedentemente riportati (Dreger, Davis, et al., 2016; Dreger, Rimbault, et al., 2016).

Vai a:

3. RISULTATI

3.1. Classificazione dello stato di razza attraverso le metriche genomiche

In uno studio precedente, abbiamo analizzato una popolazione di 79 razze di cani per delineare i parametri genetici di omozigosi e consanguineità attesi dalle popolazioni di razza (Dreger, Rimbault, et al., 2016). Questi parametri sono stati calcolati anche per le razze italiane elencate nella Tabella 2 e confrontati con i valori puristi attesi come segue: LnH cane singolo ≥ 1098.365 Mb, LnH condiviso da cane ≥ 48.092 Mb, decadimento omozigoti ≤ 0.607 , $F \geq 0.133$ (Dreger, Davis, et al., 2016; Dreger, Rimbault, et al., 2016). Quindici delle razze o popolazioni di cani italiani hanno espresso valori all'interno di gamme purosangue per tre o più dei quattro parametri e presentati come un clade specifico per singola razza nel filogenesi bootstrap. Abbiamo rilevato che 12 delle 23 popolazioni italiane iniziali possono essere classificate come "razze", di cui 4 non ancora riconosciute da ENCI o AKC (Tabella 2). Sette delle 23 popolazioni iniziali hanno sufficienti misure di omozigosi e consanguineità per qualificarsi come razze, ma non riescono a raggrupparsi come cladi filogenetici unici e specifici della razza e sono quindi classificate come "varietà" parafiletiche di altre popolazioni. Le eccezioni di nota includono le due popolazioni di segugi di Segugio Italiani che, trattati come una popolazione, si qualificano come una razza. Inoltre, il Pastore della Sila non è all'altezza delle misure di razza o di varietà.

Tavolo 2

Metriche genetiche della struttura della popolazione per ogni popolazione di cani italiana

Razza N a F b 1-Cane LnH (Mb) c LnH condiviso (Mb) d Decaye Phylogeny clustering Statusf

Bergamasco Shepherd 9 0.220 1843.258 382.935 0.450 Sì Razza

Bolognese 18 0,147 1848,889 251,647 0,336 Sì Razza

Bracco Italiano 9 0.139 1893.965 663.608 0.305 Sì Razza

Cane Corso (Italia) 16 0.139 1803.263 178.954 0.380 Nessuna varietà

Cane Corso (US) 4 0.141 1818.177 - - No

Cirneco dell'Etna 14 0.222 1952.620 418.463 0.241 Sì Razza

Cane Paratore 2 0.081 g 1862.197 - - No Insuff

Cane di Fonni 6 0.162 1839.483 452.063 0.629 Sì Razza

Levriero italiano (Italia) 10 0.250 1904.847 551.779 0.286 Yesh Breedh

Levriero italiano (USA) 10 0.290 1926.256 607.852 0.192 Yesh



Associazione Tecnica Amatori Volpino Italiano

Lagotto Romagnolo 18 0.171 1832.910 378.569 0.298 Sì Razza
Levriero Meridionale 2 0.220 1928.855 - - Sì Insuff
Lupino del Gigante 10 0.141 1664.250 100.585 0.424 Sì Razza
Lupo Italiano 24 0.478 1988.448 1400.986 0.280 Sì Razza
Cane di Mannara 12 0.114 1887.253 167.485 0.497 Nessuna varietà
Maremma Sheepdog 14 0.124 1856.195 274.145 0.294 Sì Razza
Mastino Abruzzese 2 0.026 1815.659 - - No Insuff.
Mastino Napoletano (Italia) 6 0.318 1897.332 - 0.358 Yesi Breedi
Mastino Napoletano (US) 6 0.296 1935.719 - 0.292 Yesi
Pastore della Lessinia e del Lagorai 10 0.079 1637.732 442.396 0.475 Nessuna varietà
Pastore della Sila 14 0.092 1856.336 385.056 0.665 Sì No
Pastore d'Oropa 15 0.043 1807.711 495.420 0.579 Sì Razza
Segugio Italiano Pelo Forte 16 0.088 1835.136 144.898 0.365 Sij Breedj
Segugio Italiano Pelo Raso 16 0.117 1880.337 189.692 0.351 Sij
Spinone Italiano 16 0.136 1870.035 308.590 0.277 Sì Razza
Volpino Italiano 15 0.213 1912.347 361.279 0.299 Nessuna varietà

Apri in una finestra separata

un numero totale di cani campionati.

bLunghezza delle regioni omozigoti condivisa tra più cani di una razza, con un minimo di cinque cani e un massimo di dieci, $\geq 48,092$ Mb.

cSum di regioni omozigoti basate su genotipi di chip SNP, ≥ 1098.365 Mb.

dCorrente di inbreeding basato su SNP su base, $\geq 0,133$.

eLa velocità con cui diminuisce la variazione di omozigotità condivisa tra individui di una razza con l'aggiunta di ogni stesso cane di razza, $\leq 0,607$.

Lo status di p Population è determinato come una "razza" se la popolazione nominata è conforme agli intervalli di razza in almeno tre delle quattro metriche genomiche e tutti i membri si raggruppano insieme filogeneticamente nell'analisi di tutte le razze. Se il clustering filogenetico è assente, in presenza di valori metrici accettabili di razza, la popolazione è classificata come "varietà". Il mancato rispetto di questi requisiti indica che la popolazione non soddisfa le aspettative genomiche di un ibridore. Tali istanze sono evidenziate in grassetto. Le popolazioni analizzate con meno di cinque individui non sono sufficienti per determinare un incarico di stato.

gl valori in grassetto sono al di fuori dell'intervallo predefinito per le popolazioni di razza.

