

**Alma Mater Studiorum – Università di Bologna**

**DIPARTIMENTO DI SCIENZE BIOLOGICHE, GEOLOGICHE E AMBIENTALI**

Corso di Laurea in

**Scienze Biologiche**

Classe L-13 Scienze Biologiche

***Cambiamento della diversità funzionale nelle foreste casentinesi  
negli ultimi 50 anni***

**Presentata da**

Martina Neri

**Relatore**

Chiar.mo Prof. Alessandro Chiarucci

**Correlatore**

Dott.ssa Arianna Ferrara

Dott. Michele Di Musciano

**Sessione IV**

---

**Anno Accademico 2020/21**

# Sommario

1. Abstract.....	1
2. Introduzione .....	2
2.1 Biodiversità.....	2
2.2 Diversità funzionale.....	3
2.3 Indici funzionali: CWM e Rao's quadratic diversity .....	4
2.4 Foreste Casentinesi .....	5
2.5 Faggete e Abetine .....	6
2.6 Scopo della tesi .....	7
3. Materiali e metodi .....	8
3.1 Area di studio.....	8
3.2 Archiviazione dati storici.....	8
3.3 Procedura di ricollocazione geografica dei plot .....	9
3.4 Protocollo di ricampionamento.....	10
3.5 Calcolo degli indici.....	10
3.6 Analisi dati.....	11
4. Risultati.....	12
5. Discussione .....	15
6. Conclusioni .....	17
Ringraziamenti.....	18
Bibliografia .....	19

## **1. Abstract**

Lo studio della diversità funzionale permette l'analisi dei cambiamenti della biodiversità attraverso lo studio di tratti. L'obiettivo di questo studio è quello di analizzare i cambiamenti della diversità funzionale delle comunità del Parco Nazionale delle Foreste Casentinesi nell'arco di 50 anni. I dati sono stati campionati nell'area del parco a confine tra Romagna e Toscana, il più vicino possibile ai plot originali (1970). Dei 151 siti che compongono il dataset finale, a seguito di un'analisi preliminare sono stati selezionati quelli con un quantitativo minimo di dati di copertura dell'80%. Le analisi sono state effettuate considerando tre tratti nello specifico (area fogliare, area fogliare specifica e contenuto di materia fogliare secca) e utilizzando due indici della diversità funzionale (CWM e Rao). Analizzando i risultati ottenuti si può osservare come per entrambi gli indici i valori rimangono pressoché costanti. Si può osservare che nell'arco di 50 anni la diversità funzionale è rimasta invariata, indicando processi di filtraggio ambientale, mentre sono aumentati i valori medi della superficie fogliare per le comunità considerate.

## 2. Introduzione

### 2.1 Biodiversità

Sempre più attenzione viene posta oggi al tema della Biodiversità. Questa, viene definita dalla Convention on Biological Diversity (CBD) come la varietà e variabilità degli organismi viventi e dei sistemi ecologici in cui essi vivono. Tale varietà quindi non si riferisce solo alla forma e alla struttura degli esseri viventi, ma include anche la diversità in termini di abbondanza, distribuzione e interazioni tra le diverse componenti del sistema.

Benché la sua importanza sia nota, il problema della perdita di biodiversità è sempre più evidente a livello globale. L'impatto umano sull'ambiente ha portato a grandi cambiamenti della biodiversità delle comunità naturali, andando a danneggiarne gli ecosistemi fino a compromettere i processi ecosistemici. Si sta assistendo all'aumento dei regimi di disturbo, alla distruzione degli habitat e al deterioramento dei servizi ecosistemici. Pertanto, il monitoraggio della biodiversità (indicatore della ricchezza di una comunità e della funzionalità dell'ecosistema) si rende necessario per valutare lo stato di conservazione degli ecosistemi e il loro mantenimento.

Considerando che nelle comunità naturali la diversità è allo stesso tempo una variabile dipendente dall'ambiente e un fattore che influenza il funzionamento dell'ecosistema, allora è possibile individuare modalità di studio differenti dalla sola quantificazione del numero di specie, come ad esempio le interazioni tra gli individui e i tratti funzionali che li caratterizzano. Nelle analisi della distribuzione delle specie nello studio dell'ecologia di comunità l'approccio *trait-based* è sempre più utilizzato. In letteratura sono presenti numerosi esempi che evidenziano come questo tipo di approccio possa essere utilizzato per comprendere i processi di assemblaggio della comunità e prevedere i cambiamenti nelle specie e modelli di distribuzione della comunità a diverse scale spaziali; e ancora sia utile per quantificare l'influenza della composizione della comunità sui processi ecosistemici e sui servizi sottostanti (Deraison et al., 2015; Messier, 2010; Lavorel, 2013). Nonostante, quindi, la biodiversità possa essere calcolata come ricchezza delle specie, le interazioni tra gli individui e i tratti funzionali che li caratterizzano (il modo in cui competono direttamente o indirettamente, e come modificano i rispettivi ambienti biotici e abiotici) sono sempre più frequentemente utilizzati (Díaz & Cabido, 2001).

