Le origini del Maine Coon: una revisione delle evidenze genetiche e archeogenetiche

© 2026 Andrea Amaroli. Tutti i diritti riservati.

Punti salienti

1. Tutti i gatti domestici derivano da un'unica origine: il gatto selvatico africano (*Felis lybica*), addomesticato nella Mezzaluna Fertile; le componenti selvatiche locali di altre regioni non vi contribuirono (Driscoll et al., 2007; Nilson et al., 2022).

2. L'arrivo del gatto domestico in Europa è più tardo di quanto si riteneva: i dati di DNA antico lo collocano intorno a 2.000 anni fa, non nel Neolitico, con una dispersione dal Nord Africa (De Martino et al., 2025).

3. Le razze feline sono un fenomeno recente: oltre l'85% delle razze è posteriore alla metà del Novecento e, a differenza del cane, sono i gatti di razza a discendere dai comuni gatti random-bred, non il contrario (Kurushima et al., 2013).

4. Il Maine Coon discende da gatti di fattoria del Nord America, a loro volta derivati da gatti europei giunti con i coloni: sono escluse sia l'origine da felidi selvatici americani sia quella asiatica (Nilson et al., 2022; Han et al., 2025).

5. La somiglianza tra Maine Coon e Norvegese delle Foreste è dovuta a convergenza e a comune ascendenza occidentale, non a discendenza diretta: geneticamente formano cluster distinti (Alhaddad et al., 2021; Gandolfi et al., 2018).

6. La razza porta traccia di due effetti fondatori distinti: le linee statunitensi (e alcune europee) condividono l'allele della polidattilia dei gatti "Hemingway", mentre la linea canadese presenta un'origine indipendente (Hamelin et al., 2020). Le popolazioni nazionali restano geneticamente distinguibili: i Maine Coon giapponesi mostrano, oltre al fondo americano atteso, un'immissione di sangue locale assente in quelli statunitensi (Matsumoto et al., 2021).

1. Dalla conquista delle terre emerse ai Felidae

La transizione degli animali dall'ambiente acquatico a quello terrestre costituisce uno dei passaggi cardine nella storia della vita sulla Terra. Gli amnioti — il clade che comprende i Synapsida (i mammiferi e i loro antenati) e i Sauropsida (i rettili, inclusi gli uccelli), al quale appartiene oggi la grande maggioranza dei vertebrati terrestri — ebbero origine nel Carbonifero superiore, intorno a 318 milioni di anni fa (Ma) (Ford & Benson, 2019). La colonizzazione animale delle terre emerse fu tuttavia preceduta, e in larga misura resa possibile, da quella vegetale: le analisi con orologio molecolare collocano la comparsa delle embriofite nell'intervallo compreso tra il Cambriano medio e l'Ordoviciano inferiore (Donoghue et al., 2021). Modificando in profondità i cicli biogeochimici su scala globale, le piante terrestri predisposero gli ecosistemi continentali all'arrivo della fauna (Donoghue et al., 2021).

Tra il Permiano inferiore e il Permiano medio, intorno a 273 Ma, la fauna di tetrapodi continentali subì un profondo ricambio, noto come estinzione di Olson, con la sostituzione delle faune di sinapsidi di grado pelicosauro da parte di faune dominate dai terapsidi (Brocklehurst et al., 2017). Non si trattò di un episodio circoscritto alla linea che avrebbe condotto ai mammiferi, bensì di un evento faunistico a scala globale, il cui carattere di vera estinzione — piuttosto che di semplice avvicendamento — è stato dibattuto ma trova sostegno nelle analisi a fine risoluzione stratigrafica (Brocklehurst et al., 2017). È all'interno dei Synapsida che la linea dei Therapsida, da cui derivano i mammiferi, si diversificò immediatamente dopo questo evento.

Il lungo intervallo che separa questo ricambio dall'origine dei Felidae comprende l'affermazione dei mammiferi nel Mesozoico e la loro radiazione dopo l'estinzione di fine Cretaceo (limite Cretaceo-Paleogene, ~66 Ma), da cui prese avvio la diversificazione dei Placentalia e, con essa, quella dell'ordine dei Carnivora. Le stime filogenetiche datano l'origine dei Carnivora al Paleocene, intorno a 65 Ma, e la divergenza del sottordine Feliformia — che comprende i Felidae e i loro affini — all'Eocene, intorno a 53 Ma (Nyakatura & Bininda-Emonds, 2012).

