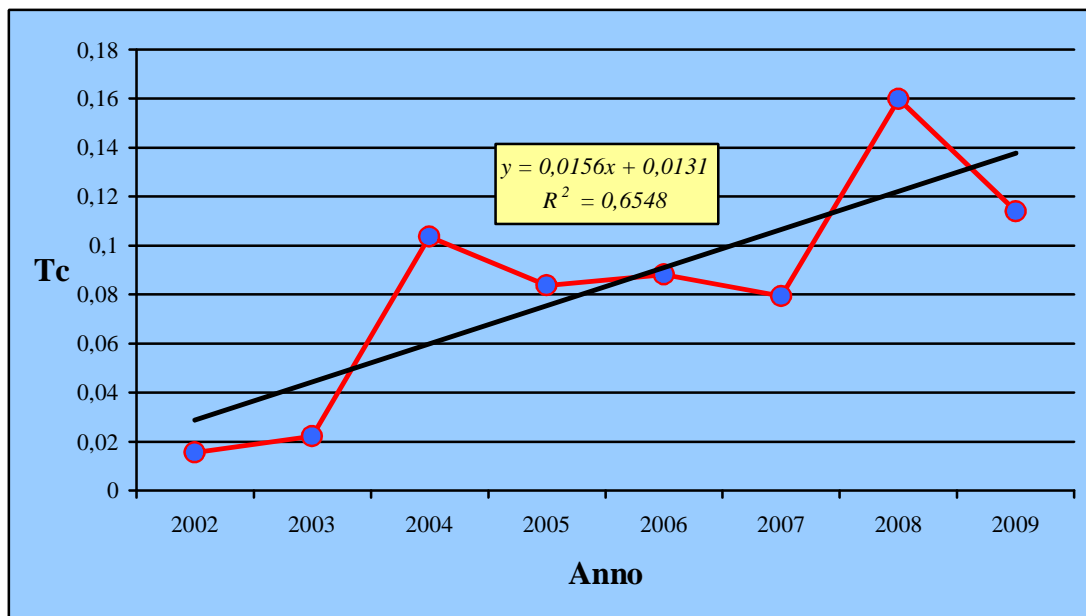


## Capitolo 6

### DISCUSSIONE

#### 6.1 FATTE GEOREFERENZIATE – TASSO DI CAMPIONAMENTO

Il Tasso di campionamento annuale, risultante dal rapporto tra il numero di deposizioni fecali ritrovate ed i chilometri percorsi, presenta un andamento molto variabile, come mostrato dal **Graf. 6.1.1.** Di fatto il chilometraggio dei percorsi standardizzati è stato costante per i primi sei anni di monitoraggio, con alcuni cambiamenti solo negli ultimi due anni, ma il numero di campioni raccolti ha mostrato invece una crescita piuttosto evidente dalle 7 fatte del 2002 (primo anno di monitoraggio) fino alle 101 del 2008 (penultimo anno di monitoraggio considerato nel presente studio).



**Graf. 6.1.1** Tasso di campionamento con linea di tendenza

Possiamo perciò capire come anche il Tasso di campionamento sia aumentato durante gli anni, corrispondentemente all'aumento dei campioni reperiti, con picchi nel 2004 e nel 2008 seguiti da flessioni.

Le cause di questo andamento potrebbero essere essenzialmente due: 1. l'aumento del numero di lupi presenti nell'area di studio (la cui immediata conseguenza è la maggiore facilità di