## 2.2 Diversità funzionale

La diversità funzionale è un indicatore dei cambiamenti della biodiversità che permette di comparare comunità vegetali di diverso tipo, rispetto ad uno specifico processo e delineando trends generali di comportamento (Díaz & Cabido, 2001). Può essere definita, a partire dallo studio di tutti i diversi aspetti e metodologie, come la distribuzione e l'abbondanza delle specie di una comunità (Mason et al., 2005). La diversità funzionale consente di analizzare il cambiamento nelle comunità grazie allo studio delle interazioni che gli ecosistemi hanno tra loro e con l'ambiente.

Queste interazioni possono essere analizzate in relazione a dei tratti funzionali ai quali possono essere correlate. I tratti sono caratteri misurabili ad ogni livello organizzativo di un singolo individuo escludendo tutti i riferimenti all'ambiente (es. larghezza dell'habitat) e ai livelli più ampi di organizzazione (come le popolazioni) (Violle et al., 2007). I traits possono essere di diverso tipo (funzionale, morfogenetico, fisiologico) e nello specifico quelli funzionali comprendono tutte quelle caratteristiche che permettono di analizzare l'impatto che un organismo o un ecosistema ha sull'ambiente o viceversa la risposta dell'organismo o ecosistema all'ambiente (Lavorel et al., 1997, s.d.).

È possibile, inoltre, suddividere i traits in due categorie: i "soft traits" e gli "hard traits". Gli "hard traits" sono tratti che permettono di analizzare direttamente gli effetti che le specie di una comunità hanno sul funzionamento dell'ecosistema ma sono difficilmente misurabili. I "soft traits" al contrario sono più facilmente misurabili per un ampio numero di specie e siti, ma non hanno connessione diretta a una funzione (Funk et al., 2017).

Vista la scarsa disponibilità e la difficoltà nel campionamento degli hard traits non è sempre possibile fare affidamento su questi tratti ed è quindi necessario affidarsi a dei "proxy". I proxy sono tratti collegati alla funzione che si intende studiare che possono essere considerati sostituti dei tratti funzionali diretti (hard traits) pur essendo più semplici da campionare o reperire (soft traits). Un esempio di "soft trait" che si comporta da proxy è la superficie fogliare specifica (SLA) che, nonostante non ne sia una misura diretta, può rivelarsi un indicatore dell'efficienza fotosintetica, dell'abilità di competere per la luce o ancora può dare informazioni sulle strategie funzionali di acquisizione dei nutrienti (Walker & Langridge, 2002; Westoby et al., 2002).

De Bello (2021) propone delle linee guida per la selezione dei traits da utilizzare che si compongono di tre step. In primo luogo, è necessario definire quanto più precisamente

possibile lo stress e/o il processo ecosistemico che si intende studiare. In seguito, devono essere selezionati dei tratti per cui sia disponibile un numero di osservazioni idoneo alla rappresentazione del sistema e della sua eterogeneità. I dati possono essere reperiti sia in letteratura sia tramite misura diretta in campo e per decidere quale tipologia di dati utilizzare è necessario individuare le condizioni che permettono l'una o l'altra modalità. Attualmente, l'utilizzo dei dati estratti dalla letteratura è facilitato dalla presenza di software e banche dati aggiornate (come nel nostro caso "LEDA"). La possibilità di utilizzare dati provenienti dalla letteratura scientifica dipende soprattutto dal luogo, che deve essere il più simile possibile all'area in analisi, e dalla modalità di campionamento, che devono essere standardizzate. L'utilizzo dei dati della letteratura si basa sull'ipotesi che la classificazione delle specie in i termini dei tratti sia coerente (Garnier et al., 2001; Mudrak et al., 2019). È importante sottolineare che solo pochi database contengono dati misurati utilizzando protocolli standardizzati e ancora meno forniscono informazioni dettagliate sulla posizione e sulle condizioni dell'ambiente e delle comunità al suo interno. Per questi motivi, quando si intende utilizzare valori dei tratti dalla letteratura o dalle banche dati, è necessario disporre di sufficienti informazioni sui campioni (metadati) per ogni tratto.