La storia evolutiva della famiglia Felidae può essere articolata in nodi distinti, ciascuno ancorato a un diverso tipo di evidenza. La prima comparsa fossile di un felide riconosciuto risale al genere *Proailurus*, documentato a partire dall'Oligocene superiore, intorno a 25 Ma, ed è considerato il più antico "vero gatto" (Werdelin et al., 2010). Da uno stock di grado *Proailurus* derivò, nel Miocene inferiore e medio (grosso modo tra 20 e 10 Ma), il complesso parafiletico di grado *Pseudaelurus*, ancestrale rispetto alle linee felidi successive (Werdelin et al., 2010). Da questo stock ebbe origine, nel Miocene inferiore-medio, la sottofamiglia estinta dei Machairodontinae (i felidi dai denti a sciabola), il cui genere più antico è attestato nel Miocene medio (Werdelin et al., 2010). La radiazione del *crown group* dei felidi moderni (sottofamiglie Felinae e Pantherinae) è invece un evento più recente: la filogenesi molecolare di riferimento, calibrata su 16 punti fossili, la colloca a partire da meno di 11 Ma e la articola in otto lineage principali, prodotte attraverso almeno dieci migrazioni intercontinentali favorite dalle oscillazioni del livello del mare (Johnson et al., 2006).

All'interno di questa radiazione, le stime di divergenza collocano la separazione della linea del gatto domestico (genere *Felis*) intorno a 6,2 Ma (Johnson et al., 2006). La tassonomia corrente della famiglia riconosce due sottofamiglie, otto linee, 14 generi e 41 specie — 40 felidi selvatici più il gatto domestico (Kitchener et al., 2017); il genere *Felis* comprende sei specie di piccola taglia diffuse in Europa, Africa e Asia sud-occidentale. La cronologia molecolare della radiazione è in parte in tensione con il registro fossile: i reperti di panterini rinvenuti nell'Himalaya tibetano, riferiti al limite Miocene-Pliocene, indicano un'origine della linea dei Pantherinae più antica di quanto stimato dalle ricostruzioni molecolari, con una quota rilevante degli eventi di divergenza già collocabile nel Miocene (Tseng et al., 2014). Questa discordanza tra l'orologio molecolare e i vincoli paleontologici è coerente con l'osservazione secondo cui il registro fossile dei felidi sottostima sistematicamente l'antichità delle linee (Johnson et al., 2006).

2. Origine e domesticazione del gatto domestico

Il progenitore di tutti i gatti domestici attuali è il gatto selvatico africano (*Felis lybica*, a lungo trattato come sottospecie *F. silvestris lybica*), la cui distribuzione attuale si estende tra il Nord Africa e il Vicino Oriente (De Martino et al., 2025; Driscoll et al., 2007). La domesticazione prese avvio nella Mezzaluna Fertile, in una relazione commensale tra i gatti selvatici e le prime società agricole: il passaggio a un'economia stanziale, con insediamenti e depositi di cereali, attirò i roditori e, con essi, i gatti selvatici che se ne nutrivano (Nilson et al., 2022; Driscoll et al., 2007). I resti felini associati a una sepoltura umana a Cipro, nel sito neolitico di Shillourokambos e datati a circa 9.500 anni fa, costituiscono la più antica evidenza di uno stretto legame fra uomo e gatto: l'assenza di specie feline autoctone sull'isola implica un trasporto intenzionale dal continente (Vigne et al., 2004).

Le analisi genetiche condotte su oltre mille gatti random-bred di prevalente ascendenza eurasiatica hanno delineato una struttura di popolazione riconducibile, su scala mondiale, a un'unica popolazione, con un marcato effetto di isolamento-per-distanza delle sottopopolazioni periferiche (Nilson et al., 2022). In tale quadro, l'eterozigosità delle popolazioni feline diminuisce progressivamente all'aumentare della distanza geografica dall'areale naturale del progenitore *F. lybica*, e il baricentro dell'origine dei gatti domestici si colloca nel Mediterraneo orientale, con successiva diffusione verso le isole vicine e, lungo la costa levantina, verso la Valle del Nilo (Nilson et al., 2022). Il processo fu complesso e prolungato, con linee materne del Vicino Oriente e dell'Egitto che contribuirono, in momenti distinti, al pool genetico dei gatti domestici (Ottoni et al., 2017). Questa ricostruzione, coerente con una dispersione neolitica, è stata tuttavia in parte rivista sulla base di dati archeogenomici più recenti (v. oltre).