ritrovamento fatte); 2. una differenza nel “rendimento” degli operatori coinvolti nel monitoraggio sulla base della maggior esperienza e maggior conoscenza del territorio, in relazione alla presenza della specie, acquisita nel corso del tempo. La prima di queste ipotesi è poco perseguibile poiché l’area di studio è già “densamente” occupata e non presenta ulteriori spazi che consentano la formazione di nuovi nuclei stabili (Lucchesi, 2010; *com. pers.*); è altresì vero che un aumento del numero di individui per branco sarebbe poco rispecchiabile attraverso il Tc, poiché le fatte generalmente trovate sono quelle di marcatura della coppia alfa, inoltre un fenomeno del genere dovrebbe essere stato rilevato anche tramite le altre tecniche di monitoraggio (wolf-howling, snow-tracking, reperimento di predazioni su selvatici, aumento dei danni da lupo nelle aree limitrofe al Parco Nazionale), cosa che non si è verificata. La seconda ipotesi, legata al “fattore umano”, sembra più attendibile: gli operatori (agenti del CFS e volontari specializzati) sono spesso cambiati durante gli anni e inizialmente non è avvenuta una vera “standardizzazione” incentrata sulla raccolta dei campioni fecali. I percorsi stabiliti non sono stati effettuati, in particolare dal personale CFS, con il solo scopo di monitoraggio della popolazione di lupo, per evidenti difficoltà di organizzazione degli orari di lavoro, ma anche per motivi di vigilanza o altro; tale fattore ha sovente portato ad una percorrenza dei transetti ad intervalli temporali non ben definiti. Sicuramente queste circostanze hanno influenzato il rendimento della raccolta nel corso degli anni.

## 6.2 SPOSTAMENTI DEGLI INDIVIDUI GENOTIPIZZATI ED USO DELLO SPAZIO

Le 78 deposizioni che hanno consentito l’estrazione di DNA, poi analizzato con successo, hanno rilevato la presenza di 30 genotipi differenti, nel territorio d’indagine, dal 2002 al 2008 (**Tab. 5.2.1**). Di essi 17 genotipi sono stati ricampionati più volte, alcuni anche in anni diversi, e possiamo ipotizzare che essi appartengano a branchi, con territori definiti, all’interno dell’area di studio. Per gli altri 13 genotipi “singoli” possiamo ipotizzare l’appartenenza ad individui in dispersione o che sono stati presenti nell’area occasionalmente o per periodi limitati, ma questo argomento sarà trattato nel paragrafo 6.3.

Dai valori ottenuti per gli spostamenti compiuti dai 17 individui ricampionati nel corso degli anni di monitoraggio, e dai nuclei di localizzazione fatte (individuati tramite analisi di Kernel al 95 %) possiamo arrivare ad ipotizzare la presenza di un certo numero di branchi nell’area di studio, supponendo in via prudenziale le dimensioni degli *home ranges* da essi probabilmente occupati.

Gli spostamenti dei singoli individui presentano un valore medio di 2.061 m, con massimo di 8.188 m (**Tab. 5.2.2**). Dare un valore alle dimensioni di un *home range* sulla base di dati di questo tipo non è possibile, in quanto essi non possono essere rappresentativi dell'intero territorio di un branco (di alcuni genotipi abbiamo individuato solo due localizzazioni geografiche). Da dire però che gli spostamenti di individui che hanno mostrato una certa fedeltà al territorio nel corso degli anni, potrebbero essere contenuti all'interno di un'area ben definita (a meno che non ci troviamo di fronte a spostamenti "cospicui" che un branco o un individuo isolato possono comunque compiere per diverse ragioni). Rispetto a studi effettuati, anche in Italia, con individui radio collarati, possiamo registrare, nella nostra area di studio, un valore medio negli spostamenti piuttosto limitato (Ciucci *et al.*, 1997), ma ciò è comprensibile vista la "metodologia" di raccolta che si basa sulla percorrenza di percorsi standard ed il controllo dei cosiddetti "punti di marcatura". E' ovvio che una siffatta metodica di campionamento è finalizzata al monitoraggio genetico, non alla comprensione accurata degli spostamenti effettuati dai singoli individui.