Secondo diversi studi, quantitativo minimo di dati che è necessario possedere per poter avere un buon valore di approssimazione della struttura funzionale di un rilievo di vegetazione, è l'80% della copertura totale delle specie dell'area campionata (Majekova et al., 2016; Pakeman & Quested, 2007). Infine, è necessario mettere in relazione i tratti selezionati con la funzione o il processo d'interesse.

I tratti analizzati in questo studio sono l'area della foglia ("leaf area", abbreviata nel testo come LA), l'area fogliare specifica ("specific leaf area", da qui in avanti abbreviato come SLA) e contenuto di materia fogliare secca ("leaf dry matter content" nel testo LDMC) alcuni dei tratti fogliari piu utilizzati per analizzare i comportamenti delle specie nella comunita. Una volta individuati una serie di tratti utili allo studio di un determinato processo, è necessario individuare le corrette tecniche di analisi e gli indici funzionali (nel nostro caso CWM e Rao's quadratic diversity).

### 2.3 Indici funzionali: CWM e Rao's quadratic diversity

La scelta degli indici da utilizzare in uno studio non dipende solo dai tratti scelti ma anche dalla tipologia (soft o hard) e dal numero di tratti considerati. In letteratura esistono

numerosi esempi di possibili indici da utilizzare, due di questi sono il Community-weighted mean (CWM) e il Rao's quadratic index (Q). Il CWM è utilizzato singolarmente come indice in grado di riassumere la composizione funzionale dei singoli tratti (Garnier et al., 2004) mentre il Rao permette di riassumere la diversità funzionale (Pavoine & Dolédec, 2005; J. Leps et al., s.d.).

Nel 2011 Ricotta & Moretti (2011) hanno proposto di utilizzare entrambi gli indici per studiare la diversità funzionale, descrivendoli come "due facce della stessa medaglia". Infatti, i CWM e Rao permettono di analizzare due aspetti complementari della relazione tra la struttura della comunità e il funzionamento dell'ecosistema: la "media" e la "divergenza" dei tratti funzionali di una data comunità (Ricotta & Moretti, 2011). Mentre il CWM, (corrispondente alla media dei valori del tratto in una comunità pesata per le specie), riassume adeguatamente i cambiamenti nei valori medi dei tratti all'interno delle comunità; il coefficiente Rao, può essere efficace nell'analisi dei modelli di convergenza o divergenza dei tratti rispetto a un'aspettativa casuale.

#### 2.4 Foreste Casentinesi

Il parco nazionale delle Foreste Casentinesi è una riserva naturale che si estende su una superficie di 36.400 ha, divisa più o meno equamente tra Romagna e Toscana. La qualifica di parco nazionale indica che è un'area protetta dichiarata dal governo nazionale e di conseguenza soggetta a norme e tutele speciali per la preservazione della biodiversità. La biodiversità del parco ha infatti subito una forte influenza umana già a partire da metà olocene (Lelli et al., 2020). L'influenza antropica ha impattato in particolar modo su faggete e abetine che sono state ridotte e si sono localizzate nelle zone dove si trovano ancora oggi a causa delle temperature e dell'azione umana (soprattutto allevamento e utilizzo del fuoco). Le comunità dell'appennino hanno continuato a sfruttare il legname del parco fino alla prima metà del 1900 andando a determinare l'attuale composizione della flora. Già a partire dai primi anni di gestione statale, l'opera di conversione dei boschi cedui in fustaie ha avuto un ruolo importante nel miglioramento del patrimonio forestale. Il 14 dicembre 1990 il parco viene dichiarato riserva naturale biogenetica e viene suddiviso nelle 3 zone tuttora vigenti, caratterizzate da un livello di tutela crescente.

## 2.5 Faggete e Abetine

Faggete ed abetine, querceti e boschi misti di latifoglie decidue, rimboschimenti a conifere e castagneti sono le principali tipologie vegetazionali riscontrate nel parco. La nostra area di studio comprende aree caratterizzate da faggete (*Fagus sylvatica*) ed abetine (*Abies alba*). Le foreste di faggio costituiscono la vegetazione più caratteristica e



**Figura 1** Bosco di *Fagus sylvatica* nel Parco Nazionale delle Foreste Casentinesi (Telaro, S. 2021)

rappresentativa in tutto l'appennino.

Queste foreste sono in parte state sostituite da abetine a causa dell'azione antropica a scopi selvicolturali che ha portato inoltre all'eliminazione delle latifoglie arboree che altrimenti avrebbero invaso la zona.



**Figura 2** Bosco di *Abies alba* nel Parco Nazionale delle Foreste Casentinesi (Telaro, S. 2021)



## 2.6 Scopo della tesi

Lo scopo di questo studio è quello di andare ad analizzare quali sono stati i cambiamenti nella composizione funzionale delle faggete e abetine nel parco delle Foreste Casentinesi negli ultimi 50 anni (1971-2021).