Le popolazioni statunitensi e italiane di levrieri italiani si qualificano come un'unica razza.

Le popolazioni statunitensi e italiane di Mastino Napoletano si qualificano come un'unica razza.

Il Segugio Italiano Pelo Raso e Pelo Forte si qualificano come un'unica razza.

Questa raccolta di popolazioni di campioni consentiva la visualizzazione di più fasi di formazione della razza. Mentre ogni popolazione è gestita da una selezione guidata dall'uomo verso uno standard di razza, le varie popolazioni presentano punti temporali distinti lungo la strada per la classificazione delle razze. Ai fini di ulteriori analisi, la classificazione di razza è stata considerata equivalente per tutte le popolazioni. In quanto



Associazione Tecnica Amatori Volpino Italiano

tale, ogni "razza", "varietà" o "nonbreed" veniva considerata come una popolazione distinta nelle analisi che richiedevano un precedente incarico di identità.

3.2. L'analisi di filogenesi rivela la formazione della razza attraverso la selezione convergente e divergente

A seguito della riduzione della dimensione del campione fino a un massimo di dieci cani per razza, nella stima della filogenesi della distanza genetica sono stati inclusi 1609 cani e 16 canidi selvatici. L'albero del consenso finale di 100 bootstraps comprendeva 184 cladi a razza singola, ciascuno con un grado di confidenza > 90% (Figura 2). I cladi primari riflettono generalmente quelli pubblicati in precedenza da noi (Parker et al., 2017), e le classificazioni di razza sono coerenti con il rapporto precedente. Tuttavia, il posizionamento filogenetico delle razze italiane aggiunte e il successivo riarrangiamento di relazioni cladistiche precedentemente definite hanno dato risultati sorprendenti.

In primo luogo, abbiamo osservato che due cladi, il Nuovo Mondo e il Mediterraneo, significativamente riorganizzati, rispetto a quelli precedentemente pubblicati (Parker et al., 2017), dopo l'aggiunta delle razze italiane. Tutte e sei le razze italiane sono state recentemente assegnate al clade del Nuovo Mondo. Il posizionamento del cane da pastore tedesco è fondamentale per la nostra comprensione di questo gruppo. Altre razze sono state organizzate come segue (Figura 2): Il Lupo Italiano (Figura 1d) è monofiletico per il Pastore Tedesco. Due razze di pastori provenienti dal Nord-Est d'Italia, il Pastore della Lessinia e del Lagorai (Figura 1h) e Lupino del Gigante (Figura 1i), sono monofiletiche tra loro e sono parafiletiche al Lupo Italiano e al Pastore Tedesco. Indicando il loro emergere incompleto come razze distinte, un sottoinsieme di ciascuna forma due cladi specifici per razza con una sicurezza > 70%. Tuttavia, quattro Pastore della Lessinia e del Lagorai e un Lupino del Gigante non riescono a cadere in entrambi i clade, ma si trovano tra i due cladi, che rappresentano un gradiente di sviluppo della razza tra le due varietà. Sembrano esserci due cani della razza Lupino del Gigante e un Pastore della Lessinia e del Lagorai che non si avvicinano o rientrano nei cladi attesi. Questi tre cani erano probabilmente classificati erroneamente alla raccolta o risultanti da una recente ibridazione e pertanto non riflettono le rispettive razze. La classificazione del Cane Paratore come razza è molto controversa in Italia. Tuttavia, i due Cane Paratores (Figura 1f) in questa analisi raggruppati insieme, parafiletici per il Cane da Pastore Tedesco e Lupo Italiano, suggerendo che essi sono una varietà distinta.

Il secondo gruppo sottoposto a cambiamenti sostanziali è stato in precedenza definito "gruppo mediterraneo" poiché conteneva diverse razze provenienti dalle regioni del Mediterraneo, del Nord Africa e del Medio Oriente (Parker et al., 2017). In questa nuova analisi, lo stesso gruppo ora è costituito da due rami distinti, supportati con una > confidenza del 50%. Probabilmente questa minore fiducia suggerisce che la recente storia genetica di alcune razze li lega a entrambi i rami. Il primo ramo comprende tre levrieri e un guardiano di branco: levrieri Ibizan Hound, Pharaoh Hound e Cirneco dell'Etna (Figura 1b), con il parafillo del Grande Stormo dei Pirenei parafiletici con una sicurezza superiore al



Associazione Tecnica Amatori Volpino Italiano

90%. Il secondo ramo è costituito dai guardiani italiani del gregge, il Cane Fonnì (Figura 1s), il Pastore della Maremma (Figura 1t), Pastore della Sila (Figura 1q), Mastino Abruzzese (Figura 1u) e il levriero italiano Levriero Meridionale (Figura 1c), insieme al guardiano del gregge e alle razze levrieri della regione del Medio Oriente. La razza italiana di guardiano di gregge, il pastore della Maremma, è centrale in questo ramo in quanto il Pastore Tedesco era al di sopra. Due razze di guardiani italiani, il Cane di Mannara (Figura 1r) e il Mastino Abruzzese, ramo parafiletico del Branco di Maremma e Pastore della Sila, senza formare gruppi di razza specifici o supportati. Alcune razze sono uscite dal Mediterraneo Clade con l'aggiunta delle razze italiane. Komondor e Kuvasz sono ora combinati con le razze Pumi e Puli con un grado di sicurezza superiore al 90% per espandere il clade "ungherese".