Un modo migliore per arrivare a supporre i territori frequentati ed a stimarne le dimensioni è l'individuazione, tramite il metodo statistico di Kernel, dei siti all'interno dei quali si concentrano le deposizioni fecali (Walton *et al.*, 2001). Misurando, tramite GIS, le aree sottese dalle isoplete al 95%, ovvero le porzioni di territorio nelle quali sono state reperite il 95% delle deposizioni fecali, abbiamo ottenuto, per il periodo 2002 – 2010, una superficie di 119,72 km<sup>2</sup>. Questo è un dato globale, che non tiene conto delle variazioni che possono essere avvenute nel corso del tempo nella composizione e nella collocazione dei branchi. Le deposizioni fecali considerate appartengono sicuramente ad individui di branchi diversi, ognuno con un suo territorio.

Visto che, sia considerando i valori degli spostamenti degli individui genotipizzati "stabili" nel corso del tempo, sia andando ad analizzare le dimensioni dei nuclei di concentrazione delle deposizioni fecali, non si può arrivare ad una stima del numero di branchi presenti e ad una loro collocazione all'interno dell'area di studio, possiamo arrivare ad un'ipotesi di questo tipo incrociando tutti i dati elaborati a nostra disposizione: spostamenti, zone di concentrazione fatte e genetica.

Osserviamo da prima gli spostamenti compiuti dai singoli genotipi (**Fig. 5.3.7**):

- zona di Poggio Pratovecchio – S. Paolo in Alpe, a Nord della Riserva Naturale Integrale di Sasso Fratino, con **4 genotipi** che si susseguono con una certa costanza negli anni: **WFO27M (2004-2008)**, **WFO8F (2004-2008)**, **WFO88F (2006)**, **WFO57F (2004-2006)**;

- zona di Campigna, a Nord-Ovest di Sasso Fratino, **3 genotipi**: **WFO3M (2004-2005)**, **WFO5F (2004-2006)**, **WFO86M (2007)**;
- zona di Pietrapazza, a Est del lago di Ridracoli e di Sasso Fratino, con **3 genotipi**: **WFO9F (2004)**, **WFO59F (2006)**, **WFO60M (2004-2005)**;
- zona di Badia Prataglia, posta più a Sud, con **2 genotipi**: **WFO126F (2008)**, **WFO105M (2007-2008)**.

Tali genotipi mi individuano delle aree di spostamento comuni, che non si sovrappongono mai fra loro. Da ciò si potrebbe quindi avanzare l'ipotesi che si tratti di 4 rami distinti con territori disposti, almeno in parte, nelle aree nominate prima. Da notare, però, la presenza di un genotipo, il WFO34M, presente negli anni 2007-2008 in un'ampia zona a Sud di Sasso Fratino che non può essere associato ad uno degli ipotetici rami utilizzando le informazioni derivanti dagli spostamenti.

Andando a considerare la collocazione dei nuclei di concentrazione delle deposizioni fecali raccolte possiamo ancora ipotizzare la presenza di 4 rami (**Fig. 5.3.7**), con territori approssimativamente contenuti nell'area sottesa dall'isopleta al 95%, ed *home ranges* supposti di superficie media di 29,93 km<sup>2</sup>. In uno studio precedente in prossimità di Sasso Fratino, ma condotto in un'area più ristretta, sul versante romagnolo, è stato ipotizzato un valore medio di *home range* di 22 km<sup>2</sup> (Cicotti, 2005), valore non molto differente dal nostro. Nella seguente tabella citiamo le dimensioni medie degli *home range* per la specie lupo, in diversi contesti ambientali e geografici (**Tab. 6.2.1**).