A seguito del ricollocamento geografico dei rilievi di vegetazione effettuati nel 1971-72, e successivo ricampionamento nell'estate del 2021, è stato possibile svolgere un'analisi temporale dell' $\alpha$ -diversità funzionale delle comunità vegetali del Parco Nazionale delle Foreste Casentinesi.

Le domande che ci poniamo in questo studio sono: i) Come cambia nel corso di 50 anni la diversità funzionale delle comunità vegetali delle foreste casentinesi? ii) Nello specifico come variano la *leaf area* (LA), la *specific leaf area* (SLA) ed il leaf dry matter content (LDMC) nelle comunità forestali del casentino nell'arco di 50 anni?

### **3. Materiali e metodi**

#### 3.1 Area di studio

L'area campionata è situata all'interno del territorio del Parco Nazionale delle Foreste Casentinesi (43°88'71.1 N; 11°75'30.0 E). L'area di studio si trova in corrispondenza delle zone in cui G. Senzani e E. Monti, due studenti di Scienze naturali dell'Università di Bologna, nei primi anni '70, svolsero uno studio fitosociologico sulla vegetazione forestale. Il Parco Nazionale delle Foreste Casentinesi si trova a nord nell'appennino Tosco-Romagnolo e comprende un'area di approssimativamente 368 km<sup>2</sup>. L'area si colloca tra le province di Arezzo, Siena e Forlì-Cesena e il range di altitudine va dai 400 ai 1658 m s.l.m.

I plot ricampionati sono localizzati nel versante Romagnolo del confine tra Toscana ed Emilia-Romagna (come quelli originali) nell'area che circonda Campigna ad un'altitudine compresa tra 1000 e 1400 metri circa. I plot originali sono suddivisi in due gruppi, il primo è stato campionato da Senzani nel 1971 e si trova in corrispondenza di Poggio Martino, Poggio Palaio e Passo della Calla, il secondo è stato campionato da Monti nel 1972 e si trova in due zone delle Foreste Casentinesi, la prima si estende sopra la località Campigna, tra Poggio Martino e Poggio Palaio mentre la seconda corrisponde alla linea di creste tra Poggio sodo dei Conti e Passo della Calla.

Le tesi di Monti e Senzani indicano una temperatura media annua ricavata dagli annali idrologici del 1953-69 di 8°C che è salita nel 2020 a 10.2°C. I dati sulle precipitazioni indicano che nel mese di novembre si hanno le massime precipitazioni con una media di 251,4 mm, mentre i valori minimi si raggiungono nel mese di luglio con una media di 71,8 mm. Per quanto riguarda le precipitazioni, in media vanno da 630 a 1900 mm all'anno (Antolini et al. 2017). L'inclinazione ha valori di 35-40° per le faggete ed è meno elevata nel caso delle abetine con un valore medio di 25°. L'esposizione, nella faggeta è generalmente Nord-Nord-Est, per l'abetina è varia.

#### 3.2 Archiviazione dati storici

Per costruire un database completo dei dati raccolti da Senzani (1971), Monti (1972) e Zangheri è stato necessario un lavoro di digitalizzazione dei dati storici. È possibile suddividere il processo di archiviazione dei dati storici in tre passaggi principali: digitalizzazione delle coperture, digitalizzazione dei dati stazionari e standardizzazione

della nomenclatura utilizzando la checklist del territorio italiano di Pignatti et al. (2017). Per la digitalizzazione delle coperture, nella prima colonna di un foglio Excel sono stati riportati i nomi di tutte le specie e per ognuna di queste le rispettive coperture (in scala Braun-Blanquet che è stata trasformata in percentuale utilizzando il valore medio di ogni classe) nelle righe corrispondenti. In secondo luogo, sono stati archiviati i dati di stazionamento come indicato nelle tesi storiche (es. coordinate, altitudine, esposizione, inclinazione, copertura dei diversi strati). E infine per standardizzare la nomenclatura delle specie individuate da Senzani e Monti con la nomenclatura dei dati raccolti in campo sono stati confrontati tutti i nomi delle tabelle storiche con la checklist di Pignatti et al. (2017).

