

Piano Regionale di Monitoraggio
Appendice metodologica sull'indagine campionaria

Sommario

1. Premessa	1
2. Elenco delle specie associate a indagine campionaria	1
3. Mappe di idoneità	5
4. Procedimento statistico di estrazione delle celle	6
5. Celle di monitoraggio estratte	12
6. Stima dei parametri di popolazione per l'indagine campionaria	14

1. Premessa

La presente relazione rappresenta parte integrante del I Piano Regionale di Monitoraggio (PRM) quale approfondimento metodologico della strategia di monitoraggio basata sull'indagine campionaria

I paragrafi seguenti riportano la descrizione delle fasi in cui si articola l'applicazione di tale strategia di monitoraggio, in sintesi:

1. individuazione delle specie a cui associare il campionamento statistico (secondo la procedura già descritta nella parte generale del PRM) ed eventuali raggruppamenti di specie che permettono una riduzione dello sforzo di campionamento;
2. procedimento per la costruzione delle mappe di idoneità, utilizzate come informazione ausiliaria per l'estrazione del campione statistico di tutte le specie sottoposte ad indagine campionaria;
3. piano di campionamento adottato, che ha come fine quello di stimare la superficie occupata e il numero di individui dalle diverse specie selezionate per l'indagine campionaria;
4. procedura di estrazione delle celle tramite codice del software R appositamente creato;
5. metodologia statistica applicata per la stima dei parametri di popolazione per l'indagine campionaria.

Questo approccio, di natura adattativa, è stato perfezionato attraverso un'applicazione sperimentale nel 2023 su un *subset* di specie *target* nell'ambito del progetto COMBI, conducendo alla sua versione definitiva. La presente relazione documenta anche questo primo test applicativo del metodo.

Si precisa che le tabelle della presente relazione riportano per le specie target i codici H/R e i nomi scientifici attuali.

2. Elenco delle specie associate a indagine campionaria

Le specie target del PRM associate ad indagine campionaria sono in totale 129. Sulla base delle esigenze ecologiche e delle metodologie di campionamento, alcune specie sono state raggruppate. Per tali specie sono state realizzate mappe di idoneità comuni ed è realizzata un'unica estrazione di celle da campionare (si veda *Tabella 2.1.*).

La scelta di raggruppare alcune specie è finalizzata a ridurre lo sforzo di campionamento. Il raggruppamento consente un risparmio di personale tecnico esperto da coinvolgere nel monitoraggio, di tempo (giorni/uomo) e, pertanto, anche una riduzione dei costi.

Tabella 2.1. Elenco delle specie associate a indagine campionaria e raggruppate (evidenziate con colori diversi) in base alle esigenze ecologiche di ciascun taxon.

codice	taxon group	nome scientifico	nome italiano	gruppi per estrazione unica	n. estrazioni	
R701	A	<i>Bufo bufo</i>	Rospo comune	R701-H5358-H6976	6	
H6962	A	<i>Bufo balearicus</i>	Rospo smeraldino italiano	H6962		
H5358	A	<i>Hyla intermedia</i>	Raganella italiana	R701-H5358-H6976		
H6976	A	<i>Pelophylax esculentus</i>	Rana di lessona	R701-H5358-H6976		
H1209	A	<i>Rana dalmatina</i>	Rana agile	H1209-R717-H1167		
H1206	A	<i>Rana italica</i>	Rana appenninica	H1175-H1206		
H1213	A	<i>Rana temporaria</i>	Rana temporaria	H1213-R738		
R717	A	<i>Lissotriton vulgaris</i>	Tritone punteggiato	H1209-R717-H1167		
R738	A	<i>Ichthyosaura alpestris</i>	Tritone alpino	H1213-R738		
R719	A	<i>Salamandra salamandra</i>	Salamandra pezzata	R719		
H1175	A	<i>Salamandrina perspicillata</i>	Salamandrina settentrionale	H1175-H1206		
H1167	A	<i>Triturus carnifex</i>	Tritone crestato	H1209-R717-H1167		
R801	R	<i>Anguis fragilis</i>	Orbettino	R801-H5670-H1256		3
H1283	R	<i>Coronella austriaca</i>	Colubro liscio	H1283-H6091-H5179-H1250-R815-R816		
H5670	R	<i>Hierophis viridiflavus</i>	Biacco	R801-H5670-H1256		
R806	R	<i>Natrix natrix</i>	Natrice dal collare	R806-H1292-H1220		
H1292	R	<i>Natrix tessellata</i>	Natrice tassellata	R806-H1292-H1220		
H6091	R	<i>Zamenis longissimus</i>	Saettone	H1283-H6091-H5179-H1250-R815-R816		
H5179	R	<i>Lacerta bilineata</i>	Ramarro	H1283-H6091-H5179-H1250-R815-R816		
H1256	R	<i>Podarcis muralis</i>	Lucertola muraiola	R801-H5670-H1256		
H1250	R	<i>Podarcis siculus</i>	Lucertola campestre	H1283-H6091-H5179-H1250-R815-R816		
R815	R	<i>Chalcides chalcides</i>	Luscengola	H1283-H6091-H5179-H1250-R815-R816		
R816	R	<i>Vipera aspis</i>	Vipera comune	H1283-H6091-H5179-H1250-R815-R816		
H1220	R	<i>Emys orbicularis</i>	Testuggine palustre	R806-H1292-H1220	14	
H1026	I	<i>Helix pomatia</i>	Chiocciola degli orti	H1026-R4455		
R4455	I	<i>Retinella olivetorum</i>		H1026-R4455		
R3940	I	<i>Coenagrion pulchellum</i>	Damigella variabile	R3940		
R3975	I	<i>Sympetrum depressiusculum</i>	Cardinale padano	H1060-R3975		
R1336	I	<i>Cicindela majalis</i>	Cicindela di maggio	R1336-R1489		
R4554	I	<i>Duvalius spp. (group)</i>	Carabo cieco	R4554		
R1612	I	<i>Poecilus pantanellii</i>	Pterostico di Pantanelli	R1612-R1665		
R1489	I	<i>Nebria psammodes</i>		R1336-R1489		
R1665	I	<i>Stomis bucciarellii</i>	Pterostico di Bucciarelli	R1612-R1665		
H1088	I	<i>Cerambyx cerdo</i>	Cerambice della quercia	H1088-R1739-R1741-H1083		
R1739	I	<i>Cerambyx miles</i>	Cerambice della quercia minore	H1088-R1739-R1741-H1083		
R1741	I	<i>Cerambyx welensii</i>	Cerambice della quercia meridionale	H1088-R1739-R1741-H1083		
H1087	I	<i>Rosalia alpina</i>	Rosalia alpina	H1087		
H1084	I	<i>Osmoderma eremita</i>	Scarabeo odoroso	H1084-R2116		
R2116	I	<i>Elater ferrugineus</i>	Ferretto arancio	H1084-R2116		
H1083	I	<i>Lucanus cervus cervus</i>	Cervo volante	H1088-R1739-R1741-H1083		
R2416	I	<i>Hydrophilus piceus</i>		H1053-H6943-R2416		
H6199	I	<i>Euplagia quadripunctaria</i>	Falena dell'edera	H1076-H6199		
H1060	I	<i>Lycaena dispar</i>	Licena delle paludi	H1060-R3975		
H1058	I	<i>Maculinea arion</i>	Licena azzurra del timo	H1058		
R3206	I	<i>Maculinea rebeli</i>	Licena azzurra della genza minore	H1057-R3206		
H1057	I	<i>Parnassius apollo</i>	Apollo	H1057-R3206		
H6943	I	<i>Zerynthia cassandra</i>		H1053-H6943-R2416		