	<b>SUPERFICIE HOME RANGE</b>
Nord America (Mech <i>et al.</i> 1977)	220 km <sup>2</sup>
Minnesota USA (White <i>et al.</i> 1996)	125-310 km <sup>2</sup>
Alaska (Peterson <i>et al.</i> 1984)	638 km <sup>2</sup>
Polonia (Theuerkauf <i>et al.</i> 2003)	205 km <sup>2</sup>
Slovacchia (Findo <i>et al.</i> 2004)	146-191 km <sup>2</sup>
Croazia (Kusak <i>et al.</i> 2005)	150 km <sup>2</sup>
Abruzzo (Ciucci <i>et al.</i> 1997)	197 km <sup>2</sup>
Foreste Casentinesi-versante toscano-dati medi (Gambogi, 1998)	44 km <sup>2</sup>
Foreste Casentinesi-versante romagnolo-dati medi (Cicotti, 2005)	22 km <sup>2</sup>
Foreste Casentinesi-Riserve Biogenetiche-dati medi ( <i>presente studio</i> )	29,93 km <sup>2</sup>

**Tab. 6.2.1** Valori medi negli *home range* di varie popolazioni di lupo

Le dimensioni degli *home range* sono molto maggiori in Alaska, i valori minimi invece si riscontrano in Italia.

In Alaska una delle prede principali del lupo è il caribù (*Rangifer tarandus*), un animale migratore, così, per sfruttare al meglio questa fonte trofica, anche il lupo è diventato migratore, spostandosi stagionalmente insieme alle prede ed mostrando di fatto *home ranges* di dimensioni maggiori; in Canada, usando la radio telemetria, sono stati registrati spostamenti di lupi dai quali risultavano *home ranges* di 63.058 km<sup>2</sup> (Walton *et al.* 2001). Nell'emisfero paleartico occidentale, alle latitudini maggiori, i branchi sono più grandi, dai 4 ai 10 individui, ma le densità sono comunque molto basse: 0,1-2 capi/100 km<sup>2</sup> (Peterson *et al.* 1984).

Secondo Apollonio *et al.* (2004) esiste una relazione fra latitudine, il numero di individui di un branco (che aumenta con la latitudine), e la densità (che diminuisce con la latitudine): sulla base di questa teoria, per l'Italia, si dovrebbero riscontrare piccoli branchi ed alte densità di popolazione, e così in effetti è osservato.

Rimanendo in Italia tutti e tre i valori citati in **Tab. 6.2.1** per gli *home range*, registrati nel corso degli anni e di diverse ricerche nel territorio delle Foreste Casentinesi, sono nettamente minori rispetto ai valori riferiti all'Abruzzo. Le cause potrebbero risiedere in una maggiore disponibilità di prede nelle Foreste Casentinesi (Apollonio *et al.* 2004), dove anche un piccolo territorio è sufficiente per il sostentamento di tutti i membri del branco.

Analizzando le risultanze ottenute con la “*Kernel analysis*” sui dati dei singoli anni (dal 2004 al 2009; **Fig. 5.3.1 – 5.3.6**), possiamo notare nuclei di concentrazione delle deposizioni fecali abbastanza diversi nel corso del periodo di monitoraggio. Un nucleo presente tutti gli anni è quello nella zona di Poggio Pratovecchio – S. Paolo in Alpe, a Nord di Sasso Fratino, del quale sono noti anche i genotipi di cui sopra; il nucleo di Campigna, a Ovest, è ben definito, sulla base dei dati analizzati, solo nel 2004, nel 2005 e nel 2007; quello nella zona di Pietrapazza, a Est, è individuabile solo negli anni 2004 e 2006; nella zona a Sud di Sasso Fratino la situazione è più confusa, nei diversi anni appaiono diversi e molteplici nuclei di concentrazione di fatte. Paragonare questi cambiamenti a variazioni dei territori dei branchi non è possibile, poiché, come visto per l'elaborazione complessiva (**Fig. 5.3.7**), servono più localizzazioni degli stessi genotipi per poter ipotizzare i possibili confini dei territori, ed i campioni disponibili per i singoli anni sono troppo pochi. Inoltre c'è da sottolineare come tali risultanze dipendano, in maniera forse determinante, dalle campagne di raccolta, effettuate anno per anno, a volte secondo un piano di campionamento legato troppo alle ed alla