### 3.3 Procedura di ricollocazione geografica dei plot

I plot sono stati rilocalizzati in base a criteri standard al fine di ottenere un dataset omogeneo di 24 siti ricampionati nel 2021 a cui sono stati aggiunti i 23 siti ricampionati nel 2018 da Lelli C. et al. (2020). Ognuno di questi siti è composto da 4 plot: il plot originale, cioè al tempo 0 e le 3 repliche ricampionate ai giorni nostri, cioè al tempo 1. Per ogni replica l'area campionata è stata la stessa del plot originale (al tempo 0). Le tre repliche sono state effettuate ad una distanza compresa tra 50 e 200 metri tra loro. La decisione di campionare tre repliche deriva dalla volontà di eliminare l'errore di rilocalizzazione (dovuto alla differenza tra le coordinate del plot ricampionato e quello storico).

Sono state adottate diverse strategie per ridurre l'errore di rilocalizzazione prendendo in considerazione precedenti studi di ricampionamento (Chytr et al., 2013; Lelli et al., 2020). I plot sulla mappa sono stati localizzati il più vicino possibile ai plot originali utilizzando i dati forniti dalle tesi di G. Senzani e E. Monti (nome delle località, altitudine e pendenza). Tenendo in considerazione queste informazioni, i punti da ricampionare sono stati collocati sulla carta topografica utilizzando il software QGIS (QGIS.org, 2022. QGIS Geographic Information System. QGIS Association. <http://www.qgis.org>) e comparando visivamente la copertura vegetativa con le immagini satellitari ad alta risoluzione. Una volta terminata la rilocalizzazione il dataset comprende un totale di 188 plots. Di 188 plot, 96 sono di G. Senzani e E. Monti (24 storici e 72 ricampionati) e 92 di P. Zangheri (23 storici e 69 ricampionati). Dei 151 plot ricampionati, solo 47 sono stati utilizzati per le successive analisi, perché dopo un'analisi preliminare sono risultati avere un'adeguata copertura dei dati (superiore all'80%) per quanto riguarda i tratti funzionali analizzati.

### 3.4 Protocollo di ricampionamento

Il campionamento dei dati nel Parco è avvenuto nella seconda metà di giugno 2021. I dati sono stati raccolti seguendo un protocollo standard e sono state ricampionate tre repliche (t1) per ciascun sito originale (t0). Per ogni replica è stata delimitata un'area di forma quadrata con superficie variabile pari alla dimensione dei lotti originali (t0) e tutte le specie incluse all'interno sono state identificate. Una volta identificate tutte le specie, sono stati attribuiti i valori di copertura in scala percentuale per ogni strato di vegetazione, i valori di copertura totale e i dati di inclinazione, esposizione, altitudine, latitudine e longitudine. Gli strati di vegetazione sono stati definiti negli intervalli di altezza come:  $H < 0,8$  m strato erbaceo,  $0,8 \text{ m} < H < 8$  m strato arbustivo e  $H > 8$  m strato arboreo. Non è però stato possibile riconoscere tutte le specie in campo e alla fase in campo è quindi seguita una fase di identificazione postuma al campionamento. Queste specie sono state raccolte, conservate in un erbario e portate in laboratorio per un'analisi più approfondita che ha portato all'identificazione mediante la chiave dicotomica illustrata nei volumi di "Flora d'Italia" (Pignatti, 1982). Infine, la tassonomia della specie complessiva è stata standardizzata utilizzando la checklist della flora italiana di Pignatti et al. (2017).

### 3.5 Calcolo degli indici

Per l'analisi dei tratti sopra definiti sono stati calcolati due indici: il "Community Weighted Mean" (CWM) e il "Rao's Quadratic Entropy" (Q).

Il CWM è utilizzato per calcolare la media pesata per la comunità rispetto ad un dato tratto funzionale e si calcola con la formula:

$$CWM = \sum_{i=1}^S p_i x_i$$

dove  $p_i$  è l'abbondanza relativa delle specie (con  $i = 1, 2, \dots, S$ ), e  $x_i$  è il valore del tratto per la specie  $i$ .

Il Rao's Quadratic Entropy permette di calcolare la dissimilarità attesa tra due individui di un dato assemblaggio di specie scelti casualmente e si calcola come:

$$Q = \sum_{i,j} d_{ij} p_i p_j$$

dove  $d_{ij}$  indica la dissimilarità tra le due specie  $i$  e  $j$ ;  $d_{ij}$  è pari ad 1 se  $i$  e  $j$  sono totalmente dissimili. Per calcolare un Rao standard randomizzato (evitando gli errori dati dai falsi positivi) è necessario calcolare  $Rao_{osservato}$  e  $Rao_{atteso}$  per poter individuare lo Standard effect size (SES) che corrisponde a:

$$Rao_{ses} = \left( \frac{Rao_{osservato} - Rao_{atteso}}{Rao_{atteso}} \right)$$

Per tutti e tre i traits LA, SLA, LDMC (che sono stati log10 trasformati) sono stati calcolati CWM e Rao. Per studiare il CWM (community weighted mean) è stata utilizzata la funzione *test\_cwm* del pacchetto *weimea* (D. Zelený, 2020).