codice	taxon group	nome scientifico	nome italiano	gruppi per estrazione unica	n. estrazioni	
H1053	I	<i>Zerynthia polyxena</i>	Zerinzia	H1053-H6943-R2416		
H1076	I	<i>Proserpinus proserpina</i>	Proserpina o Sfinge dell'Epilobio	H1076-H6199		
H1040	I	<i>Stylurus flavipes</i>	Gonfo zampegialle	H1040		
H1333	M	<i>Tadarida teniotis</i>	Molosso del Cestoni	H1309-H1327-H5365-H2016-H1333		
H1308	M	<i>Barbastella barbastellus</i>	Barbastello	H1308	4	
H1327	M	<i>Eptesicus serotinus</i>	Serotino	H1309-H1327-H5365-H2016-H1333		
H5365	M	<i>Hypsugo savii</i>	Pipistrello di Savi	H1309-H1327-H5365-H2016-H1333		
H1314	M	<i>Myotis daubentonii</i>	Vespertilio di Daubenton	H1314-H1326-H1329-H1330-H1322		
H1330	M	<i>Myotis mystacinus</i>	Vespertilio mustacchino	H1314-H1326-H1329-H1330-H1322		
H1322	M	<i>Myotis crypticus</i>	Vespertilio criptico	H1314-H1326-H1329-H1330-H1322		
H1331	M	<i>Nyctalus leisleri</i>	Nottola di Leisler	H1331-H1312-H1317-H5009		
H1312	M	<i>Nyctalus noctula</i>	Nottola comune	H1331-H1312-H1317-H5009		
H2016	M	<i>Pipistrellus kuhlii</i>	Pipistrello albolimbato	H1309-H1327-H5365-H2016-H1333		
H1317	M	<i>Pipistrellus nathusii</i>	Pipistrello di Nathusius	H1331-H1312-H1317-H5009		
H1309	M	<i>Pipistrellus pipistrellus</i>	Pipistrello nano	H1309-H1327-H5365-H2016-H1333		
H5009	M	<i>Pipistrellus pygmaeus</i>	Pipistrello pigmeo	H1331-H1312-H1317-H5009		
H1326	M	<i>Plecotus auritus</i>	Orecchione comune	H1314-H1326-H1329-H1330-H1322		
H1329	M	<i>Plecotus austriacus</i>	Orecchione meridionale	H1314-H1326-H1329-H1330-H1322		
R13710	P	<i>Anacamptis laxiflora</i>	Orchide acquatica	R13710		13
R13974	P	<i>Armeria arenaria</i>	Spillone	R13974		
H1378	P	<i>Cladonia spp. (group)</i>		H1378		
R13967	P	<i>Dactylorhiza incarnata</i>	Orchide palmata	R13967-R10682		
R10827	P	<i>Doronicum columnae</i>	Doronicio di Colonna	R10827		
R10682	P	<i>Epipactis palustris</i>	Elleborine palustre	R13967-R10682		
R10190	P	<i>Eriophorum angustifolium</i>	Pennacchi a foglie strette	R10190-R10191		
R10191	P	<i>Eriophorum latifolium</i>	Pennacchi a foglie larghe	R10190-R10191		
H1866	P	<i>Galanthus nivalis</i>	Bucaneve	H1866		
H4104	P	<i>Himantoglossum adriaticum</i>	Barbone adriatico	H4104		
R13966	P	<i>Leucorum aestivum</i>	Campanelle maggiori	R13966		
R11672	P	<i>Limonium narbonense</i>	Limonio comune	R11672		
R12024	P	<i>Nymphaea alba</i>	Ninfea	R12024-R12856-R12598-R10550		
H1849	P	<i>Ruscus aculeatus</i>	Pungitopo	H1849		
R12856	P	<i>Salvinia natans</i>	Erba pesce, Salvinia natante	R12024-R12856-R12598-R10550		
R12598	P	<i>Trapa natans</i>	Castagna d'acqua	R12024-R12856-R12598-R10550		
R10731	P	<i>Traunsteinera globosa</i>	Orchide dei pascoli, Orchide globosa	R10731		
R10550	P	<i>Typha minima</i>	Lisca minore	R12024-R12856-R12598-R10550		
R954	M	<i>Erinaceus europaeus</i>	Riccio	R954	14	
R977	M	<i>Crocidura leucodon</i>	Crocidura ventre bianco	R977-R978-R981-R983-R984		
R978	M	<i>Crocidura suaveolens</i>	Crocidura minore	R977-R978-R981-R983-R984		
R979	M	<i>Neomys milleri</i>	Toporagno d'acqua di Miller	R979-R980		
R980	M	<i>Neomys fodiens</i>	Toporagno d'acqua	R979-R980		
R981	M	<i>Sorex antinorii</i>	Toporagno del Vallese	R977-R978-R981-R983-R984		
R983	M	<i>Sorex minutus</i>	Toporagno nano	R977-R978-R981-R983-R984		
R984	M	<i>Sorex samniticus</i>	Toporagno appenninico	R977-R978-R981-R983-R984		
R985	M	<i>Suncus etruscus</i>	Mustiolo	R985		
R986	M	<i>Talpa caeca</i>	Talpa cieca	R986-R987		
R987	M	<i>Talpa europea</i>	Talpa europea	R986-R987		
H1352	M	<i>Canis lupus</i>	Lupo	H1352		
H1353	M	<i>Canis aureus</i>	Sciacallo dorato	H1353		
H1363	M	<i>Felis silvestris</i>	Gatto selvatico	H1363-R910-H1357-H1344-R912		
R910	M	<i>Martes foina</i>	Faina	H1363-R910-H1357-H1344-R912		