3.3. L'analisi della condivisione dell'aplotipo identifica la specializzazione della razza attraverso l'isolamento genetico o la miscelazione mirata

Mentre l'analisi filogenetica mostra relazioni di razza basate sulla differenziazione sequenziale di sottopopolazioni continuamente più piccole, l'osservazione della condivisione di aplotipi attraverso conti di identità per discendenza per la mescolanza tra razze imparentate a distanza. La ripartizione degli aplotipi attraverso la clade è stata calcolata per ciascuno come determinato dalla filogenesi della distanza genetica bootstrap (Figura 2) per comprendere meglio lo sviluppo della razza attraverso l'introggressione. Sono stati presi in considerazione confronti a coppie della condivisione di aplotipi identici per discendenti tra singoli cani di razze diverse, con un totale di 1.240.389 confronti. È stato quindi calcolato il valore medio degli aplotipi condivisi di ogni confronto razza-razza; 287 erano > 9.257.455 pb (il 5% superiore di tutti gli aplotipi di condivisione) e queste misure sono state considerate significative. Mentre la maggior parte dei potenziali confronti non coinvolgono una razza italiana, 133 di quelli osservati includevano una o più razze italiane (Figura 3, Tabella S1).

Tabella

Figura 3

(a) Significativa ripartizione degli aplotipi di razze italiane con razze non italiane. (b) Analisi della struttura del clade delle razze del Nuovo Mondo, oltre al lupo appenninico. $K = 10$. (c) Previsione di Treemix di eventi di mescolanza tra razze del clade del Nuovo Mondo, più il Lupo Appenninico. $N = 8$

Nove razze italiane mostrano una significativa ripartizione degli aplotipi solo con le razze all'interno dei loro cladi (Figura 3, Tabella S1), indicando lo sviluppo della razza attraverso la divergenza tra le clade. Le restanti razze italiane hanno evidenziato la condivisione di aplotipi all'interno della clade e l'ibridazione con razze in altri cladi. Ciò suggerisce che il loro sviluppo di razza si basava, in parte, sull'introduzione di tratti desiderabili da razze non correlate. Questi risultati descrivono le differenze specifiche tra popolazioni di tipo e



Associazione Tecnica Amatori Volpino Italiano

funzione simili. Per esempio, tre razze italiane di guardiani di greggi mostrano una condivisione di aplotipi significativa con una quarta razza di gregge italiana, il pastore maremmano, ma non l'una con l'altra. Piuttosto, sono differenziati dall'influenza delle razze esterne: il Pastore della Sila con il Rottweiler e il Cane di Mannara con il Pastore Tedesco. Nel frattempo, la quinta razza italiana di guardiani di greggi, il Fonnì's Dog, non mostra la condivisione degli aplotipi con altre razze che svolgono la stessa funzione, ma ha solo l'aplotipo di condivisione con il pastore tedesco. Nel complesso, questo indica la direzionalità dell'introggressione utilizzata nella formazione di queste particolari razze. Mentre la direzionalità parla della presenza dell'intervento umano, non affronta il problema se la riproduzione diretta sia avvenuta rispetto ad un numero singolo o modesto di tratti, suggerendo una commistione mirata, o più in generale alla dinamica della popolazione della regione, implicando una selezione divergente .

La comunanza di aplotipi di razza è presente nel clade del Nuovo Mondo, in base al quale ciascuna delle razze di pastiglie italiane ha un importante aplotipo che condivide con ciascuna delle altre razze italiane, così come Berger Picard, Chinook e German Shepherd Dog. Differenziare le razze di pastori italiane l'una dall'altra è un diverso livello di contributo da 11 razze aggiuntive dei cladi del Mastiff rurale, del nuovo mondo, dell'Herbder continentale, alpino e europeo (Tabella S1). È interessante notare, tuttavia, che per tutte e sei le razze di pastore italiane, l'aplotipo del Pastore Tedesco è il più predominante.

Con nostra sorpresa, abbiamo rilevato diversi casi in cui una singola razza di pastori italiani condivide la storia genetica con una razza al di fuori del clade. Ad esempio, abbiamo osservato la condivisione di aplotipi tra il pastore bergamasco (Figura 1e) e il cane da montagna Briard e Bernese, il Lupino del Gigante e Leonberger e il Cane Paratore e il Boxer. Questi schemi di condivisione degli haplotipi tra coppie di razze indicano che ogni popolazione di pastori italiani si è allontanata dalle altre attraverso la sua introggressione individuale con le razze esterne e che non sono semplicemente popolazioni geograficamente separate della stessa razza. Si ritiene che il Lupo Italiano sia stato sviluppato da una croce intenzionale di un cane da pastore tedesco e un lupo appenninico (Figura 1x) a metà degli anni '60. Mentre i nostri dati supportano la forte relazione tra Lupo Italiano e German Shepherd Dog, non c'è un livello significativo di condivisione degli aplotipi tra questo e Lupo appenninico

3.4. Analisi di clade singole

L'analisi delle miscele con TREEMIX e l'analisi strutturale con fastSTRUCTURE sono state condotte su ciascun gruppo di razza che contiene una razza italiana come test separato dei rapporti di razza. La filogenesi della relazione di razza ideale è stata selezionata in base al numero di eventi di miscelazione (N) che hanno prodotto il più basso errore standard residuo. Allo stesso modo, la divisione strutturale ideale (K) era quella che risultava la più grande probabilità. Nel caso del clade del Nuovo Mondo, la popolazione di



Associazione Tecnica Amatori Volpino Italiano

lupi appenninici è stata inclusa a causa della presunta storia di ibridazione con il pastore tedesco per la produzione del Lupo Italiano.