Per il Rao è stata utilizzata la funzione *Rao* descritta da de Bello et al., (2010) caricata come *source* esterno. Per la randomizzazione (effettuata per 999 volte) è stata utilizzata la funzione *taxashuffle* del pacchetto *picante* ed in seguito è stato utilizzato un test di Kruskal-Wallis. La distanza tra le specie è stata calcolata in *gowdis* utilizzando la distanza di gower (funzione *gowdis*).

### 3.6 Analisi dati

Le analisi sono state effettuate tramite il software R (R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, <http://www.R-project.org>).

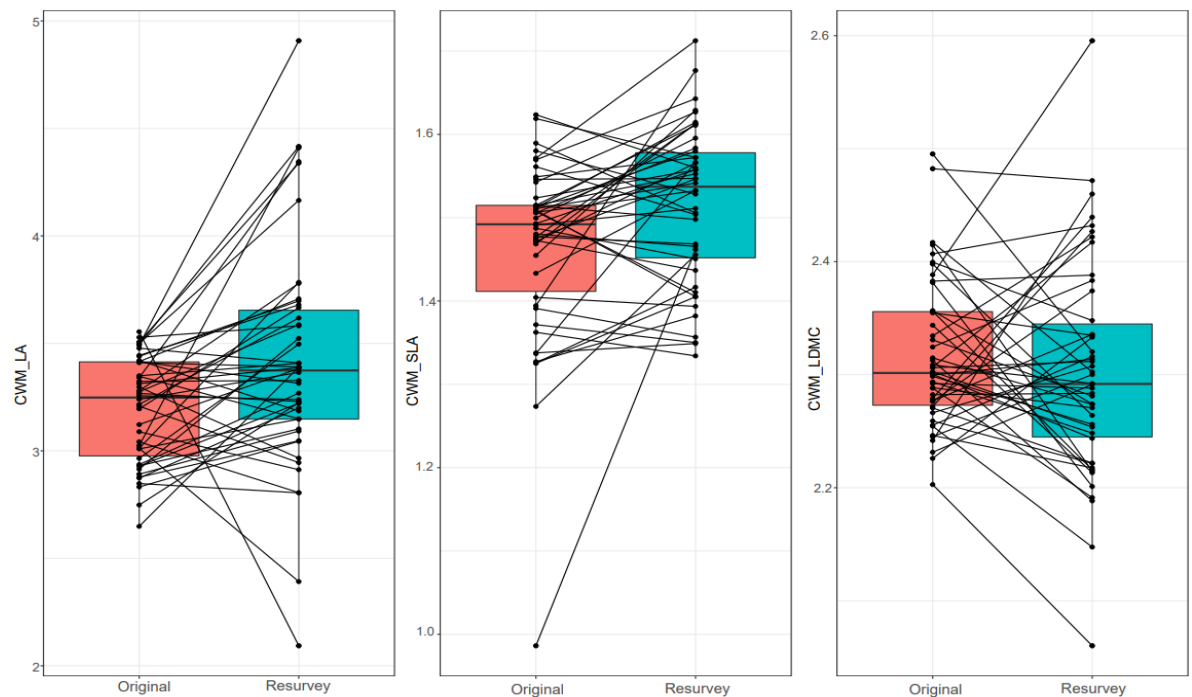
Per l'analisi di CWM è stata fatta un ANOVA calcolata con la funzione *test\_cwm* del pacchetto *weimea* (Zelený David).

Per l'analisi del Rao è stato fatto uno Shapiro test con la funzione *shapiro.test* del pacchetto *stats* (R Core Team and contributors worldwide) per verificare se i dati fossero parametrici o non parametrici. I dati sono risultati essere non parametrici e quindi per l'analisi è stata utilizzata la funzione *kruskal.test* del pacchetto *stats* per calcolare il test di Kruskal-Wallis, un test statistico non parametrico che permette di analizzare le differenze presenti tra tre o più variabili indipendenti. Infine, sono stati costruiti i boxplot con la funzione *ggplot* del pacchetto *ggplot2* (Wickham H., 2016) per poter osservare visivamente i risultati.

## 4. Risultati

Lo studio ha mostrato che su un totale di 47 siti ricampionati al tempo  $t_1$  a confronto con i siti campionati al tempo  $t_0$ , non si osservano variazioni significative sia per quanto riguarda il CWM che per Rao.