La ricostruzione della dispersione verso l'Europa è stata infatti ridefinita dall'analisi di DNA antico. Lo studio di 70 gatti antichi provenienti da siti europei e anatolici, insieme a 17 gatti selvatici moderni, ha prodotto un transetto genomico esteso agli ultimi 11.000 anni (De Martino et al., 2025). Secondo questo lavoro — un risultato singolo e recentissimo, che rivede il consenso precedente su un punto centrale e va quindi considerato come tale — gli individui del Neolitico e del Calcolitico dell'Europa sud-orientale e dell'Anatolia, datati tra 9.500 e 6.300 anni fa e in precedenza attribuiti a *F. lybica* sulla base del solo mtDNA, erano in realtà gatti selvatici *F. silvestris* i cui antenati si erano ibridati con *F. lybica* (De Martino et al., 2025). Il gatto più antico riconducibile con certezza al cluster genetico domestico in Europa proviene dal sito di Genoni, in Sardegna, ed è datato a circa 2.200 anni fa; tutti gli altri gatti archeologici europei di quel cluster sono datati a partire da circa 2.000 anni fa (De Martino et al., 2025). Questi dati collocano l'arrivo del gatto domestico in Europa diversi millenni più tardi di quanto ritenuto, riconoscendo almeno due ondate di introduzione, con una dispersione a partire dal Nord Africa non più tardi di 2.000 anni fa (De Martino et al., 2025). Va notato che questa cronologia tardiva è in tensione con il contributo di linee vicino-orientali ed egiziane in epoca neolitica proposto da Ottoni et al. (2017): la conciliazione delle due letture resta una questione aperta.

Che le componenti selvatiche locali di altre regioni non abbiano contribuito in modo sostanziale alla forma domestica è la premessa da cui si conclude l'origine unica dal gatto selvatico africano. In Cina, i dati del DNA antico documentano oltre 3.500 anni di commensalismo tra l'uomo e il gatto leopardo, ma i gatti domestici vi furono introdotti solo attraverso i mercanti della Via della Seta, circa 1.400 anni fa (Han et al., 2025). Il gatto selvatico cinese, classificato su base genomica come conspecifico del gatto selvatico (*Felis silvestris bieti*), non prese parte alla domesticazione in Asia orientale (Yu et al., 2021).

Un ultimo elemento, pertinente all'esclusione di contributi selvatici locali che sarà ripresa a proposito del Maine Coon, riguarda i rapporti tra il gatto domestico e il gatto selvatico europeo (*Felis silvestris silvestris*), con cui il primo ha convissuto in Europa per almeno 2.000 anni. L'analisi di genomi antichi mostra che, nonostante la lunga coabitazione, l'incrocio tra le due forme rimase estremamente limitato — meno del 10% di ascendenza selvatica — a causa di differenze comportamentali ed ecologiche che agirono da barriera all'ibridazione (Jamieson et al., 2023). Tale isolamento riproduttivo si è eroso solo in tempi recenti per effetto delle attività antropiche: nel gatto selvatico scozzese l'introgressione massiccia da parte del gatto domestico è iniziata a partire dalla fine degli anni Cinquanta del Novecento (Howard-McCombe et al., 2023).

3. La nascita delle razze e la struttura genetica delle popolazioni feline

La domesticazione, per quanto profonda nei suoi effetti demografici e distributivi, non alterò in modo sostanziale la morfologia del gatto: a differenza di quanto avvenne nel cane, i gatti domestici moderni conservano caratteri molto vicini a quelli del progenitore selvatico (Ottoni et al., 2017; Nilson et al., 2022). La marcata diversificazione morfologica oggi osservabile fra i gatti è un fenomeno recente e artificiale, riconducibile non alla domesticazione in sé, bensì alla successiva selezione operata dall'uomo attraverso la *cat fancy* (allevamento amatoriale a fini espositivi).

Le razze feline, infatti, costituiscono un'istituzione recente. Oltre l'85% delle circa 40-50 razze riconosciute è emerso nel periodo successivo alla metà del Novecento, principalmente attraverso la selezione su tratti estetici a controllo monogenico (Kurushima et al., 2013). Il punto di partenza convenzionale è la prima esposizione felina, tenutasi a Londra nel 1871 e limitata a poche razze; alla data dello studio di riferimento, la Cat Fanciers' Association riconosceva 41 razze e la International Cat Association 57 (Kurushima et al., 2013). Poiché molti dei fenotipi selezionati — lunghezza del pelo, disegno e colore del mantello — sono tratti monogenici già presenti a frequenze da basse a moderate nella popolazione non pedigree, le razze furono in larga parte costituite fissando per selezione varianti già circolanti tra i gatti comuni (Kurushima et al., 2013).

Ne discende una differenza cruciale rispetto al cane, con implicazioni dirette sulla ricostruzione delle origini della razza. Mentre il cane random-bred medio è tipicamente un incrocio derivato da più linee di pedigree, nel gatto vale il contrario: sono gli stock di pedigree a discendere dai comuni gatti di strada provenienti da specifiche aree geografiche (Kurushima et al., 2013). Le popolazioni random-bred rappresentano dunque il serbatoio ancestrale da cui le razze sono state estratte, e non il loro prodotto. È inoltre utile distinguere fra razze *landrace* o naturali, formate a partire da popolazioni locali, e razze fondate sulla fissazione di una singola mutazione: nelle seconde, il ristretto numero di fondatori accentua gli effetti della deriva genetica e della consanguineità.