codice	taxon group	nome scientifico	nome italiano	gruppi per estrazione unica	n. estrazioni	
H1357	M	<i>Martes martes</i>	Martora	H1363-R910-H1357-H1344-R912		
R912	M	<i>Meles meles</i>	Tasso	H1363-R910-H1357-H1344-R912		
R913	M	<i>Mustela nivalis</i>	Donnola	R913		
H1358	M	<i>Mustela putorius</i>	Puzzola	H1358		
R958	M	<i>Arvicola italicus</i>	Arvicola d'acqua italiana	R958		
R961	M	<i>Microtus multiplex</i>	Arvicola di Fatio	R961-R970		
R959	M	<i>Chionomys nivalis</i>	Arvicola delle nevi	R959		
R964	M	<i>Eliomys quercinus</i>	Quercino	R964-R976-H1341		
H1341	M	<i>Muscardinus avellanarius</i>	Moscardino	R964-R976-H1341		
H1344	M	<i>Hystrix cristata</i>	Istrice	H1363-R910-H1357-H1344-R912		
R970	M	<i>Micromys minutus</i>	Topolino delle risaie	R961-R970		
R976	M	<i>Sciurus vulgaris</i>	Scoiattolo rosso	R964-R976-H1341		
R687	F	<i>Alburnus arborella</i>	Alborella	R686-R13986-R687		4
R13986	F	<i>Leucos aula</i>	Triotto	R686-R13986-R687		
H1140	F	<i>Chondrostoma soetta</i>	Savetta	H1140		
R686	F	<i>Scardinius hesperidicus</i>	Scardola itatica	R686-R13986-R687		
R558	F	<i>Tinca tinca</i>	Tinca	R558		
H1152	F	<i>Aphanius fasciatus</i>	Nono	H1152-H1154-R574-R646-H1155		
R574	F	<i>Salaria pavo</i>	Bavosa	H1152-H1154-R574-R646-H1155		
H1155	F	<i>Knipowitschia panizzae</i>	Ghiozzetto di laguna	H1152-H1154-R574-R646-H1155		
H1154	F	<i>Pomatoschistus canestrinii</i>	Ghiozzetto cenerino	H1152-H1154-R574-R646-H1155		
R646	F	<i>Syngnathus acus</i>	Pesce ago	H1152-H1154-R574-R646-H1155		
H5086	F	<i>Barbus caninus</i>	Barbo canino	H5086	4	
H1137	F	<i>Barbus plebejus</i>	Barbo comune	H1137-R13984-R13985-H5962-R674		
R13984	F	<i>Gobio benacensis</i>	Gobione	H1137-R13984-R13985-H5962-R674		
R13985	F	<i>Phoxinus lumaireul</i>	Sanguinerola itatica	H1137-R13984-R13985-H5962-R674		
H5962	F	<i>Protochondrostoma genei</i>	Lasca	H1137-R13984-R13985-H5962-R674		
H5331	F	<i>Telestes muticellus</i>	Vairone italico	H5331-H5349		
R674	F	<i>Padogobius bonellii</i>	Ghiozzo padano	H1137-R13984-R13985-H5962-R674		
H5349	F	<i>Salmo cettii / Salmo ghigii</i>	Trota mediterranea	H5331-H5349		
R4489	I	<i>Austropotamobius italicus</i>	Gambero di fiume	R4489		
		totale 129 specie		TOTALE ESTRAZIONI	62	

3. Mappe di idoneità

Di seguito viene riportata la descrizione del procedimento adottato per la costruzione delle mappe di idoneità, utilizzate come informazione ausiliaria per l'estrazione del campione statistico di tutte le specie soggette ad indagine campionaria.

Il territorio della regione Emilia-Romagna viene suddiviso in una griglia regolare di *quadrati* 10km x 10km, a loro volta suddivisi in ulteriori 100 *celle* di 1km x 1km in modo da permettere una migliore ricerca della presenza delle singole specie in esame. La costruzione del piano di campionamento è basata su mappe di idoneità disponibili ad una risoluzione 1km x 1km: ad ogni cella viene assegnato un punteggio di idoneità per ogni singola specie (o eventuale raggruppamento di specie), denominato *habitat suitability score* (HSS).

Tale variabile assume il valore zero per le celle ritenute non idonee alla presenza della specie target e un valore non nullo, direttamente proporzionale alla probabilità di presenza, nelle restanti celle.

L'HSS consente di identificare gli **M** quadrati attivi o accesi, dove ogni specie ha probabilità non nulla di essere presente, riducendo la superficie potenziale da campionare alle sole zone caratterizzate da l'HSS positivo. Nello specifico in questo piano (PRM Regione Emilia-Romagna) è stata individuata una soglia limite (inferiore) dell'HSS pari a 0.05 per ogni cella di 1km x 1km. Il punteggio di idoneità è assegnato per ogni cella e calcolato per gli **M** quadrati attivi e per eventuali loro raggruppamenti.

Successivamente, è stato sviluppato uno strumento apposito, in seguito indicato anche come **tool**, che, ricevuti in *input* una selezione di *layer* rilevanti per l'assegnazione dell'idoneità alle singole specie, genera in *output* la relativa mappa di idoneità e una tabella in cui sono riportati i *layer* utilizzati per la costruzione della mappa con le rispettive modalità ed i pesi assegnati dagli esperti.

In una fase preliminare, sono state selezionate dagli esperti dei diversi gruppi tassonomici alcune tra le variabili ambientali più rilevanti (uso del suolo, geologia, altitudine, ecc.) per l'individuazione delle possibili aree idonee alle singole specie selezionate per l'indagine campionaria. Successivamente, sono stati reperiti i *layer* cartografici che potessero rappresentare cartograficamente le variabili selezionate. I *layer* sono stati rasterizzati su una griglia di pixel 100mx100m e per tutte le specie gli esperti dei vari gruppi tassonomici hanno assegnato uno dei seguenti pesi a ciascuna modalità delle variabili:

- "0" = idoneità nulla
- "0,5" = idoneità intermedia
- "1" = idoneità elevata

Le informazioni derivanti dai vari *layer* ritenuti rilevanti per una specie in esame conducono a un punteggio di idoneità assegnato ad ogni cella 1km x 1km che è l'informazione ausiliaria che guida l'estrazione del campione statistico.

4. Procedimento statistico di estrazione delle celle

Dopo aver illustrato gli aspetti che caratterizzano le mappe di idoneità, la cui informazione è fondamentale per guidare il processo statistico di estrazione delle celle, viene descritto il piano di campionamento adottato, che ha come fine quello di stimare la superficie occupata dalle diverse specie selezionate per l'indagine. Si tratta di un processo a due fasi, in cui la prima fase prevede inoltre due stadi di campionamento. Il piano relativo alla stima del numero di individui viene descritto successivamente, in quanto ha bisogno di considerazioni *ad-hoc* che tengano conto delle caratteristiche peculiari delle specie sottoposte a campionamento.

Come già anticipato, per la costruzione del piano di campionamento, il territorio della Regione Emilia-Romagna viene suddiviso in una griglia regolare di *quadrati* 10km x 10km (in marrone nella *Figura 4.1*), a loro volta suddivisi in ulteriori 100 *celle* di dimensione 1km x 1km (in grigio nella *Figura 4.1*) che costituiscono le unità statistiche sottoposte a campionamento: il campione finale sarà infatti costituito da un insieme di celle di dimensione 1km x 1km.