Per quanto riguarda il CWM si può osservare che i valori dei traits al tempo  $t_1$  sono in linea per quasi tutti i traits con quelli del tempo  $t_0$ . Si nota un leggero aumento della LA la cui varianza è spiegata per il 7.3% ( $p= 0.114$ ) e nessun cambiamento evidente nella leaf dry matter content (LDMC) con una percentuale di varianza spiegata dal modello pari a 0.6% ( $p= 0.602$ ). Si può invece evidenziare come il valore della CWM per la SLA al tempo  $t_1$  sia leggermente superiore a quello al tempo  $t_0$ .

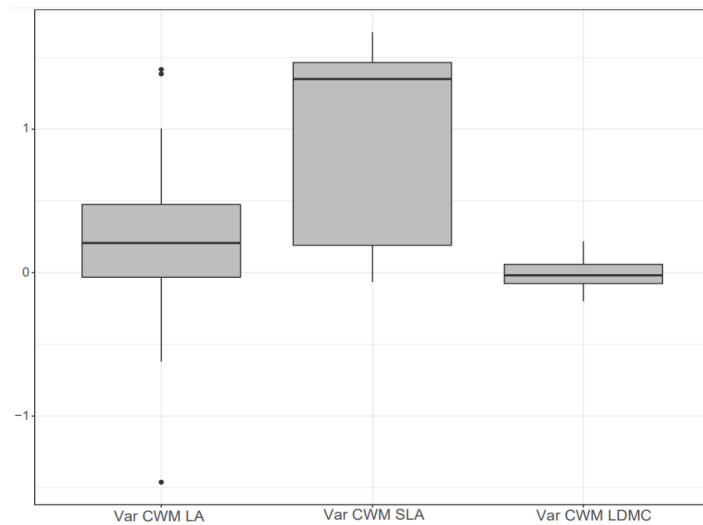


**Figura 3** Grafico del CWM al tempo  $t_0$  e  $t_1$  per i traits (LA: leaf area; SLA: specific leaf area; LDMC: leaf dry content matter).

**Tabella 1** Anova di CWM per i traits (LA: leaf area; SLA: specific leaf area; LDMC: leaf dry content matter). R-squared, F (valore di Fisher) e p-value.

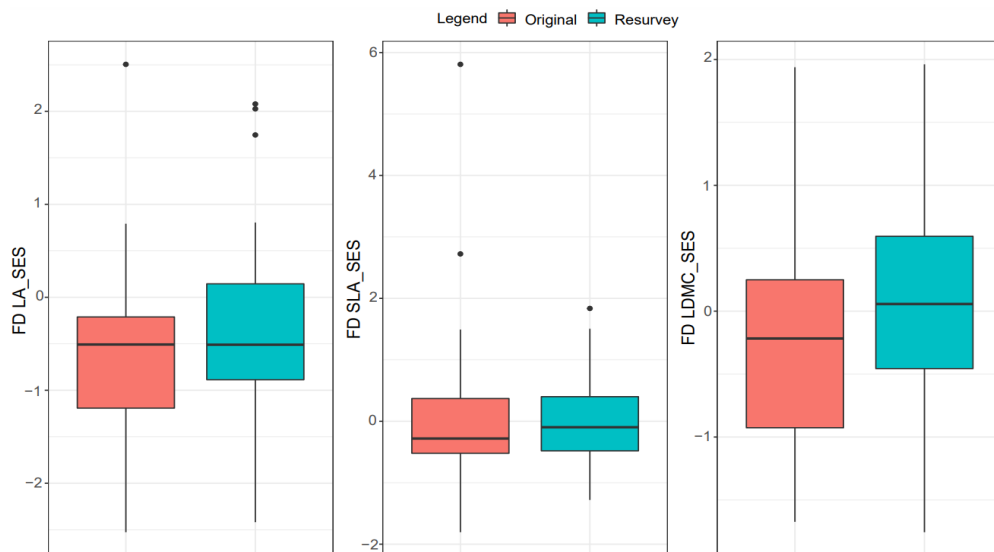
Trait	Rsquared	F	p-value
LA	7.3%	7.10	0.114
SLA	0.6%	0.61	0.602
LDMC	6.1%	5.92	0.126

Questo si può mettere in evidenza nel secondo grafico, dove la varianza della SLA, spiegata dal modello per lo 0.6% ( $p=0.126$ ), è evidentemente superiore allo 0 al contrario della varianza di LA e LDMC.



**Figura 4** Grafico della varianza tra  $t_0$  e  $t_1$  CWM per i tratti (LA: leaf area; SLA: specific leaf area; LDMC: leaf dry content matter).