La struttura genetica delle razze riflette questa storia recente e la relativa debolezza delle barriere riproduttive tra alcune di esse. L'analisi della variazione genetica su 38 razze mediante marcatori STR (microsatelliti) e su 24 razze mediante SNP mostra che la definizione delle popolazioni di razza copre un ampio spettro di robustezza (Menotti-Raymond et al., 2008). L'eterozigosità media di razza, stimata sugli STR, varia da valori moderati (0,53 in Havana e Korat) a valori elevati (0,85 nel Norvegese delle Foreste e nel Manx), e la maggior parte della variazione risiede all'interno delle popolazioni di razza (83,7%) piuttosto che tra di esse (16,3%) (Menotti-Raymond et al., 2008). L'esistenza di 16 razze non risolvibili in popolazioni indipendenti è conseguenza dell'incrocio tra razze consolidate e razze di più recente sviluppo che ne condividono l'ascendenza (Menotti-Raymond et al., 2008).

Su una scala geografica più ampia, le analisi genomiche organizzano le razze lungo un continuum da occidente a oriente, che riflette le popolazioni ancestrali random-bred da cui derivano (Kurushima et al., 2013). Le razze naturali o storiche tendono a conservare la firma genetica delle popolazioni locali d'origine, mentre le razze di più recente e intensa selezione estetica possono discostarsene in modo marcato. Un caso paradigmatico è il Persiano: pur essendo tra le razze più antiche, ha perso la firma filogeografica originaria del Vicino Oriente e oggi si raggruppa con i gatti random-bred dell'Europa occidentale (Lipinski

et al., 2008). La sua morfologia distintiva è il prodotto di una selezione mirata: lo studio dei segnali di selezione nel Persiano, condotto su oltre 800 gatti, ha individuato regioni genomiche candidate a spiegare la faccia brachicefalica che ne costituisce il tratto identitario (Bertolini et al., 2016).

4. Il Maine Coon come caso di studio

4.1 Origine

Prima di esaminare le evidenze, conviene distinguere tre accezioni di "origine" della razza, spesso confuse: la popolazione fondatrice da cui deriva, la data di formalizzazione dello standard, e il momento di formazione del suo cluster genetico. Le ipotesi storiche sull'origine del Maine Coon si possono raggruppare come segue: (i) discendenza da felidi selvatici americani; (ii) ibridazione con il procione (*Procyon lotor*) — da cui il nome "coon" — o con la lince rossa (*Lynx rufus*); (iii) derivazione da gatti a pelo lungo di tipo asiatico giunti via mare; (iv) discendenza dal gatto norvegese delle foreste. Le ipotesi (i) e (ii) sono prive di fondamento biologico: il procione è un procionide e non può ibridarsi con un felide, e tutti i gatti domestici derivano dall'unica linea di *F. lybica* (Driscoll et al., 2007; Nilson et al., 2022). Le altre due sono discusse di seguito.

Il Maine Coon si è originato da gatti randagi rurali delle fattorie di diversi stati degli Stati Uniti nord-orientali, tra cui il Maine (Hamelin et al., 2020). La taglia grande e la maturazione tardiva sono state interpretate come adattamenti al clima rigido di quell'ambiente (Wójcik & Piechowska, 2025); va tuttavia sottolineato che nessuno studio ha testato questa ipotesi adattativa — manca un confronto fra popolazioni nordamericane random-bred provenienti da regioni fredde e temperate, e una datazione dell'insorgenza della taglia rispetto alla formazione dello standard. Come si vedrà (§4.2), l'unico dato sperimentale disponibile sostiene piuttosto l'amplificazione della taglia per selezione. Non esiste, inoltre, uno studio dedicato che ricostruisca in modo esaustivo l'origine storica profonda della razza: le evidenze disponibili sono indirette e derivano da ricerche su tratti specifici.

I gatti di fattoria da cui discende il Maine Coon non erano autoctoni del Nord America, bensì discendenti dei gatti domestici europei giunti con i coloni. Le analisi della struttura di popolazione mostrano che i gatti delle Americhe presentano un profilo genetico tipico dei gatti dell'Europa occidentale, da cui derivano strettamente (Nilson et al., 2022). I gatti domestici popolarono le Americhe soltanto con l'arrivo degli europei nel XVI secolo: un intervallo troppo breve perché potesse instaurarsi una divergenza sostanziale (Nilson et al., 2022). Lo stock fondatore del Maine Coon risale quindi, in ultima analisi, al gatto selvatico africano *F. lybica*, e non a felidi selvatici americani (Driscoll et al., 2007; Nilson et al., 2022) — il che, unito all'assenza di ascendenza selvatica locale già discussa per il gatto europeo (§2), esclude l'ipotesi (i). Anche l'ipotesi (iii) di una componente asiatica risulta cronologicamente insostenibile: i gatti domestici raggiunsero la Cina solo circa 1.400 anni fa attraverso la Via della Seta (Han et al., 2025; Yu et al., 2021).