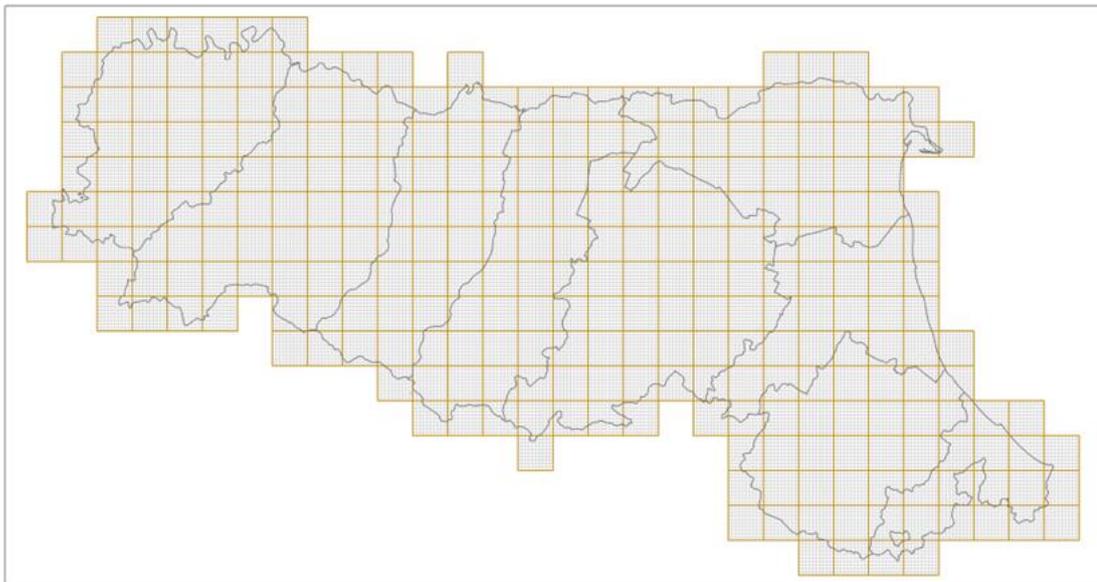


Figura 4.1. Divisione della regione Emilia-Romagna in una griglia con diverse risoluzioni.

La prima fase del piano di campionamento prevede, al primo stadio, l'estrazione di un campione casuale di *quadrati* di dimensione m . Il secondo stadio della prima fase consiste nel campionamento di (al più) 25 *celle* all'interno di ciascuno degli m *quadrati* campionati.

Successivamente, la seconda fase del piano di campionamento restituisce un campione di (al più) 4 *celle* estratte tra quelle proposte nel secondo stadio della prima fase di campionamento. In pratica, la dimensione massima del campione estratto (n) si ottiene moltiplicando per 4 il numero di *quadrati* estratti nella prima fase:

$$n = m \times 4.$$

Per assicurare la rappresentatività spaziale del campione, nella prima fase vengono costruiti **m** *cluster* spaziali (o blocchi) dei quadrati sottoposti a campionamento. Quindi, lo sforzo di campionamento richiesto per ciascuna specie è direttamente proporzionale al numero di cluster costruiti.

Sia **M** il numero totale di quadrati da sottoporre a campionamento: lo sforzo di campionamento “ideale” determinato sulla base di diversi studi di simulazione e ispirandosi al lavoro di Fattorini et al. (2022)¹, viene ricavato adottando la seguente procedura di calcolo:

$$m = \begin{cases} M & \text{se } M < 8 \\ 7.67 + 0.042 \times M & \text{se } 8 \leq M \leq 200 \\ 0.08 \times M & \text{se } M > 200 \end{cases} \quad (**)$$

La proporzione di quadrati **m** da campionare diminuisce all’aumentare del numero di quadrati da sottoporre a campionamento.

È importante notare che, nel campionamento statistico, la caratteristica determinante per l’efficienza del piano consiste nella determinazione delle *probabilità di inclusione* delle unità. Il presente piano di campionamento, coerentemente con quanto proposto nell’ambito del PNM, assegna in tutte le fasi probabilità di inclusione proporzionali al valore degli indicatori di idoneità descritti nella sezione 3 e contenuti nelle mappe di idoneità. Più è elevato l’indice di idoneità di una unità, più sarà elevata la probabilità di entrare a far parte del campione. Il numero di quadrati **M** da sottoporre a campionamento corrisponde al numero di quadrati accesi contenuti in tali mappe di idoneità. Questo numero può variare in base a delle scelte preliminari che esulano dal piano di campionamento. Ad esempio, come fatto nell’articolo di riferimento, si potrebbero considerare accesi solo quei quadrati in cui si è accertata una presenza della specie in esame. Qui, invece, si è deciso di tenere accesi tutti i quadrati ma con alcune modifiche e restrizioni.

Per l’utilizzo delle mappe di idoneità è stato considerato un valore soglia dell’HSS pari a 0.05, assimilando le celle che presentano un HSS sotto tale valore ad una idoneità nulla. Tale modifica è avvenuta a priori rispetto all’estrazione. Ciò consente di ridurre la numerosità campionaria totale (attraverso spegnimento di quadrati in aree a bassa idoneità), nonché di evitare il campionamento in celle che presentano una idoneità derivata dai vari fattori considerati molto bassa.

Inoltre, una volta fatta questa modifica, il valore di idoneità, denominato “ss” negli *shape file* dei campioni estratti, viene ricalcolato tenendo conto della distribuzione attuale pesata per i seguenti valori di range:

- 1 ai quadrati di presenza,
- 0.5 ai quadrati di range,

¹ Fattorini L., Cervellini M., Franceschi S., Di Musciano M., Zannini P., Chiarucci A., 2022. *A sampling strategy for assessing habitat coverage at a broad spatial scale*. Ecological Indicators, Vol. 143. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2022.109352>

- 0.8 ai quadrati di range per le specie la cui distribuzione è in espansione o poco nota,
- 0.1 ai quadrati esterni.

Si ottiene così un valore finale di idoneità in maniera moltiplicativa come segue:

$$HSS_{finale} = HSS_{mappa\ idoneità} \times range$$

Di conseguenza, i valori finali riportati negli *shape file* dei campioni estratti nella colonna “ss” potranno essere anche minori del valore soglia dell’HSS. La modifica del valore di idoneità sulla base della distribuzione attuale è stata utilizzata da tutti gli esperti eccetto il gruppo Flora.

L’estrazione è avvenuta tramite **codice R**.

A titolo esemplificativo, di seguito viene descritto il procedimento che porta all’estrazione del campione per una delle specie proposte dagli esperti: *Himantoglossum adriaticum*.

Esempio: estrazione del campione per la specie *Himantoglossum adriaticum*

In *Figura 4.2* è riportata la mappa di idoneità per *Himantoglossum adriaticum*, che comprende M=70 quadrati accesi (quindi vengono sottoposte a campionamento 7000 celle 1km x 1km). Solo per questo esempio, sono stati considerati come accesi i soli quadrati di presenza della specie (non considerando “tagli” iniziali per soglia HSS o modifiche sulla base dei valori di range). Questo per focalizzare l’attenzione sugli *step* del campionamento e non su quelli preliminari che esulano dal piano di campionamento e che potrebbero essere modificati al netto di ragionamenti statistici.

