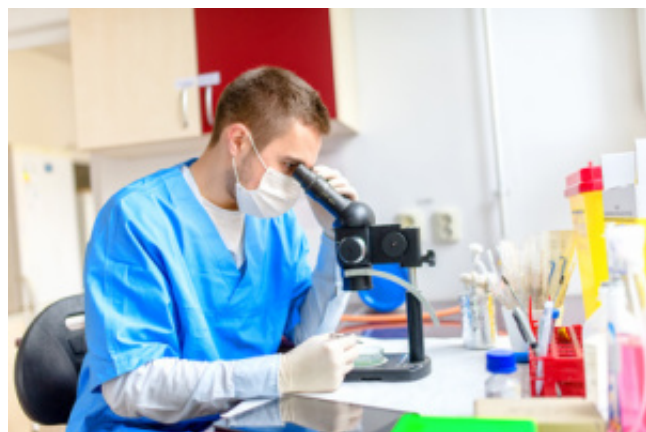




*Un recente studio condotto da ricercatori italiani e statunitensi, pubblicato su Genetics, rivela che il genoma canino funziona come una mappa, dimostrando che gli antenati del cane di Fonni, originario della Sardegna, vivevano nelle stesse aree geografiche da dove migrarono le popolazioni umane Sarde*



Milano, 26 ottobre 2016 – Uno studio dei ricercatori delle Università Statale di Milano, Sassari, Chieti e del National Human Genome Research Institute (USA) evidenzia come il genoma canino funzioni come una mappa, dimostrando che gli antenati del Cane di Fonni, una razza originaria della Sardegna, vivevano nelle stesse aree geografiche da cui migrarono le popolazioni umane Sarde.

Il sequenziamento del genoma del Cane di Fonni ed il confronto dei dati genomici con quelli di altre 27 razze canine ha portato i ricercatori ad individuare un'origine filogenetica comune con il Levriero Persiano (Saluki) e il Komondor, un guardiano di greggi originario dell'Ungheria. Queste evidenze concordano con recenti studi di genetica umana sull'origine dei Sardi.

“La comprensione dell'origine geografica del cane e dell'uomo può fornire un nuovo strumento di comprensione dell'origine genetica di caratteri complessi e di patologie rare in entrambe le specie” dichiara Elaine A. Ostrander, responsabile della ricerca.



Il cane di Fonni

Inoltre, i ricercatori hanno dimostrato che il cane di Fonni condivide caratteristiche genomiche equivalenti a quelle di altre razze riconosciute ed apprezzate, e fornisce una evidenza di come l'isolamento geografico e la selezione antropica per peculiari caratteristiche comportamentali, quali la difesa delle greggi e l'attitudine alla protezione, abbiano contribuito alla formazione di questa originale razza canina. I ricercatori si augurano che queste ricerche possano contribuire alla valorizzazione e conservazione del patrimonio genetico del "Cane di Fonni".

Il gruppo di ricerca italiano è costituito da Paola Crepaldi, Michele Polli e Stefano Marelli del dipartimento di Medicina veterinaria dell'Università degli Studi di Milano, da Raffaella Cocco e Sara Sechi della Sezione di Clinica Medica del dipartimento di Medicina veterinaria dell'Università di Sassari e da Alessandro Di Cerbo dell'Università G. D'Annunzio di Chieti, ha lavorato in collaborazione con i ricercatori del National Human Genome Research Institute (NIH di Bethesda) costituito da Dayna L. Dreger, Brian W. Davis e Hiedi G. Parker coordinati da Elaine A. Ostrander.

*fonte: ufficio stampa (Credit foto: "Gli Antichi Molossi kennel")*