Gli schemi di parentela mostrati nella condivisione di filogenesi e aplotipo (Figura 2) che si uniscono nelle vicinanze sono strettamente rispecchiati dall'analisi TREEMIX e fastSTRUCTURE. La Figura 3 presenta la visualizzazione della struttura della popolazione per il clade del Nuovo Mondo, mentre tutti gli altri cladi che includono le razze italiane sono presenti nel Materiale Supplementare (Figura 1 Supplementare). A $K = 10$, l'analisi di fastSTRUCTURE identifica quattro razze di herding italiane dal gruppo del Nuovo Mondo come aventi esclusive firme genetiche: Lupo Italiano, Bergamasco, Pastore d'Oropa (Figura 1g) e Lupino del Gigante (Figura 3). Una firma condivisa è presente ad alti livelli in tutte le Canine Paratore, Pastore della Lessinia e del Lagorai, e la non-italiana Xoloitzcuintle standard e in miniatura, l'orchidea Inca peruviana e Catahoula Leopard Dog. È interessante notare che la firma condivisa è presente anche in circa la metà dei cani Bergamasco, Pastore d'Oropa e Lupino del Gigante, suggerendo che queste razze dimostrano meno coesione rispetto alle razze più affermate. L'analisi della mescolanza del gruppo di razza New World indica nuovamente un livello sostanziale di introgresione della razza, principalmente nella direzione del cane da pastore tedesco e del Lupo Italiano verso le altre razze correlate ($N = 8$).

Come il gruppo di razza New World, il gruppo di razza mediterranea è altrettanto complesso (materiale supplementare). Una firma genetica sottostante è presente nei cani di diverse regioni, tra cui il Saluki dal Medio Oriente, il Pastore dell'Asia centrale, il pastore dell'Anatolia dalla Turchia e cani italiani e, in misura minore, i Grandi Pirenei dalla Francia, Pastore caucasico da Asia occidentale e segugio del faraone di Malta ($K = 10$). Tra le razze di guardie del gregge di bestiame, molte hanno una firma genetica unica. Tuttavia, solo cinque dei 12 Mannara's Dogs e otto dei 14 Pastore della Silas esprimono le firme specifiche della razza ad un livello del 50%. Ciò implica che queste razze sono composte da cani che variano da una definizione di razza centrale e che in queste popolazioni manca una lunga storia di forte selezione che definisce molte razze stabilite.

3.5. Impatto della separazione geografica sull'identità di razza e sulla selezione differenziale
Abbiamo inoltre esaminato una serie di tre razze per le quali abbiamo raccolto campioni sia negli Stati Uniti che in Italia: Levrieri italiani (Figura 1a), Cane Corsos (Figura 1v) e Mastini Napoletani (Figura 1w). Poiché la sottostruttura della popolazione è stata precedentemente osservata nelle popolazioni internazionali di razze (Pedersen, Liu, Leonard e Griffioen, 2015; Pedersen, Liu, McLaughlin, Sacks, 2012; Quignon et al., 2007), speriamo di caratterizzare la divergenza genetica tra Popolazioni statunitensi e italiane di razze italiane, causate da strozzature nelle importazioni, effetti di sire popolari regionali (Leroy & Baumung, 2010; Pribanova et al., 2009), o variazione nella selezione. Tutti e tre erano correttamente raggruppati per razza. All'interno delle razze, tuttavia, sono emerse delle distinzioni. I levrieri italiani si dividono in due rami secondari di cani americani e i



Associazione Tecnica Amatori Volpino Italiano

taliani con il 90% di confidenza. I mastini napoletani, pur formando una razza distinta, non mostravano separazione per nazione. I Cane Corsos non si raggruppano come razza, piuttosto sono parafiletici ai mastini napoletani, come è stato notato precedentemente (Parker et al., 2017).

L'analisi della condivisione dell'aplotipo è stata poi applicata per rilevare la presenza di storie genetiche variabili tra le collezioni statunitensi e italiane, rivelando nuove sottigliezze (Tabella S1). Innanzitutto, abbiamo scoperto che la popolazione americana del Cane Corso mostra una condivisione di aplotipi significativa con il Rottweiler, riproducendo i risultati precedenti (Parker et al., 2017). In secondo luogo, la popolazione americana di levrieri italiani mostra livelli significativi di condivisione degli aplotipi con il Toy Manchester Terrier. Infine, non sono stati identificati nuovi reperti per i mastini napoletani che indicano che le due popolazioni non mostrano differenze negli schemi di condivisione degli aplotipi. In ciascuna delle tre razze analizzate, le popolazioni di entrambi i paesi mostrano in gran parte forti livelli di somiglianza, sia nella relazione filogenetica che nell'ibridazione di razza ancestrale, mentre due razze, il Cane Corso e il Levriero italiano, mostrano storie genetiche divergenti basate su barriere geografiche.

3.6. Tempi di formazione della razza

In secondo luogo, la popolazione americana di levrieri italiani mostra livelli significativi di condivisione degli aplotipi con il Toy Manchester Terrier. Infine, non sono stati identificati nuovi reperti per i mastini napoletani che indicano che le due popolazioni non mostrano differenze negli schemi di condivisione degli aplotipi. In ciascuna delle tre razze analizzate, le popolazioni di entrambi i paesi mostrano in gran parte forti livelli di somiglianza, sia nella relazione filogenetica che nell'ibridazione di razza ancestrale, mentre due razze, il Cane Corso e il Levriero italiano, mostrano storie genetiche divergenti basate su barriere geografiche.