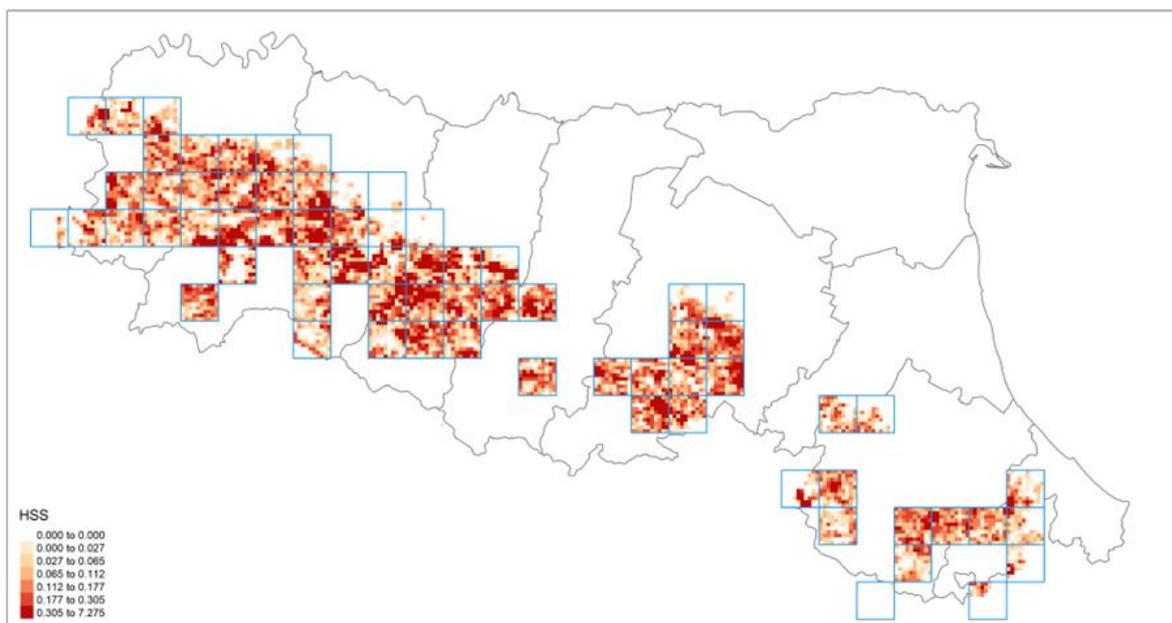


Figura 4.2. Mappa di idoneità relativa a Himantoglossum adriaticum con M=70 quadrati accesi (contornati in azzurro).

Ricordiamo ancora una volta che il punteggio di idoneità è l'informazione ausiliaria che guida il campionamento delle celle assegnando ad ognuna una probabilità di inclusione del primo ordine, ovvero la probabilità a priori di essere campionata, proporzionale al valore dell'indicatore HSS.

Sono stati costruiti $m = 13$ cluster spaziali che vengono ottenuti implementando l'algoritmo delle k-medie. I cluster ottenuti sono distribuiti nello spazio come in *Figura 4.3*.

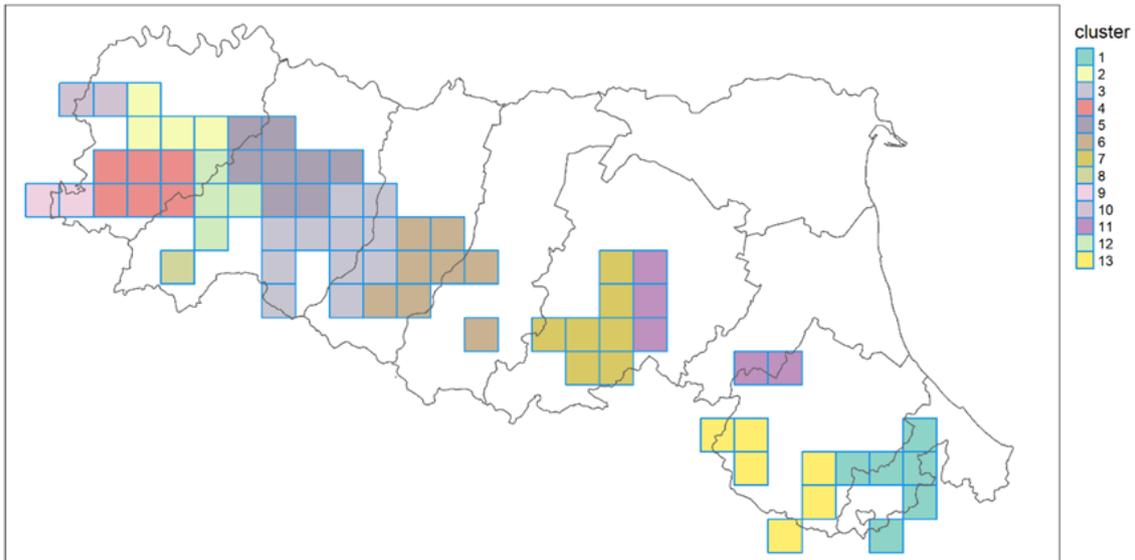


Figura 4.3 Suddivisione dei quadrati accesi per la specie *Himantoglossum adriaticum* in $m=13$ cluster (blocchi).

Una volta ottenuti gli m cluster, in ognuno di essi viene campionato un quadrato con il metodo *one-per-stratum sampling* (OPSS) e con probabilità di inclusione del primo ordine proporzionale ai valori dell'HSS. I quadrati campionati in questo esempio esemplificativo sono riportati nella *Figura 4.4* (bordo blu spesso), e rappresentano il campione di prima fase, primo stadio.

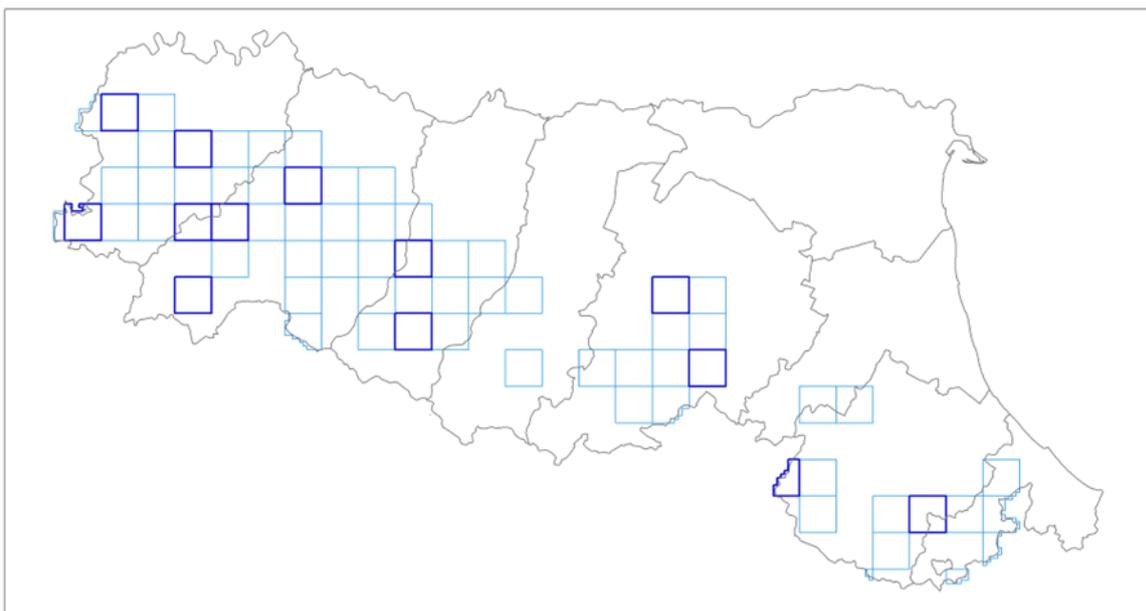


Figura 4.4. Quadrati campionati (contornati in blu) nel primo stadio della prima fase per *Himantoglossum adriaticum*.