“disponibilità” degli operatori coinvolti; se i percorsi standard subiscono delle variazioni, nelle aree di nuovo monitoraggio potranno risultare nuovi nuclei, ma ciò non dipende dalla presenza effettiva di nuovi individui sul territorio ma da una non perfetta standardizzazione del metodo; il contrario succede se percorsi standard sono eliminati da un anno all’altro o effettuati solo come rilievo di singoli punti di marcatura, considerati “sicuri” per la raccolta di campioni. Come risulta dall’analisi dei chilometri percorsi per il monitoraggio (**Tab. 5.1.1**), nel 2008 sono stati effettuati più transetti ma nell’anno 2009 alcuni di questi sono stati scarsamente percorsi. La possibilità di paragonare i dati dei diversi anni dipende anche dal tempo che è trascorso ogni anno per effettuare due volte lo stesso percorso, come già accennato nel paragrafo 6.1; quindi dalla “standardizzazione” della raccolta fatte dipende il tasso di campionamento ed anche la bontà dei dati elaborabili. Certe emergenze che abbiamo rilevato nel corso dell’analisi di essi denotano, con tutta probabilità, alcuni problemi di “gestione” delle operazioni di rilievo sul campo: è proprio nel 2008 che appare un nucleo molto ben definito nella zona di Badia Prataglia (**Fig. 5.3.5**), sul confine Sud delle Riserve, tale nucleo, negli anni precedenti, si riesce solo ad intuire (**Figg. 5.3.2 – 5.3.4**). Come interpretare tale situazione? Altro esempio potrebbe essere il nucleo di Campigna, a Ovest di Sasso Fratino, zona dove in tutti gli anni sono state trovate delle fatte, ma con una numerosità annuale che varia notevolmente (**Figg. 5.3.1 – 5.3.6**). Queste variazioni probabilmente non dipendono da una diversa frequentazione delle aree da parte dei lupi, ma da una differente intensità di raccolta (paragrafo 6.1).

Nella **Fig. 5.3.8** abbiamo evidenziato, per la zona di Sasso Fratino, le *core area* supposte per i branchi di lupo presenti, ancora con il metodo di Kernel, considerando, però, le isoplete che racchiudevano il 50 % delle deposizioni fecali. Possiamo evincere da quest’analisi due nuclei: uno a Nord di Sasso Fratino (zona Poggio Pratovecchio – S. Paolo in Alpe, come visto in precedenza), ed uno sul confine Sud, all’interno del quale ricadono 4 genotipi. Per quest’ultimo non abbiamo, però, riscontrato spostamenti degni di nota, per questo motivo, in precedenza, questo nucleo di deposizioni non è stato considerato un possibile branco distinto; per esso, in pratica, non abbiamo un *pool* di dati analizzabili sufficienti ad una sua precisa definizione. In conclusione si evince che la Riserva Naturale Integrale di Sasso Fratino è frequentata sicuramente da un branco ben definito, per il quale abbiamo una serie di riscontri incrociati: tale branco mostra un territorio disposto a Nord della Riserva, che si estende da Poggio Pratovecchio verso Ovest, fino all’interno della Riserva Naturale Biogenetica di Campigna (**Fig. 5.3.7**). Come si evidenziava in precedenza, altri individui genotipizzati nel

corso degli anni, sono collocati presso il confine Sud della Riserva, per essi, però, non abbiamo risultanze sufficienti a definire se essi siano organizzati come nucleo riproduttivo.

### 6.2.1 RELAZIONI PARENTALI

Aspetto molto importante riguarda le parentele fra i diversi lupi genotipizzati. Su questo argomento possiamo citare quanto pubblicato da Mencucci *et al.* (in: Caniglia *et al.* 2006), con l'individuazione di alcuni "pedigree" tra i genotipi nella nostra area di studio. Questi dati possono essere comparati con le ipotesi sul numero di branchi fatte in precedenza.