3.6. Tempi di formazione della razza

Abbiamo usato l'equazione descritta da Parker et al. (Parker et al., 2017), per calcolare il numero di anni trascorsi dalla storia genetica condivisa tra razze, in base alla quantità di condivisione di aplotipi tra le razze. Una storia genetica condivisa implica che le due razze in questione fossero o (1) la stessa popolazione che divergeva in due popolazioni distinte o (2) due popolazioni che mostravano una sostanziale mescolanza. Pertanto, il tempo calcolato riflette il numero di anni precedenti alla data in cui è stato raccolto il materiale genetico che le due razze sono state fuse l'ultima volta. I campioni di razza italiana utilizzati in questo studio sono stati raccolti prevalentemente nel 2016, quindi tutti gli anni di miscelazione sono stati considerati relativi a tale data. La maggior parte dei punti temporali calcolati per quanto riguarda le razze italiane indicano la mescolanza o la divergenza > 100 anni fa. Solo otto coppie di razze mostrano additivi entro 100 anni dalla raccolta del campione (Tabella S1). I mastini napoletani provenienti dall'Italia e dagli Stati Uniti hanno un valore negativo per anni dalla mescolanza, indicando che sono di sufficiente



Associazione Tecnica Amatori Volpino Italiano

somiglianza genetica per essere considerati la stessa popolazione. Lo stesso vale per le popolazioni di levrieri italiani dall'Italia e dagli Stati Uniti, nonostante la scoperta di diversi componenti di additivi.

In confronto, il mastino napoletano e Cane Corso hanno una storia molto più breve e più intrecciata e sono stati riconosciuti dall'AKC rispettivamente nel 2004 e nel 2010. Sulla base della nostra analisi degli aplotipi, l'americano Cane Corsos si è discostato dal mastino napoletano tra 65 e 69 anni fa, mentre la popolazione italiana si è divisa 80-85 anni fa. La storia della razza scritta sostiene che ci sia stato un forte sforzo per salvare ciò che restava del mastino napoletano europeo dopo la seconda guerra mondiale attraverso l'attuazione di un rigoroso programma di allevamento (Club 2012). I nostri dati dimostrano che il moderno mastino napoletano è geneticamente la stessa razza indipendentemente dalla geografia. Popolazioni americane e italiane di Cane Corsos suggeriscono una divergenza di circa 93 anni fa e che questa razza subì anche una ristrutturazione dopo la seconda guerra mondiale. Questa divergenza può riflettere la presenza di Cane Corsos in America prima della resurrezione della razza o l'effetto di un collo di bottiglia di migrazione con lignaggi distinti che contribuiscono in modo differenziale alle due popolazioni di razza. L'analisi del Cirneco dell'Etna e del Faraone Segugio indica una divergenza aplotipica di 65 anni fa (1950), corrispondente al riconoscimento delle razze da parte della FCI. Questi risultati supportano l'ipotesi che la maggior parte della formazione di razza si sia verificata di recente, negli ultimi 200 anni. Ma mostra anche, importante, che le basi genetiche di queste razze sono state poste nel passato più remoto.

4. DISCUSSIONE

4.1. Razze canine italiane

Mentre la maggior parte delle moderne razze di cani sono state sviluppate negli ultimi 200 anni (Club, 2006, 2017; Lindblad-Toh et al., 2005; Parker et al., 2017), alcune popolazioni hanno preso forme riconoscibili, adatte a compiti distinti, per molto più a lungo. L'Italia moderna rivendica almeno 23 varietà di cani, di cui 13 riconosciute a livello internazionale e 10 localmente conosciute (Tabella 1). Queste razze possono essere ampiamente classificate in sette categorie fenotipiche: segugio, guardiano del branco, mastino e levriero, come sono stati descritti da storici autori romani (Xenophon, Columella, 1954), così come le più moderne caccia, allevamento e razze da compagnia.

Abbiamo combinato dati SNP di tutto il genoma di 263 cani che rappresentano 23 popolazioni di cani chiusi dall'Italia, sette lupi appenninici e 161 popolazioni di cani di razza pura, e abbiamo utilizzato molteplici metodi genetici per caratterizzare i modi con cui si formano razze geograficamente distinte. La considerazione simultanea di ciascuna delle cinque metodologie rivela una serie di profili genetici che validano e ampliano i record storici della creazione di razza, tra cui la divergenza da una popolazione comune, il ceppo regionale influenzato da genetica estranea e la selezione globalmente isolata di azioni locali.