Il secondo stadio della prima fase prevede di raggruppare le celle dei quadrati campionati in 25 gruppi formati da 4 celle adiacenti. Per ciascun gruppo, viene estratta una cella di lato 1km con probabilità ancora una volta proporzionale all'indice di idoneità HSS. Quindi, alla fine della prima fase saranno state campionate h celle (al più 25), per ognuno degli m quadrati. Il campione di prima fase, secondo stadio, è riportato in verde in Figura 4.5.

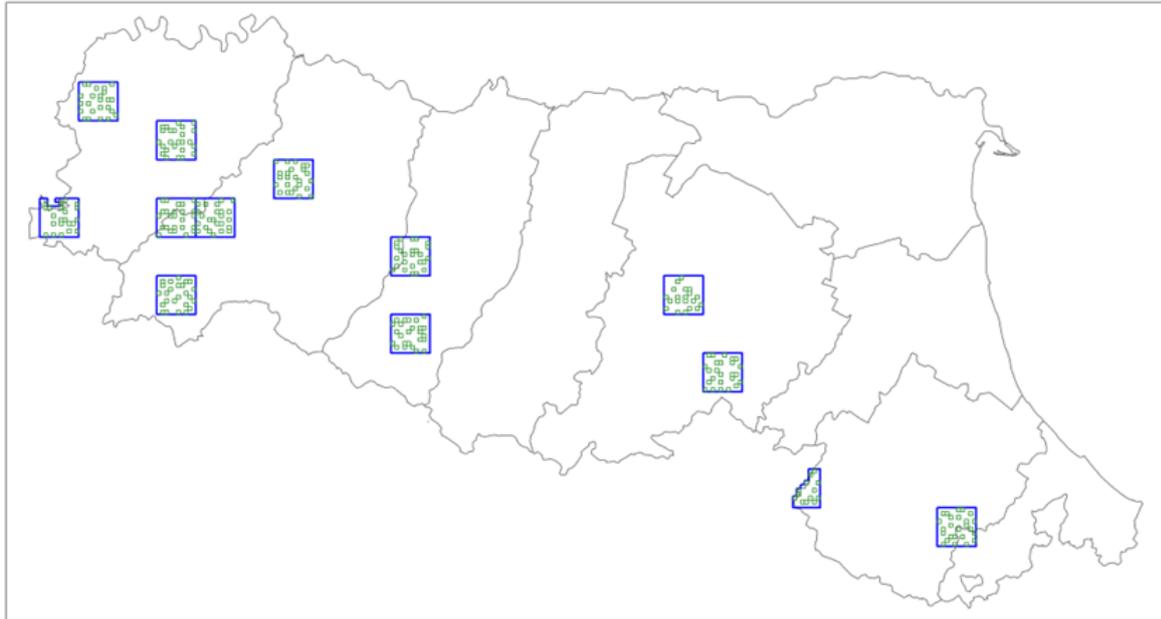


Figura 4.5. Celle campionate (in verde) nel secondo stadio della prima fase per *Himantoglossum adriaticum*.

La seconda fase del piano di campionamento prevede di estrarre un campione a probabilità variabile di al massimo 4 celle per ciascuno dei quadrati campionati nella fase 1. Se il numero di celle campionate in un quadrato, h , è minore o uguale a 4, tutte le celle vengono incluse nel campione. Altrimenti, si procede adottando lo schema di campionamento *Sampford* che prevede una selezione senza reinserimento di 4 celle sulle h ottenute nella fase precedente utilizzando ancora una volta probabilità di inclusione del primo ordine proporzionali all'indice di idoneità HSS. Le celle campionate in questa fase (che ovviamente costituiscono un sottoinsieme di quelle riportate in Figura 4.5) sono riportate in rosso in Figura 4.6.

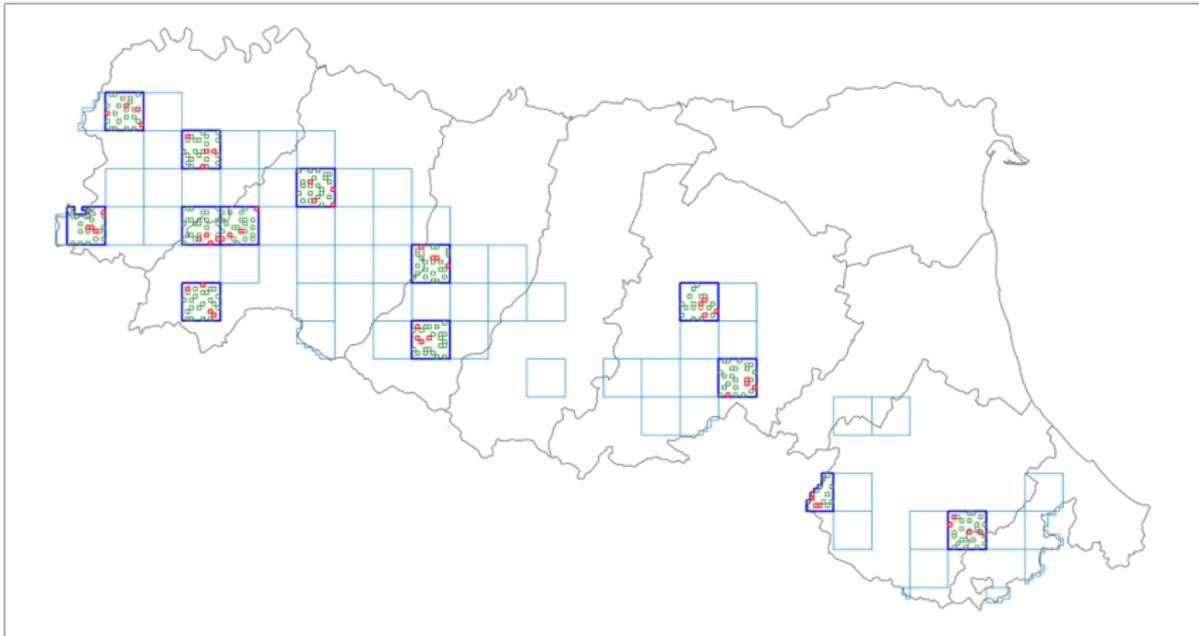


Figura 4.6. Campione finale (in rosso) selezionato per *Himantoglossum adriaticum*.