I genotipi evidenziati in grassetto sono contenuti nel nostro database; le denominazioni dei branchi sono stabilite all'interno della pubblicazione citata e non sempre coincidono con le denominazioni utilizzate nel presente lavoro.

#### Branco San Paolo in Alpe

- nel 2005 si sono riprodotti **WFO8F** e **WFO27M**. I cuccioli sono WFO76M, WFO87M, **WFO88F**, **WFO91M**, WFO92M, **WFO93M**.
- nel 2006 si è riprodotta la stessa coppia. L'unico cucciolo è WFO122F.

#### Branco Sasso – Fratino Lama

- nel 2003 si sono riprodotti **WFO9F** e WFO2M. L'unico cucciolo è WFO59F.
- nel 2004 si è riprodotta la stessa coppia. I cuccioli sono **WFO60M**, **WFO62M**, WFO63F, **WFO80M**.

#### Branco Camaldoli

- nel 2003 si sono riprodotti WFO24F e WFO19M. I cuccioli sono WFO33M e WFO43M.
- nel 2006 si sono riprodotti WFO24F e **WFO34M**. I cuccioli sono WFO101M e **WFO121M**.

#### Branco Falterona

- nel 2003 si sono riprodotti **WFO5F** e **WFO3M**. I cuccioli sono WFO37M e **WFO38F**.
- nel 2005 si è riprodotta la stessa coppia. L'unico cucciolo è WFO99M.
- nel 2006 si sono riprodotti WFO5F e **WFO86M**. I cuccioli sono WFO106M e WFO107M.

I genotipi del **Branco di San Paolo** coincidono con quelli ritrovati a Nord di Sasso Fratino, a Poggio Pratovecchio e nella Riserva di Campigna. I genitori WFO8F e WFO27M, la coppia

alfa, sono stati ricampionati per più anni consecutivi (2004-2008), mentre i 3 cuccioli WFO88F, WFO91M e WFO93M sono stati trovati più volte ma solo durante l'anno 2006, primo anno dopo la loro nascita. Questo potrebbe significare che una volta adulti sono andati in dispersione.

I genotipi del **Branco di Sasso Fratino – Lama** coincidono con quelli ritrovati nella zona di Pietrapazza, a Est di Sasso Fratino. Il genotipo della femmina alfa WFO9F è stato ritrovato più volte nell'anno 2004. Il genotipo del figlio WFO60M nato nel 2004 è stato trovato negli anni 2004 e 2005, mentre WFO62M e WFO80M sono stati trovati solo una volta, rispettivamente nel 2005 e nel 2004. Quindi anche in questo caso i genotipi di questi 3 figli dopo un anno dalla nascita non sono più stati ritrovati.

Del **Branco di Camaldoli** noi abbiamo trovato solo 2 genotipi, quello del maschio alfa WFO34M, nel 2007 e nel 2008, e del suo figlio nato nel 2006, WFO121M, trovato solo nel 2007. Questi sono i genotipi trovati sul confine Sud di Sasso Fratino. Il territorio di questo branco si trova quindi almeno in parte nella zona a Sud di Sasso Fratino, area della quale ci mancavano dati sufficienti per poter ipotizzare la presenza di un branco.

I genotipi del **Branco di Falterona** coincidono con quelli trovati nel area di Campigna, a Ovest di Sasso Fratino. I genitori del 2003 e 2005 WFO5F e WFO3M sono stati trovati nel 2004 e 2005, la femmina anche nel 2006. In questo anno si è accoppiata con un nuovo maschio alfa, WFO86M, che è stato trovato 2 volte nell'anno 2007. Il maschio alfa sostituito probabilmente è stato espulso dal branco, oppure, non avendo più il diritto di marcare il territorio, le sue deposizioni fecali non sono più stati trovati.