Associazione Tecnica Amatori Volpino Italiano

Gli scopi per cui gli esseri umani hanno diretto lo sviluppo delle razze canine sono vari, ma rimangono prevedibili attraverso le culture. Gli attributi naturali canini dell'acuità visiva e olfattiva (Chen, Irwin, & Zhang, 2012; Tacher et al., 2005), velocità e resistenza (Huson et al., 2012; Kemp, Bachus, Nairn e Carrier, 2005; Pasi & Carrier, 2003), tutela, natura predatoria (Akkad et al., 2015; Starling, Branson, Thomson, & McGreevy, 2013; Sundman, Johnsson, Wright, & Jensen, 2016), e la loro apparentemente innata complementarità con gli umani (Cagan & Blass, 2016; Fadel et al., 2016; Gacsi, McGreevy, Kara, & Miklosi, 2009; vonHoldt et al., 2017; Jakovcevic, Elgier, Mustaca e Bentosela, 2010; van der Waaij, Wilsson, & Strandberg, 2008) sono stati sfruttati per migliaia di anni. Tuttavia, nel perseguimento di un lignaggio distinto, la selezione di animali riproduttori sarà inevitabilmente basata su un piccolo pool di fonti (Alam et al., 2012; Calboli, Sampson, Fretwell, & Balding, 2008; Kumpulainen et al., 2017; Pfahler & Distl, 2015; Streitberger et al., 2012; Wijncrocx et al., 2016). Di conseguenza, le razze canine che svolgono compiti simili sono spesso più strettamente correlate l'una all'altra rispetto alle razze con diverse occupazioni, consentendo la visualizzazione di cladi filogenetici a volte segreganti per modelli comportamentali ampi (Parker et al., 2017; Vaysse, et al 2011, von Holdt et al., 2010; Parker et al., 2004; e Figura 2). All'interno di ciascuno di questi cladi basati sull'applicazione, le singole razze possono divergere per abilità specialistiche, aspetto o adattamento ambientale. Abbiamo cercato di abbinare le metodologie alle razze moderne, alla ricerca di elementi comuni di formazione della razza in sottoinsiemi di fenotipi.

Un esempio di sviluppo della razza attraverso la divergenza da un pool genetico comune sono le razze Small Spitz. Filogeneticamente, il clade Small Spitz (Figura 2) include le razze Pomeranian, American Eskimo e Volpino Italiano (Figura 1p). Queste razze condividono una sorprendente somiglianza fisica, tra cui piccoli musi appuntiti, orecchie triangolari punteggiate, pelliccia abbondante e una coda piumata arricciata sulla schiena. Il Volpino Italiano mostra una somiglianza genetica con la Pomerania. Le metriche di condivisione dell'aplotipo suggeriscono 1876 come l'istanza più recente di storia genetica condivisa tra le razze. Il riconoscimento formale del Pomeranian come razza distinta nel 1873 potrebbe aver avviato la scissione tra le popolazioni. Il Volpino Italiano riacquistò popolarità nel 1968, dopo essere caduto in disgrazia agli inizi del 1900 (Peterson 2016). La ricostruzione della razza potrebbe essere stata favorita dalla classificazione di razze di tipo spitz di piccole dimensioni, avviate dalla registrazione preventiva dei Pomeraniani, concentrando efficacemente i restanti Italiani di Volpino attraverso l'esclusione da altri registri di razza.

Lo sviluppo della razza attraverso la vicinanza geografica e il vincolo è anche ben esemplificato dall'esame delle razze levriere del Mediterraneo. In particolare, si ritiene che il Cirneco dell'Etna, un levriero di medie dimensioni, si sia sviluppato nell'isola di Sicilia. Le attuali analisi genetiche collocano il Faraone Segugio dall'isola di Malta e il Segugio di Ibiza dall'isola di Ibiza come i parenti genetici più vicini al Cirneco dell'Etna. La condivisione dell'aplotipo tra il Cirneco dell'Etna e il Faraone Hound risale al 1950,



Associazione Tecnica Amatori Volpino Italiano

riflettendo il riconoscimento della razza da parte delle FCI nel 1956 e nel 1963, rispettivamente. Viceversa, il Levriero Meridionale del Sud Italia non mostra alcun patrimonio con il Cirneco dell'Etna e i suoi parenti stretti, i faraoni e i cani di Ibizan, ma piuttosto le razze Sloughi e Azawakh originarie del Nord Africa.

Un ulteriore esempio di dati genetici che sostituisce la tradizione storica è quello della razza Segugio Italiano che, dal 1989, è stata classificata come due razze separate, il Pelo Raso (pelo liscio) (Figura 1j) e Pelo Forte (pelo duro) (Figura 1k) (Pallotti et al., 2017). I primi scritti dello storico greco Arriano (circa 92-175 d.C.) descrivono "segugi Segusiani" come "arruffati" (Arrian, 1831), suggerendo che la razza originaria potrebbe avere più somiglianze al Pelo Forte di oggi. Le previsioni di filogenesi e struttura genetica della distanza presentate qui non sono riuscite a distinguere in modo riproducibile le due popolazioni di Segugio, il che implica che a livello genetico sono la stessa razza. Un modello di relazione simile è stato precedentemente notato tra le varietà Tervuren e Groenendael del Pastore belga, classificate come razze separate negli Stati Uniti dal 1959 (von Holdt et al., 2010; Parker et al., 2004, 2017). Considerando entrambi gli esempi, quindi, non sorprende che la recente separazione degli stock riproduttivi basata sul fenotipo sia irrilevante e non sovrascriva i modelli genetici tracciati da una storia di razza.

4.2. Razze di pastore italiane e il cane pastore tedesco

Si suggerisce che il comportamento di pastorizia derivi da più background geografici e genetici (Arnott, et al., 2015, Storteig Horn, 2017; Parker et al., 2017), formando cladi separati definiti Continental, UK Rural, ungherese e New World negli ultimi analisi. La collocazione filogenetica delle razze di pastore italiane nel clade del Nuovo Mondo non era quindi necessariamente prevedibile, poiché ci si aspetterebbe che ogni razza venisse assegnata per posizione geografica. Il set di dati espanso analizzato qui non solo li colloca saldamente nel clade del Nuovo Mondo, ma in tal modo ha risolto la nostra comprensione del contributo del Pastore Tedesco a molti cladi di diversi tipi come il Black Russian Terrier e lo Swedish Elkhound (Li et al., 2008), portoghese Water Dog (von Holdt et al., 2010), Poodles (Fregel et al., 2015), e le razze glabre messicane e peruviane, Berger Picard (Frantz et al., 2016; Parker et al., 2017).