In caso di impossibilità nel raggiungere il sito o di una validazione negativa tramite le preliminari verifiche a video (si veda il paragrafo 6), è stato predisposto anche un campione di sostituzione. Quindi, il campione finale fornito per ciascuna specie comprenderà anche, per ciascun quadrato, una cella di sostituzione da utilizzare in caso di non raggiungibilità delle celle campionate. È importante notare che il campione di sostituzione deve essere utilizzato solo se necessario e, soprattutto, all'interno del quadrato di riferimento. Se anche il campione di sostituzione risulterà inaccessibile si dovrà registrare una "non risposta" dalle celle campionate. L'articolo già citato su cui si basa il piano di campionamento adottato (Fattorini et al., 2022) contiene indicazioni su come gestire la "non risposta", visto che si tratta di un evento piuttosto comune nel campionamento ambientale.

5. Celle di monitoraggio estratte

Utilizzando il metodo di campionamento descritto nella sezione 4, tramite il codice R sono stati estratti per ogni specie ad indagine campionaria due campioni:

un campione primario,

un campione di sostituzione, da utilizzare esclusivamente nell'eventualità in cui, all'interno dello stesso quadrato, uno o più siti del campione primario non siano raggiungibili oppure siano esclusi tramite la verifica preliminare a video.

Tali estrazioni sono fornite come *shape file*. In essi, oltre alle informazioni geo-referenziate, sono riportati gli identificativi delle celle e dei quadrati, le probabilità di inclusione in ogni fase e anche l'HSS (nei file denominato come "ss"), che non è quello iniziale proveniente dalle mappe di idoneità ma è il prodotto tra il punteggio di idoneità della mappa di idoneità (filtrato per il valore soglia di HSS = 0.05) e il valore derivato dalla distribuzione attuale e dal *range*.

Nella *Tabella 5.1* è riportato l'elenco delle 129 specie ad indagine campionaria identificate attraverso uno specifico codice appositamente sviluppato per ottimizzare l'intero processo, data la significativa varietà di specie considerate, al fine di migliorarne l'efficienza complessiva. Tale codice identificativo è stato assegnato seguendo la seguente logica:

- H + codice dir. Habitat;
- R + codice ID banca dati RER tabella taxon_tassonomia.

Nella *Tabella 5.1* le specie sono divise per gruppi tassonomici e per ognuno di esse o loro raggruppamenti sono riportati il numero di quadrati accesi sottoposti a campionamento (M) e la numerosità campionaria (n).

Gruppo tass.	Codice specie	N. quad. accessi (M)	N. campionaria (n)
Mammiferi non volatori	H1352	282	92
	H1353	283	92
	H1358	281	88
	H1363-R910-H1357-H1344-R912	280	88
	R913	282	92
	R954	282	92
	R958	267	84
	R959	28	21
	R961-R970	281	88
	R964-R976-H1341	267	83
	R977-R978-R981-R983-R984	282	92
	R979-R980	282	92
	R985	282	92
	R986-R987	281	88
	Invertebrati, Anfibi e Rettili	H1026-R4455	279
H1040		233	76
H1053-H6943-R2416		268	84
H1057-R3206		89	43
H1058		148	56
H1060-R3975		173	60
H1076-H6199		280	88
H1084-R2116		276	88
H1087		115	47
H1088-R1739-R1741-H1083		279	88
H1175-H1206		256	80
H1209-R717-H1167		279	88
H1213-R738		159	56
H1283-H6091-H5179-H1250-R815-R816		282	92
H6962		215	67
R1336-R1489		262	84
R1612-R1665		229	67
R3940		280	88
R4554		91	38
R701-H5358-H6976		280	88
R719	122	52	
R801-H5670-H1256	281	88	
R806-H1292-H1220	277	88	
Flora	H1378	278	87
	H1849	267	84

Gruppo tass.	Codice specie	N. quad. accesi (M)	N. campionaria (n)
Flora	H1866	267	84
	H4104	273	88
	R10190-R10191	150	49
	R10731	108	48
	R10827	125	52
	R11672	11	23
	R12024-R12856-R12598-R10550	267	84
	R13710	280	88
	R13966	230	72
	R13967-R10682	281	88
	R13974	110	48
Pesci A-B	H1140	263	84
	H1152-H1154-R574-R646-H1155	30	26
	R558	271	88
	R686-R13986-R687	257	84
Chiroterri	H1308	264	84
	H1309-H1327-H5365-H2016-H1333	282	92
	H1314-H1326-H1329-H1330-H1322	281	88
	H1331-H1312-H1317-H5009	281	88
Pesci C-D + invertebrato acquatico	H1137-R13984-R13985-H5962-R674	228	69
	H5086	147	56
	H5331-H5349	169	60
	R4489	162	56

Tabella 5.1. Elenco delle specie, espresse attraverso codice identificativo, per cui sono stati estratti i campioni per la futura indagine campionaria. Per ciascuna di esse vengono riportate il numero di quadrati accesi sottoposti a campionamento (M) e la numerosità campionaria (n).

6. Stima dei parametri di popolazione per l'indagine campionaria

Come già anticipato nelle sezioni precedenti, al fine di condurre un accurato monitoraggio dello stato di conservazione della biodiversità nella regione Emilia-Romagna, si è adottato il disegno di campionamento a probabilità variabile su base nazionale proposto in Fattorini *et al.* (2022), riadattandolo alla scala regionale. Tale metodologia è stata precedentemente descritta nella sezione 4, e ha fornito le modalità di stima dei due parametri di popolazione di interesse

- *la superficie occupata* (o numero di celle 1km x 1km occupate),
- *il numero di individui*.

Il processo prevede, a partire dagli *shapefile* contenenti il *pool* di celle estratte, una verifica preliminare effettuata a video. Durante questa fase, a ciascuna cella viene attribuito un valore specifico:

- “1” se vi è una presenza possibile della specie nella cella;
- “0” se l’habitat è completamente inidoneo a ospitare la specie.

Questa classificazione preliminare consente di selezionare le celle da sottoporre a indagine sul campo. Le celle del *pool* identificate con valore “1” verranno poi verificate durante le attività sul terreno per confermare la presenza della specie. Inoltre, se durante il lavoro in campo una cella risulta inaccessibile o irraggiungibile, le verrà assegnato il valore “2” per documentare questa circostanza.

In caso di impossibilità nel raggiungere il sito o di una validazione negativa tramite le verifiche a video, si utilizza il campione di sostituzione per la raccolta dei dati sul campo. Nei casi in cui il campione di sostituzione risulta anch’esso inaccessibile, si registra una "non risposta" per le celle campionate. Le istruzioni dettagliate sulla gestione delle non risposte sono disponibili nell'articolo che ha ispirato il piano di campionamento adottato (Fattorini et al., 2022), poiché si tratta di un evento abbastanza frequente nel contesto del campionamento ambientale.

Per quanto concerne la stima della superficie occupata, il processo è uniforme per tutte le specie, sia animali che vegetali. Sulla base del campione di celle estratto, si effettuano le indagini sul campo per rilevare la presenza della specie nelle celle da 1km x 1km campionate.