Resta l'ipotesi (iv), la discendenza dal Gatto Norvegese delle Foreste, cui il Maine Coon somiglia per taglia e pelo lungo. Anche in questo caso, i dati genetici non offrono sostegno a una discendenza diretta e collocano la somiglianza tra le due razze su un piano diverso. Il Norvegese delle Foreste e il Maine Coon appartengono allo stesso raggruppamento delle razze occidentali, derivate dalle popolazioni random-bred dell'Europa occidentale (Kurushima et al., 2013). Entrambe presentano un'eterozigosità relativamente

elevata, coerente con una costituzione da *landrace* ampia; il Norvegese, in particolare, mostra una delle più basse definizioni di popolazione e un'eterozigosità media tra le più alte registrate (0,85) (Menotti-Raymond et al., 2008). Il Maine Coon, pur condividendo l'origine da *landrace*, forma tuttavia un cluster genetico ben definito e distinto (Alhaddad et al., 2021; Gandolfi et al., 2018): l'eterozigosità elevata e il cluster definito non sono in contraddizione, poiché la prima misura la diversità interna alla razza e la seconda la sua separazione dalle altre razze. La somiglianza fra le due razze si spiega dunque come convergenza sotto pressioni ambientali analoghe ed eredità del comune fondo occidentale, non come filiazione.

La ricostruzione più solida delle linee fondatrici proviene dallo studio sulla polidattilia condotto su una coorte di 75 Maine Coon polidattili e non, appartenenti a linee europee, canadesi e statunitensi (Hamelin et al., 2020). L'analisi della struttura di popolazione (algoritmo STRUCTURE su 339 gatti) ha collocato i Maine Coon in due sottopopolazioni geneticamente distinte, indicative di effetti fondatori separati; va però segnalato che questa sottostruttura può riflettere in parte il disegno di campionamento, basato sulla selezione per stato polidattilo e per linea (Hamelin et al., 2020). L'allele Hw della polidattilia — una variante nell'enhancer ZRS (una sequenza regolatrice del gene SHH attiva nell'abbozzo dell'arto), condivisa con i gatti randagi statunitensi detti "Hemingway" — è stato identificato esclusivamente nel sottogruppo di linee fondate su soggetti polidattili americani, a sostegno di un effetto fondatore comune (Hamelin et al., 2020). I gatti polidattili della linea canadese, privi di qualsiasi allele di polidattilia noto, costituiscono un secondo effetto fondatore indipendente (Hamelin et al., 2020). Occorre precisare che questi due effetti fondatori riguardano linee di allevamento distinte, e non sono in contraddizione con l'evidenza — discussa più avanti — di un'origine unica della razza al locus MYBPC3: i due piani descrivono fenomeni diversi, la struttura interna delle linee da un lato, l'ascendenza comune a un singolo locus dall'altro.

La storia della razza non fu di completo isolamento genetico. La stessa analisi genomica su 1022 gatti di pedigree e random-bred del Giappone e degli Stati Uniti ha mostrato che le due popolazioni nazionali di Maine Coon sono geneticamente distinguibili (Matsumoto et al., 2021). Come atteso per una razza di origine statunitense, i soggetti giapponesi presentano lignaggi riconducibili alla popolazione americana; tuttavia, la componente genetica maggioritaria dei random-bred giapponesi è stata rilevata nei Maine Coon giapponesi ma non in quelli americani, a indicare un'immissione di sangue locale (outcrossing con gatti giapponesi o est-asiatici) sovrapposta al fondo americano (Matsumoto et al., 2021). Ulteriore documentazione sulle introgressioni recenti proviene dall'introduzione del carattere "occhi blu dominanti" (DBE) in almeno cinque linee distinte, ciascuna con origine fondatrice diversa (Abitbol et al., 2024).

4.2 Rapporti con le altre razze

Collocato nel quadro della struttura genetica delle popolazioni feline (§3), il Maine Coon appartiene al gruppo delle razze occidentali derivate dai random-bred dell'Europa occidentale, insieme, tra le altre, a Norvegese delle Foreste e Persiano (Kurushima et al., 2013; Lipinski et al., 2008). Questa comune ascendenza regionale non implica però una parentela stretta ed esclusiva: all'interno del raggruppamento occidentale, ciascuna razza forma un cluster distinto.

