

# Progetto di ricerca sulla distribuzione ed ecologia di martora e faina nel Parco Nazionale della Val Grande

A cura di: Andrea Mosini e Alessandro Balestrieri

## Premessa

Nel periodo ottobre - dicembre 2014 è stata condotta dalla Valgrande Società Cooperativa un'indagine preliminare sulla presenza e distribuzione di mustelidi nel Parco Nazionale della Val Grande; la ricerca si è rivolta alle specie degli habitat forestali: martora, faina, tasso e donnola.

Durante questo bimestre sono stati raccolti, mediante l'utilizzo di 21 fototrappole attivate con attrattori odorosi specifici, 149 eventi di cattura riguardanti tre specie (martora, faina e tasso) delle quattro specie oggetto di indagine.

Nel 73,2 % degli eventi di cattura si è riusciti a determinare la specie "osservata" dallo strumento fotografico (67,1 % faina, 4,7 % martora e 1,3 % tasso); nel restante 26,8 % invece, le immagini o i video sfuocati o scuri, non hanno permesso di distinguere se il mustelide fosse una martora o una faina.

La ricerca si è protratta in 11 località fino ad Aprile, permettendo così la raccolta di ulteriori osservazioni di mustelidi andando così a completare il quadro della distribuzione dei mustelidi nel Parco.

Dai dati attualmente disponibili la faina è la specie maggiormente diffusa nell'area protetta, presente nel 95 % delle località mentre per martora e tasso sembra che la distribuzione sia più frammentata e localizzata, corrispondente al 15 % e 9,5 % dei punti di campionamento.

Per la martora, inserita nell'allegato V della Direttiva Habitat, si tratta delle prime segnalazioni recenti nel territorio del Parco e tra le poche disponibili per l'intera provincia VCO.

Le due specie del genere *Martes* sono molto simili e le risposte ecologiche che si verificano in seguito alla competizione per le risorse spaziano dalla coesistenza (Pilot *et al.*, 2007), alla segregazione di habitat (Delibes, 1983), alla esclusione di una delle due specie. Quest'ultimo scenario sembra delinearsi nella pianura piemontese e lombarda dove, mediante tecniche di genetica non invasiva, sono state monitorate due aree in cui la martora sembra avere sostituito completamente la faina, tradizionalmente presente (Balestrieri *et al.*, 2009).

I risultati ottenuti sino a questo momento in aree agricole suggeriscono che la competizione per le risorse alimentari entro il *guild* (gruppo ecologico) dei carnivori di media dimensione possa giocare un ruolo fondamentale nel regolare le interazioni tra le due specie del genere *Martes* (Remonti *et al.*, 2012). Tali meccanismi sono tuttavia ancora lontani dall'essere chiariti.

Le conoscenze sulla distribuzione relativa delle due specie in ambiente prealpino e alpino sono tuttora molto scarse (Sindaco e Carpegna, 2010) e insufficienti per trarre alcuna conclusione sui rapporti ecologici intercorrenti tra i due mustelidi.

Il proseguimento della ricerca avviata nel 2014 nel territorio del Parco potrebbe permettere di ampliare le conoscenze sulla distribuzione e sulle relazioni ecologiche intercorrenti tra martora e faina.

## Obiettivi della ricerca

Sulla base di quanto sopra esposto, risulta di estremo interesse approfondire le conoscenze sulla distribuzione del genere *Martes* nel territorio del Parco, associando al fototrappolaggio un ulteriore metodo di campionamento che permetta di investigare in modo estensivo l'area protetta e di confermare o perfezionare il quadro di distribuzione e di abbondanza relativa sinora acquisito. Più in dettaglio, la ricerca intende:

1. delineare più precisamente la distribuzione delle due specie nel Parco;
2. analizzare, in un'area campione rappresentativa della diversità ambientale del Parco, le preferenze ecologiche e il grado di sovrapposizione di nicchia spaziale e temporale di martora e faina;
3. testare un metodo di identificazione individuale di faina e martora basato sulla analisi della forma e del pattern caratteristico delle macchie golari e sottogolari, con lo scopo di stimare un valore di densità minimo per l'area di studio;
4. definire lo spettro trofico delle singole specie e il grado di sovrapposizione delle rispettive nicchie trofiche.

## Materiali e Metodi

Per raggiungere gli obiettivi prefissati, saranno utilizzati due metodi complementari di campionamento: il fototrappolaggio, già sperimentato con successo nel 2014 e nei primi mesi del 2015, e il censimento genetico non invasivo.

### *Fototrappolaggio* (obiettivo 2, 3)

Il fototrappolaggio sarà applicato in un'area di studio intensivo, identificata con la Val Pogallo (bacini imbriferi del Rio Pogallo, Rio Pobbì e Rio Pianezzoli) e la valle de Il Fiume, per un totale di circa 39,3 km<sup>2</sup> (26% dell'area protetta). L'area prescelta è rappresentativa dei principali habitat (faggeta, castagneto, betulleto-bosco di invasione, praterie alpine, macereti) e fasce di quota del territorio protetto, è risultata occupata da entrambe le specie target, ed è inoltre favorevole dal punto di vista logistico per la presenza della foresteria di Cicogna e di bivacchi.

L'area di studio sarà suddivisa secondo una griglia di 1 km di lato, posizionando, compatibilmente con la presenza di vie di accesso percorribili (rete sentieristica) una foto trappola per ogni maglia del reticolo (si stima di poter collocare complessivamente 24-26 fototrappole).