Il pastore tedesco mostra una significativa condivisione di aplotipi con diverse razze mediterranee e di altre razze europee datate tra il 1859 e il 1867, ben prima dell'istituzione del cane da pastore tedesco come razza unica nel 1899. Queste stime indicano probabilmente l'influenza di un cane comune diffuso nell'Europa continentale da cui è stato formato il Cane da pastore tedesco (Caius, 1576, Pennant, 1793, Elite 2015). Gli Haplotypes riconosciuti nel moderno cane da pastore tedesco furono poi passati alle razze nordamericane durante il loro periodo di sviluppo. Questa firma agricola europea è più facilmente visibile nella figura 3a. L'aggiunta delle razze italiane pone un antenato del Pastore Tedesco come collegamento tra la più grande popolazione di razze da pastore e le razze americane.



Associazione Tecnica Amatori Volpino Italiano

Le sei razze di pastore italiane ora raggruppano il parafillo al cane da pastore tedesco, insieme al già menzionato Berger Picard, Chinook, Xoloitzcuintli e Peruvian Inca Orchid. Questo risultato è sorprendente date le differenze di morfologia e comportamento tra le razze. Tuttavia, i risultati hanno senso genetico. Ci sono stati otto eventi di mescolanza previsti nel clade del Nuovo Mondo basati sull'analisi TREEMIX, con due di loro che si verificano nella direzione dal Pastore Tedesco o Lupo Italiano alle razze senza peli centroamericane, mentre cinque eventi di introgressione indicano la mescolanza del Pastore Tedesco Cane e razze europee di pastori. Lo schema ricorrente di un legame genetico comune con il cane da pastore tedesco suggerisce una storia di razza che si concentra su un ceppo di cane europeo ampiamente distribuito, che ha dato origine al cane da pastore tedesco, alle razze italiane e al francese Berger Picard.

4.3. Le razze di guardiani del gregge si sviluppano lungo le linee della transumanza

Le razze di guardiani del gregge d'Italia presentano una riflessione sorprendentemente accurata dell'industria umana. La gestione di ovini e caprini domestici è stata un'esigenza fondamentale sin dalla prima occupazione umana, con resti scheletrici di caprioli e cani domestici rinvenuti negli insediamenti neolitici della Sicilia (Debono Spiteri et al., 2016, Leighton, 1999). L'importanza dell'industria ovina in Italia continuò nell'era romana (Canfield, 1853, Lambert 2014). A causa della topografia e del clima della regione, è stata a lungo impiegata la transumanza, la pratica di spostare greggi di pecore e i cani che li proteggevano dai pascoli montani in estate ai pascoli di pianura riparati durante l'inverno. Le rotte standard, denominate "tratturi", tra pascoli estivi e invernali erano incise nel paesaggio (Higgs, 1976; Pounds, 1990).

I dati presentati in questo studio collegano per la prima volta le quattro razze di guardiani del gregge dell'Italia peninsulare. È interessante notare che, mentre il Pastore Maremmano mostra prove genetiche del rapporto di razza con i restanti guardiani del continente, il Cane di Mannara, il Mastino Abruzzese e il Pastore della Sila non mostrano legami genetici sostanziali l'uno con l'altro. Questo schema è diverso da quello osservato nel cane da pastore tedesco, dove 12 delle 19 razze con apotipo significativo che condividono con il cane da pastore tedesco condividono anche con almeno un'altra razza correlata. Ciò suggerisce che il Pastore Maremmano riflette il guardiano originario della regione e che, forse attraverso il processo di transumanza, ha seminato le popolazioni distali di gregge pastorale pastorale (Figura 4). Infatti, il Mastino Abruzzese e il Pastore Maremmano erano storicamente considerati razze separate ma, a causa della vicinanza di gamberi e migrazioni di greggi di pecore, erano unificati come razza unica, denominata Pastore Maremmano-Abruzzese, nel 1958 (Maremma Sheepdog Club of America 2017). Due campioni sono stati forniti sotto il marchio "Mastino Abruzzese" ed analizzati in una pubblicazione precedente (Parker et al., 2017). Dato il recente periodo di tempo durante il quale sono stati ricevuti e i risultati delle analisi estese di razza italiana, proponiamo che possano rappresentare la razza Pastore Maremmano-Abruzzese più moderna.