Che Maine Coon e Norvegese delle Foreste costituiscano due linee geneticamente distinte è stabilito dai dati di struttura di popolazione, che le assegnano a cluster separati (Alhaddad et al., 2021; Gandolfi et al., 2018). A questa distinzione genetica si affiancano — come dati descrittivi, non come prova di discendenza — differenze fenotipiche fra le due razze contemporanee: la classe morfometrica ("giant" contro "large"; Kienzle & Moik, 2011), il peso alla nascita (115 g contro 106 g; Moik & Kienzle, 2011) e la dimensione media della cucciolata (5,5 contro 4,2-4,5; Romagnoli et al., 2019). Tali differenze in tratti quantitativi non possono, di per sé, testare un'ipotesi di discendenza — due razze possono differire in questi parametri ed essere comunque in rapporto ancestrale — ma completano il quadro di due popolazioni oggi ben differenziate.

Il confronto con il persiano segue la medesima logica di ascendenza condivisa ma con linee distinte. Entrambe le razze si collocano all'estremità occidentale del continuum genetico, ma vi formano cluster separati: la famiglia persiana (Persiano, British Shorthair, Scottish Fold, Selkirk Rex) costituisce un gruppo compatto, mentre il Maine Coon forma un cluster singolo (Alhaddad et al., 2021; Gandolfi et al., 2018). Il fenotipo a pelo lungo, comune a entrambe, è determinato dal gene FGF5, per il quale sono note quattro mutazioni recessive indipendenti, verosimilmente insorte in popolazioni geograficamente isolate (Kehler et al., 2007). La più diffusa, c.475A>C, è condivisa dalla maggior parte delle razze a pelo lungo, Persiano e Maine Coon inclusi, e indica un'origine comune dell'allele del pelo lungo, non una divergenza fra le due razze (Kehler et al., 2007). Il Maine Coon porta inoltre la mutazione c.474delT, condivisa con il Ragdoll (Kehler et al., 2007), e una quinta variante missenso a bassa frequenza (c.577G>A, in circa il 3% dei soggetti), identificata solo in questa razza (Shaffer et al., 2021); data la frequenza modesta, quest'ultima non è determinante del pelo lungo né una firma diagnostica, ma un marcatore accessorio. La distinzione fra Maine Coon e Persiano non poggia dunque sul gene del pelo lungo — che, anzi, condividono — bensì sulla loro assegnazione a cluster separati.

Anche i caratteri a base patologica, letti come marcatori dei rapporti fra le razze e non come dati clinici, confermano l'identità autonoma del Maine Coon. La mutazione MYBPC3 A31P, associata alla cardiomiopatia ipertrofica, è ritenuta specifica del Maine Coon e compatibile con un unico effetto fondatore per la razza, piuttosto che con una trasmissione tra razze; in un campione delle Isole Britanniche la sua prevalenza è risultata del 39,4% (Fries et al., 2008; Casamián-Sorrosal et al., 2014). Trattandosi di uno screening ad adesione volontaria, il valore va inteso come stima, possibilmente sovrarappresentativa, e non come prevalenza di razza; la mutazione ha inoltre penetranza incompleta. La sua sostanziale assenza in altre razze ne conferma comunque il valore quale firma distintiva (Fries et al., 2008). Un secondo esempio è l'entropion, verso cui risultano sovrarappresentati sia i Persiani sia i Maine Coon, ma con basi conformazionali opposte: nei Maine Coon a localizzazione temporale, in relazione alle guance prominenti; nei Persiani a localizzazione mediale, in relazione alla brachicefalia (Bott & Chahory, 2022). Trattandosi di una casistica retrospettiva di 129 gatti in totale, con numerosità per razza limitata, l'associazione e la spiegazione conformazionale vanno considerate come interpretazioni su base campionaria contenuta. Lo stesso fenotipo emerge dunque in due razze per vie indipendenti, a riprova della loro distinzione.

© 2026 Andrea Amaroli. Tutti i diritti riservati.

Bibliografia

Abitbol, M., Dufaure de Citres, C., Rudd Garces, G., Lühken, G., Lyons, L. A., & Gache, V. (2024). Different founding effects underlie dominant blue eyes (DBE) in the domestic cat. *Animals, 14*(13), 1845. https://doi.org/10.3390/ani14131845

Bertolini, F., Gandolfi, B., Kim, E. S., Haase, B., Lyons, L. A., & Rothschild, M. F. (2016). Evidence of selection signatures that shape the Persian cat breed. *Mammalian Genome, 27*(3–4), 144–155. https://doi.org/10.1007/s00335-016-9623-1

Bott, M. M. P., & Chahory, S. (2022). Epidemiology and clinical presentation of feline presumed hereditary or breed-related ocular diseases in France: a retrospective study of 129 cats. *Journal of Feline Medicine and Surgery, 24*(12), 1274–1282. https://doi.org/10.1177/1098612X221080598