Questi 4 branchi che si riproducono e quindi difendono un loro territorio coincidono quasi perfettamente con quelli la quale presenza è stata ipotizzata da noi. L'unica divergenza si trova nella zona a Sud delle Riserve, verso Badia Prataglia. I genotipi ritrovati più volte in questa area nei nostri dati non compaiono nel lavoro di Mencucci *et al.* (2006), mentre i genotipi del branco di Camaldoli hanno riscontro nei nostri dati poche volte, nell'area centrale delle Riserve dove abbiamo segnalato una lacuna di deposizioni genotipizzate. Quindi sono possibili due ipotesi:

- un unico branco con un territorio disposto in tutta la zona sud delle Riserve; i branchi da noi ipotizzati coinciderebbero quindi con i 4 branchi citati da Mencucci *et al.* (2006) ed i genotipi WFO126F e WFO105M farebbero quindi parte del branco di Camaldoli (non appaiono, però, nel *pedigree* del 2003 e del 2006; Mencucci *et al.* 2006).



- due branchi distinti: il branco di Camaldoli, con territorio più centrale alle Riserve, ed un altro branco con un territorio disposto più ad Est; ne risulterebbe la presenza di 5 branchi ed una stima delle dimensioni degli *home range* più ridotta, di 23,94 km<sup>2</sup>.

Emerge, dallo studio che abbiamo compiuto, come il lupo sia una specie (e come essa molti altri grandi Mammiferi) che è monitorabile in maniera sensata ed utile per fini conservazionistici e gestionali, solo su tutto il suo areale di diffusione ed incrociando dati di campo deducibili da studi sia di tipo genetico che ecologico. Analisi parziali danno risultanze parziali, a volte difficilmente interpretabili.

### 6.3 STIMA DEMOGRAFICA DELLA POPOLAZIONE

Infine abbiamo cercato di stimare la popolazione di lupi presente nell'area di studio usando l'*Indice di Lincoln – Petersen (Metodo di Cattura-Marcatura-Ricattura)*. Abbiamo ottenuto un valore medio di 29,57 individui (**Tab. 5.4.1**), che, rispetto all'area sottesa dall'isopleta al 95 % (**Fig. 5.3.7**), riconduceva ad una densità di 0,25 capi/100 ha, ovvero a 25 capi/100 km<sup>2</sup>. Apollonio *et al.* (2004) aveva calcolato per le Foreste Casentinesi una densità di 4,7 capi/100 km<sup>2</sup>, valore circa 5 volte inferiore. La causa di questa nostra sovrastima è che l'Indice di Lincoln-Petersen dà una stima demografica corretta per popolazioni chiuse; il lupo però è un animale che può compiere spostamenti notevoli, nello spazio e nel tempo, in particolare per quanto riguarda gli individui giovani in dispersione alla ricerca di un nuovo territorio. Un esempio è il lupo chiamato “Ligabue”, sopravvissuto ad un investimento stradale ed in seguito munito di radiocollare, che ha compiuto una migrazione dall'Appennino settentrionale (Emilia) fino alle Alpi Marittime (Ciucci *et al.* 2005).

In uno studio condotto da Gula *et al.* (2009) su un area di 5.000 km<sup>2</sup> in Polonia sono stati paragonati i genotipi dei 39 lupi di tutta l'area di studio e non è stata trovata nessuna struttura genetica “spaziale”, quindi si conclude che ci sia un'alta frequenza di migrazioni all'interno dell'intera area.

Per quanto riguarda il numero di individui che compongono un branco, in Sud-Europa sono generalmente 3-6 (Apollonio *et al.* 2004). Con il numero medio di 4,5 individui per branco si può dare una seconda stima demografica: se sono presenti 4-5 branchi nel area di studio, ne risulterebbe un numero di 18-22,5 individui facenti parte di branchi, quindi “residenti” in questa area, valore più in linea con i recenti studi effettuati che hanno seguito la metodologia di stima della popolazione del wolf-howling (Boscagli *et al.* 2002).