Come già sperimentato nel 2014, la foto trappola verrà attivata tramite un attrattore per permettere l'acquisizione di immagini di qualità sufficiente a determinare la specie sulla base dei caratteri fenotipici diagnostici.

Per permettere l'identificazione individuale l'attrattore sarà posizionato ad una distanza fissa di 2,5 m, sospendendolo ad una struttura appositamente predisposta per costringere l'animale ad ergersi sulle zampe posteriori mostrando verso l'obiettivo la testa e la macchia di gola e sottogola.

Lo studio si protrarrà da luglio a metà ottobre, coincidente con il periodo di maggiore attività degli animali; gli attrattori saranno rinnovati mensilmente e, contestualmente, si provvederà alla sostituzione delle batterie e all'archiviazione dei dati memorizzati.

### *Censimento genetico* (obiettivi 1, 4)

Lo sviluppo relativamente recente delle tecniche di amplificazione del DNA ha consentito di analizzare con successo quantità sempre più ridotte di materiale biologico, aprendo in questo modo la strada ad applicazioni di grande interesse. Le analisi genetiche di campioni biologici non invasivi (che non implicano la cattura degli animali), quali le feci, i peli e i secreti anali, costituiscono un esempio che può rivelarsi di eccezionale utilità per lo studio e la conservazione di specie minacciate.

In particolare, utilizzando per l'estrazione del DNA porzioni di feci "fresche", è possibile identificare in modo certo la specie di appartenenza, ottenendo così informazioni preziose a livello di distribuzione, di spettro trofico, di consistenza delle popolazioni e di dimensioni delle aree vitali (Prigioni *et al.*, 2006a, 2006b). Questo metodo si rivela di grande utilità per martora e faina, le cui feci sono tra di loro indistinguibili e possono essere confuse con quelle di altri mesocarnivori simpatici.

Lo studio comporterà quindi la ricerca sistematica, lungo transesti di lunghezza nota, di feci fresche attribuibili al genere *Martes*. I transesti, scelti in modo da essere rappresentativi delle diverse tipologie ambientali presenti, saranno caratterizzati mediante rilevamento dei principali parametri ambientali.

Nell'area di studio intensivo, i transesti saranno percorsi con cadenza mensile al fine di valutare le preferenze ecologiche delle due specie e confrontare i risultati con quelli ottenuti tramite il fototrappolaggio. Nel rimanente territorio protetto i transesti saranno principalmente finalizzati all'affinamento del quadro di distribuzione ottenuto nel 2014 e nei primi mesi del 2015.

I campioni fecali raccolti saranno georeferenziati mediante GPS e conservati in etanolo al 99%. Il DNA estratto da ciascun campione sarà inviato al laboratorio del Dipartimento di Zoologia e Biologia cellulare della Facoltà di Farmacia dell'Università dei Paesi Baschi, Spagna, per identificare con certezza la specie di origine tramite un metodo PCR RFLP (Polymerase Chain Reaction – Restriction Fragment Length Polymorphism) recentemente predisposto (Ruiz-Gonzales *et al.*, 2008) e applicato con successo nel Parco fluviale del Po (Balestrieri *et al.*, 2008, 2009) e nel Parco del Ticino (Balestrieri *et al.*, 2015).

Una porzione di ciascun campione raccolto sarà inoltre analizzata al fine di identificare e quantificare i resti indigeriti, secondo metodiche standardizzate (Balestrieri *et al.*, 2005; Remonti *et al.*, 2007; Prigioni *et al.*, 2008), che permettono di stimare l'importanza relativa nella dieta di ciascuna componente alimentare sia in termini di frequenza di utilizzo che di volume percentuale. Le analisi permetteranno di definire lo spettro trofico delle singole specie e il grado di sovrapposizione delle rispettive nicchie trofiche.

## **Risultati attesi**

L'elaborazione dei dati ottenuti comprenderà la sovrapposizione di dati di distribuzione e ambientali in ambiente GIS per definire un quadro dell'ecologia delle specie che comprenderà:

- distribuzione delle popolazioni di martora e faina (incluse aree al di sopra del limite del bosco non incluse nell'indagine 2014);
- uso del habitat;
- segregazione ecologica e spaziale delle due specie in relazione al grado di competizione per le risorse.

L'analisi degli spettri trofici permetterà di valutare:

- spettro trofico di martora e faina in relazione alle caratteristiche ambientali delle diverse aree di studio;
- grado di sovrapposizione della nicchia trofica nelle diverse situazioni ambientali;
- ruolo della competizione alimentare nella ripartizione a piccola e media scala di martora e faina.

La ricerca avrà ricadute scientifiche di grande interesse anche in considerazione della limitata letteratura attualmente disponibile per l'Italia e del carattere di innovazione delle tecniche utilizzate. La messa a punto di un metodo affidabile di identificazione individuale basato sull'analisi di immagini da foto trappole è attualmente tra gli obiettivi di altri gruppi di ricerca, incluso il Mammal Research Institute di Bialowieza (Polonia), con il quale si intende avviare un progetto di collaborazione.

I risultati ottenuti saranno mensilmente sintetizzati tramite brevi report divulgativi (sul modello di quelli redatti nel 2014) che potranno essere diffusi attraverso i media del Parco e saranno oggetto di pubblicazione su riviste scientifiche internazionali.

La ricerca sarà coordinata dal Dr. Andrea Mosini, Cooperativa Valgrande, e dal Dr. Alessandro Balestrieri, ricercatore del Dipartimento di Bioscienze dell'Università di Milano.