Per quanto riguarda la stima della numerosità degli individui, sottolineiamo che questo particolare aspetto costituisce un notevole elemento di complicazione del piano di campionamento proposto in Fattorini *et al.* (2022) che aveva come obiettivo la sola stima della superficie occupata da ciascuna specie. Il conteggio del numero di individui, necessario in base ai criteri adottati a livello europeo, costituisce un aggravio sia dal punto di vista della metodologia statistica necessaria che, soprattutto, dal punto di vista dei costi dell’indagine.

Per questa ragione, il piano di campionamento per il conteggio degli individui è stato predisposto per la sola specie *Himantoglossum adriaticum*, come studio prototipale da estendere ad altre specie successivamente. Questa opzione è ovviamente motivata dal fatto che il conteggio del numero di individui nel caso delle specie vegetali richiede meno scelte *ad hoc* rispetto a quanto dovuto per le specie animali, che comportano invece strategie di campionamento specifiche che tengano conto della motilità nonché dei comportamenti elusivi della fauna.

Per ciascuna specie animale saranno necessari, in fase di applicazione del PRM, incontri con gli esperti dei diversi gruppi tassonomici in modo da venire a conoscenza degli strumenti di rilevazione necessari per il conteggio delle specie (ad esempio fototrappole, gabbie per la cattura, ecc.). In seguito, si elaborerà il piano di campionamento più appropriato per ciascuna specie.

In ogni caso, la realizzazione di un adeguato piano di campionamento per il conteggio del numero di individui ha previsto la costruzione di una fase aggiuntiva che ha portato all’estrazione di un ulteriore campione spaziale all’interno di ciascuna delle celle campionate. Tale necessità è motivata dall’impossibilità dal punto di vista pratico di effettuare un rigoroso conteggio del numero di individui, seguendo criteri statistici, all’interno di intere celle di area 1km². Per quanto riguarda il piano di campionamento volto a stimare il numero di individui della specie *Himantoglossum adriaticum* si è stabilito di effettuare il conteggio del numero di individui in 2 delle 4 celle estratte per ogni quadrato nel campione estratto per la stima della superficie occupata.

All'interno delle due celle selezionate, è stato estratto un campione casuale semplice di 4 pixel di dimensione 25m x 25m (anche in questo caso il campione prevede 2 pixel aggiuntivi per ogni cella, da intendersi come campione di sostituzione).

Come test di applicazione del metodo si è proceduto alla stima del numero di individui anche per altre specie sottoposte ad indagine campionaria nel 2023, per quest'ultime in maniera statisticamente meno rigorosa, seguendo lo stesso approccio della stima della copertura. Gli esperti, oltre a rilevare la presenza o assenza nelle celle selezionate, hanno contato il numero di individui in caso di presenza, ognuno utilizzando i metodi specifici per i diversi taxa. Nel caso della specie *Barbastella barbastellus*, dove non è stato possibile fornire i dati sul numero di individui, è stato utilizzato un suo surrogato, cioè il contatto. Quest'ultimo è definito come una sequenza di ultrasuoni della durata di 5 secondi registrata dal *bat detector*, che solitamente corrisponde all'emissione di un singolo individuo; pur non potendo garantire che due contatti registrati vicini siano di individui diversi, dato che questa specie vola piuttosto lentamente, è improbabile che lo stesso individuo venga rilevato più volte lungo il transetto.

Per la stima puntuale di entrambi i parametri di popolazione di interesse, come suggerito da Fattorini et al. (2022), è stato utilizzato lo stimatore non distorto di Hoarvitz-Thompson. Questo stimatore tiene conto del disegno di campionamento, assegnando pesi diversi alle unità di campionamento in base alla probabilità di inclusione nel campione, strettamente collegate all'*habitat suitability score*, variabile ausiliaria caratterizzante le mappe di idoneità. Oltre alla stima puntuale dei parametri di popolazione, sono stati calcolati altri indici di dispersione per valutare la precisione e la variabilità delle stime. Nello specifico, la varianza e l'intervallo di confidenza forniscono informazioni cruciali sulla precisione delle stime. Il coefficiente di variazione (CV) riflette la variabilità relativa alla media stimata.

Nelle *Tabelle 6.1.* e *6.2* sono riportati i risultati dell'analisi statistica. In particolare, nella *Tabella 6.2* sono presenti le stime delle specie sottoposte ad indagine campionaria per le quali l'obiettivo è stato stimare la superficie regionale occupata. La tabella mostra diverse misure di sintesi della stima. In primo luogo, la stima puntuale della superficie è espressa in chilometri quadrati per ciascuna specie. Viene riportato il coefficiente di variazione come indice di dispersione delle stime: si tratta di una misura relativa di variabilità, corrispondente al rapporto tra la deviazione standard (radice della varianza) della stima e la stima stessa. Infine, sono stati calcolati gli intervalli di confidenza. Simili ragionamenti possono essere fatti anche per i risultati in *Tabella 6.1.* Si noti che i valori di varianza e CV sono generalmente più elevati nel caso di stima del numero di individui, con la conseguente maggiore ampiezza degli intervalli di confidenza, suggerendo che lo sforzo di campionamento necessario per ottenere stime caratterizzate da una precisione soddisfacente è ovviamente di gran lunga maggiore nel caso di stima del numero di individui.

Tabella 6.1. Numerosità delle specie sottoposte ad indagine campionaria: Stime puntuali, varianza, coefficiente di variazione (CV) ed intervalli di confidenza al 95%.

Specie	Stima n. individui	Varianza	CV	Est. inferiore IC	Est. superiore IC
Himantoglossum adriaticum	65635	3786433750	0.9375	0	188703
Muscardinus avellanarius	2859	407822	0.2234	1581	4136
Barbastella barbastellus	155	5404	0.4740	8	302
Barbus caninus	1234	159359	0.3236	435	2032
Barbus plebejus	19993	198338063	0.7044	0	48159
Salmo ghigii	0	0	0	0	0
Aphanius fasciatus	158	3489	0.3747	40	276
Knipowitschia panizzae	353	27731	0.4725	19	686

Tabella 6.2. Superficie occupata delle specie sottoposte ad indagine campionaria: Stime puntuali, varianza, coefficiente di variazione (CV) ed intervalli di confidenza al 95%.

Specie	Stima superficie km ²	Varianza	CV	Est. inferiore IC	Est. superiore IC
Cladonia	7826	1285083	0.1448	5556	10094
Himantoglossum adriaticum	553	35941	0.3432	173	932
Muscardinus avellanarius	1124	48545	0.1961	683	1564
Felis silvestris	3746	964401	0.2622	1032	5960
Martes martes	7237	1221275	0.1527	5027	9447
Barbastella barbastellus	133	4499	0.5053	0	276
Barbus caninus	301	8041	0.2976	122	481
Barbus plebejus	846	88510	0.3518	251	1441
Salmo ghigii	0	0	0	0	0
Aphanius fasciatus	26	70	0.3207	9	43
Knipowitschia panizzae	22	124	0.5113	0	44

La stima dei parametri di popolazione avviene tramite codice R.