Brocklehurst, N., Day, M. O., Rubidge, B. S., & Fröbisch, J. (2017). Olson's Extinction and the latitudinal biodiversity gradient of tetrapods in the Permian. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 284*(1852), 20170231. https://doi.org/10.1098/rspb.2017.0231

Casamián-Sorrosal, D., Chong, S. K., Fonfara, S., & Helps, C. (2014). Prevalence and demographics of the MYBPC3-mutations in ragdolls and Maine coons in the British Isles. *Journal of Small Animal Practice, 55*(5), 269–273. https://doi.org/10.1111/jsap.12201

De Martino, M., et al. (2025). The dispersal of domestic cats from North Africa to Europe around 2000 years ago. *Science, 390*(6674), eadt2642. https://doi.org/10.1126/science.adt2642

Donoghue, P. C. J., Harrison, C. J., Paps, J., & Schneider, H. (2021). The evolutionary emergence of land plants. *Current Biology, 31*(19), R1281–R1298. https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.07.038

Driscoll, C. A., Menotti-Raymond, M., Roca, A. L., Hupe, K., Johnson, W. E., Geffen, E., … Macdonald, D. W. (2007). The Near Eastern origin of cat domestication. *Science, 317*(5837), 519–523. https://doi.org/10.1126/science.1139518

Drögemüller, C., Rüfenacht, S., Wichert, B., & Leeb, T. (2007). Mutations within the FGF5 gene are associated with hair length in cats. *Animal Genetics, 38*(3), 218–221. https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2007.01590.x

Ford, D. P., & Benson, R. B. J. (2019). The phylogeny of early amniotes and the affinities of Parareptilia and Varanopidae. *Nature Ecology & Evolution, 4*(1), 57–65. https://doi.org/10.1038/s41559-019-1047-3

Fries, R., Heaney, A. M., & Meurs, K. M. (2008). Prevalence of the myosin-binding protein C mutation in Maine Coon cats. *Journal of Veterinary Internal Medicine, 22*(4), 893–896. https://doi.org/10.1111/j.1939-1676.2008.0113.x

Gandolfi, B., Alhaddad, H., Abdi, M., Bach, L. H., Creighton, E. K., Davis, B. W., … Lyons, L. A. (2018). Applications and efficiencies of the first cat 63K DNA array. *Scientific Reports, 8*, 7024. https://doi.org/10.1038/s41598-018-25438-0

Hamelin, A., Conchou, F., Fusellier, M., Duchenij, B., Vieira, I., Filhol, E., … Abitbol, M. (2020). Genetic heterogeneity of polydactyly in Maine Coon cats. *Journal of Feline Medicine and Surgery, 22*(12), 1103–1113. https://doi.org/10.1177/1098612X20905061

Han, Y., Hu, S., Liu, K., Xu, X., Li, Z., Doherty, S., … Luo, S.-J. (2025). The late arrival of domestic cats in China via the Silk Road after 3,500 years of human–leopard cat commensalism. *Cell Reports*. (dettagli di volume/pagine da confermare)

Howard-McCombe, J., Jamieson, A., Carmagnini, A., et al. (2023). Genetic swamping of the critically endangered Scottish wildcat was recent and accelerated by disease. *Current Biology, 33*(21), 4761–4769. https://doi.org/10.1016/j.cub.2023.08.026

Jamieson, A., Carmagnini, A., Howard-McCombe, J., et al. (2023). Limited historical admixture between European wildcats and domestic cats. *Current Biology, 33*(21), 4751–4760. https://doi.org/10.1016/j.cub.2023.08.031

Johnson, W. E., Eizirik, E., Pecon-Slattery, J., Murphy, W. J., Antunes, A., Teeling, E., & O'Brien, S. J. (2006). The late Miocene radiation of modern Felidae: a genetic assessment. *Science, 311*(5757), 73–77. https://doi.org/10.1126/science.1122277

Kehler, J. S., David, V. A., Schäffer, A. A., Bajema, K., Eizirik, E., Ryugo, D. K., … Menotti-Raymond, M. (2007). Four independent mutations in the feline fibroblast growth factor 5 gene determine the long-haired phenotype in domestic cats. *Journal of Heredity, 98*(6), 555–566. https://doi.org/10.1093/jhered/esm072

Kienzle, E., & Moik, K. (2011). A pilot study of the body weight of pure-bred client-owned adult cats. *British Journal of Nutrition, 106*(S1), S113–S115. https://doi.org/10.1017/S0007114511000926

Kitchener, A. C., Breitenmoser-Würsten, C., Eizirik, E., Gentry, A., Werdelin, L., Wilting, A., … Tobe, S. (2017). A revised taxonomy of the Felidae: the final report of the Cat Classification Task Force of the IUCN/SSC Cat Specialist Group. *Cat News, Special Issue 11*, 1–80.