Tabella



Associazione Tecnica Amatori Volpino Italiano

Figura 4

La pratica agricola della transumanza sposta il bestiame lungo percorsi stagionali (frecche verdi). La condivisione dell'aplotipo di razze di guardiani di greggi (frecche tratteggiate blu) segue questi stessi percorsi, centrando il Pastore della Maremma (a), e includendo il Cane di Mannara (b), Pastore della Sila (c) e Grandi Pirenei (d). I guardiani della Sardegna, Fonnì's Dog (e) e Ungheria, Kuvasz e Komondor (f) non condividono gli aplotipi con le razze di guardiani italiani (linee tratteggiate rosse)

Mentre il confronto precedente dimostra relazioni genetiche tra cani coinvolti nella transumanza, lo stesso è carente nei cani con occupazione simile e fenotipi fisici per i quali non vi è alcuna prova di migrazione stagionale. In particolare, la condivisione di haplotype per altre razze europee di guardiani di branchi dimostra la firma genetica condivisa tra i Grandi Pirenei di Francia e Spagna e il Pastore Maremmano italiano, ma nessun legame genetico tra il Komondor ungherese e Kuvasz alle razze di guardiani italiani. Allo stesso modo, il Fonnì's Dog, un guardiano di greggi dell'isola sarda, non mostra una relazione genetica con le razze di guardiani del continente. La transumanza era quindi una forza chiave per la formazione delle razze lungo la penisola italiana, le Alpi e le montagne dei Pirenei in Francia e Spagna. Tuttavia, in Ungheria e Sardegna, in assenza di transumanza (Pounds, 1990), è più probabile che la formazione di razza avvenga per selezione convergente, come dimostrato con le razze guardiane delle regioni

4.4. Sommario

La selezione guidata dall'uomo ha prodotto centinaia di varianti di razza di cani. Utilizzando 23 popolazioni di cani chiusi da una posizione geografica distinta, analisi demografiche approfondite relative a una vasta coorte di popolazioni di cani di razza consolidata rivela tre modalità attraverso le quali è stata applicata la selezione: divergenza da una vasta collezione di individui fenotipicamente simili; indipendentemente attraverso la selezione ripetuta per uno scopo particolare senza influenza di introgressione da altre razze simili; e inclusione di riproduttori stranieri con tratti desiderati. Il presente campionamento di razze italiane consente l'analisi delle popolazioni che passano attraverso fasi di sviluppo di più razze.

L'impatto del progresso umano sulla distribuzione e lo sviluppo delle razze è facilmente visibile in relazione alla pratica agricola della transumanza e alla diffusione delle razze di guardie del bestiame lungo le rotte risultanti. Abbiamo ulteriormente chiarito una teoria per un tipo di cane da pastore agricolo comune, regionale per l'Europa centrale, che probabilmente esisteva prima della moderna differenziazione di razza. Le firme genetiche di questa popolazione possono essere riconosciute come un contributo a molte razze regionali di cani da pastore europei, tra cui il famoso Pastore Tedesco, e alle molteplici razze di pastori italiani adattate a lavorare nelle regioni pastorali del Nord Italia. L'analisi di ulteriori razze canine regionali amplierà la nostra comprensione degli impatti e delle vie della selezione artificiale, rivelando sempre più interazioni tra coevoluzione umana e canina.



Associazione Tecnica Amatori Volpino Italiano

Vai a:

CONFLITTO D'INTERESSE

Gli autori non hanno alcun conflitto di interessi da dichiarare.

Vai a:

CONTRIBUTI AUTORE

A. e D.L.D. ha contribuito in ugual misura a questo manoscritto, attraverso concettualizzazione, analisi, interpretazione e scrittura, e deve essere considerato co-autore. S.F., S.M., D.B. e R.C. fornito risorse e modifica. M.P. e H.G.P. fornito concettualizzazione e modifica. L. L. e R. C. hanno fornito risorse. G.P. fornito la supervisione dipartimentale. A.C.H. e A.N.H. fornito gestione ed elaborazione dei campioni. E.A.O. e P.C. fornito concettualizzazione, acquisizione di finanziamenti, amministrazione e supervisione di progetti e editing.

RINGRAZIAMENTI

Gli autori sono grati all'ENCI (Club Kennel Italiano) per informazioni utili su razze e quadri, a Beatrice Coizet e Federica Danelli per la preparazione dei campioni, a Marco Galaverni e Elena Fabbri per i campioni di lupo appenninico, a VetoGene per campioni di sangue canino e Associazione degli Affidatari Allevatori del Lupo Italiano per campioni di Lupo Italiano, immagini e informazioni. Ringraziamo anche le associazioni di allevatori del Pastore della Lessinia e del Lagorai, Pastore della Sila, Cane di Mannara, Lupino del Gigante e Cane di Fonnì per campioni e immagini. Finanziamento per E.A.O., D.L.D., H.G.P., A.C.H e A.N.H. è stato fornito dal programma Intramural del National Human Genome Research Institute. Ringraziamo i numerosi proprietari di cani e allevatori che hanno fornito campioni per questo lavoro. La figura 1 è stata utilizzata con il permesso e i relativi crediti fotografici: (a) D. Goldoni, (b) J. Moore, (c) F. Bruno, (d) Associazione degli Affidatari Allevatori del Lupo Italiano, (e) L. Guidobono Cavalchini, (f & u) M. Marziali, (g) Associazione Amici Cane d'Oropa, (h) M. Venturi, (i) C. Ielli, (j & k) Società Italiana Prosegugio, (l) M. Francesconi, (m) A. Schultz, (n) M. Benelli, (o) L. Elli, (p) LAM Caiani, (q) I. Biafora, (r) L. Liotta, (s) E. Alviggi, (t) M. Donadoni, (v) R. Tavola, (w) A. Vaccaro, e (x) A. Iannibelli.

Vai a:

Gli appunti

Talenti A, Dreger DL, Frattini S, et al. Gli studi sulle popolazioni di cani italiani moderni rivelano molteplici modelli per l'evoluzione della razza domestica. *Ecol Evol.* 2018; 8: 2911-2925. <https://doi.org/10.1002/ece3.3842>

Vai a:

RIFERIMENTI



Associazione **Tecnica
Amatori **V**olpino **I**taliano**