Kurushima, J. D., Lipinski, M. J., Gandolfi, B., Froenicke, L., Grahn, J. C., Grahn, R. A., & Lyons, L. A. (2013). Variation of cats under domestication: genetic assignment of domestic cats to breeds and worldwide random-bred populations. *Animal Genetics, 44*(3), 311–324. https://doi.org/10.1111/age.12008

Lipinski, M. J., Froenicke, L., Baysac, K. C., Billings, N. C., Leutenegger, C. M., Levy, A. M., … Lyons, L. A. (2008). The ascent of cat breeds: genetic evaluations of breeds and worldwide random-bred populations. *Genomics, 91*(1), 12–21. https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2007.10.009

Low, M., Eksell, P., Högström, K., Olsson, U., Audell, L., & Ohlsson, Å. (2019). Demography, heritability and genetic correlation of feline hip dysplasia and response to selection in a health screening programme. *Scientific Reports, 9*, 17164. https://doi.org/10.1038/s41598-019-53904-w

Matsumoto, Y., Ruamrungsri, N., Arahori, M., Ukawa, H., Ohashi, K., Lyons, L. A., & Ishihara, G. (2021). Genetic relationships and inbreeding levels among geographically distant populations of Felis catus from Japan and the United States. *Genomics, 113*(1), 104–110. https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2020.11.020

Menotti-Raymond, M., David, V. A., Pflueger, S. M., Lindblad-Toh, K., Wade, C. M., O'Brien, S. J., & Johnson, W. E. (2008). Patterns of molecular genetic variation among cat breeds. *Genomics, 91*(1), 1–11. https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2007.10.009

Moik, K., & Kienzle, E. (2011). Birth weight and postnatal growth of pure-bred kittens. *British Journal of Nutrition, 106*(S1), S32–S34. https://doi.org/10.1017/S0007114511000481

Nilson, S. M., Gandolfi, B., Grahn, R. A., Kurushima, J. D., Lipinski, M. J., Randi, E., … Lyons, L. A. (2022). Genetics of randomly bred cats support the cradle of cat domestication being in the Near East. *Heredity, 129*(6), 346–355. https://doi.org/10.1038/s41437-022-00568-4

Nyakatura, K., & Bininda-Emonds, O. R. P. (2012). Updating the evolutionary history of Carnivora (Mammalia): a new species-level supertree complete with divergence time estimates. *BMC Biology, 10*, 12. https://doi.org/10.1186/1741-7007-10-12

Ottoni, C., Van Neer, W., De Cupere, B., Daligault, J., Guimaraes, S., Peters, J., … Geigl, E.-M. (2017). The palaeogenetics of cat dispersal in the ancient world. *Nature Ecology & Evolution, 1*, 0139. https://doi.org/10.1038/s41559-017-0139

Romagnoli, S., Bensaia, C., Ferré-Dolcet, L., et al. (2019). Fertility parameters and reproductive management of Norwegian Forest Cats, Maine Coon, Persian and Bengal cats raised in Italy: a questionnaire-based study. *Journal of Feline Medicine and Surgery, 21*(12), 1188–1197. https://doi.org/10.1177/1098612X18824181

Shaffer, G. D., Ballif, B. C., Meurs, K. M., Shaffer, L. G., & Flores-Smith, H. (2021). Identification of a novel missense mutation in the fibroblast growth factor 5 gene associated with longhair in the Maine Coon Cat. *Human Genetics, 140*(11), 1517–1523. https://doi.org/10.1007/s00439-021-02373-1

Tseng, Z. J., Wang, X., Slater, G. J., Takeuchi, G. T., Li, Q., Liu, J., & Xie, G. (2014). Himalayan fossils of the oldest known pantherine establish ancient origin of big cats. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 281*(1774), 20132686. https://doi.org/10.1098/rspb.2013.2686

Vigne, J.-D., Guilaine, J., Debue, K., Haye, L., & Gérard, P. (2004). Early taming of the cat in Cyprus. *Science, 304*(5668), 259. https://doi.org/10.1126/science.1095335

Werdelin, L., Yamaguchi, N., Johnson, W. E., & O'Brien, S. J. (2010). Phylogeny and evolution of cats (Felidae). In D. W. Macdonald & A. J. Loveridge (Eds.), *Biology and conservation of wild felids* (pp. 59–82). Oxford University Press.

Wójcik, W., & Piechowska, M. (2025). Reproductive results of selected cat breeds. *Life, 15*(7), 1128. https://doi.org/10.3390/life15071128

Yu, H., Xing, Y.-T., Meng, H., He, B., Li, W.-J., Qi, X.-Z., … Luo, S.-J. (2021). Genomic evidence for the Chinese mountain cat as a wildcat conspecific (Felis silvestris bieti) and its introgression to domestic cats. *Science Advances, 7*(26), eabg0221. https://doi.org/10.1126/sciadv.abg0221