Per quanto riguarda il Rao complessivamente non si evidenzia nessuna variazione significativa dal tempo  $t_0$  al tempo  $t_1$ . Si può comunque osservare un leggero aumento della diversità nel tempo nella LA e nel LDMC mentre la SLA rimane costante. Solamente nel caso della LA si osserva una lieve convergenza, con valori inferiori allo 0 nel grafico. La varianza della LA può essere spiegata dal modello per l'1.4% ( $p=0.0.79$ ). Per SLA ( $p=0.0.62$ ) e LDMC ( $p=0.07$ ), con valori dell'indice intorno allo zero parliamo di andamento random della comunità.



**Figura 5** Boxplot del Rao standardizzato al tempo  $t_0$  e  $t_1$  per i traits (LA: leaf area; SLA: specific leaf area; LDMC: leaf dry content matter)

**Tabella 2** Kruskal-Wallis per Rao per i traits (LA: leaf area; SLA: specific leaf area; LDMC: leaf dry content matter). Chi-squared e p-value.

	Chi-squared	p-value
LA_SES	0.79	0.37
SLA_SES	0.25	0.62
LDMC_SES	3.25	0.07



## 5. Discussione

Analizzando i dati ottenuti nello studio si può osservare come la diversità funzionale delle comunità vegetali delle foreste casentinesi non sia variata in maniera significativa in un arco temporale di 50 anni. Si osserva un aumento, seppur non significativo, delle dimensioni fogliari medie nelle comunità considerate. Relativamente al Rao, si osservano variazioni poco evidenti per tutti i tratti, è possibile comunque evidenziare un cambiamento, benché minimo, nella LA, che indica un pattern di convergenza.

Diversi studi (Dwyer et al., 2014; Evans & Poorter, 2001; Meziane & Shipley, 1999) indicano che l'aumento della SLA, potrebbe essere indicativo dell'aumento della copertura forestale. Tale aumento, infatti, andando ad incrementare la zona in ombra al di sotto della volta, induce le piante ad accrescere le proprie dimensioni. Un valore di SLA più elevato implica una maggiore capacità di catturare la luce, risultando vantaggioso in condizioni di bassa luminosità. L'ipotesi dell'aumento della copertura forestale è in linea con la gestione del territorio (Lelli et al., 2020). La conversione dei boschi cedui in fustaie, infatti, dovrebbe favorire il rimboschimento del parco. In futuro, integrando i dati da noi campionati con dati di copertura forestale sarà possibile verificare questa relazione.

Pairo et al., (2021) evidenziano come all'aumentare dell'età di una foresta e della rispettiva copertura forestale, la diversità funzionale diminuisca. Questo avviene perché le specie vengono inizialmente filtrate dall'ambiente e all'interno della comunità rimangono solo quelle in grado di adattarsi. Parliamo quindi di "habitat filtering" da parte dell'ambiente sulle specie presenti. Anche questo dato è in linea con l'ipotesi dell'aumento della copertura arborea poiché, essendo le risorse limitate, l'ambiente filtra solo quelle specie che sono in grado di sopravvivere e adattarsi. L'habitat filtering comporta una diminuzione della ricchezza funzionale (tramite esclusione delle specie inadatte) e della divergenza funzionale (a causa dell'aumento dell'abbondanza delle specie adattate) (Cornwell, 2006; Weiher et al., 1998).

Allo stesso tempo Purschke et al., (2013) hanno dimostrato che su scale temporali più elevate si osserva un aumento della diversità funzionale, ovvero, specie funzionalmente simili vengono sostituite da specie funzionalmente diverse. In questo caso oltre al filtraggio ambientale avviene un ulteriore filtraggio delle specie tramite la competizione interspecifica. Una volta che le specie in grado di adattarsi allo stress sono state

selezionate dall'ambiente, queste entrano in competizione tra loro per migliorare le loro capacità di sfruttamento delle condizioni ambientali. Considerando che la gestione è cessata da meno di 50 anni in quest'area, la convergenza potrebbe evidenziare che la Foresta del Casentino si trovi nei "primi stadi di successione". Studi futuri, effettuati su scale temporali e spaziali differenti, permetteranno di verificare se il pattern rimarrà convergente o se interverranno processi di esclusione competitiva che faranno aumentare la diversità funzionale.

## **6. Conclusioni**

In conclusione, bisogna considerare che i processi che avvengono a livello delle comunità forestali necessitano di tempi molto estesi per essere osservabili. Di conseguenza i dati analizzati in questo studio permettono di valutare solo una piccola parte della dinamica forestale e dei processi ecologici che si sono susseguiti dall'abbandono della gestione. Quindi, si può concludere che il cambiamento dello spazio funzionale riportato in questo lavoro, potrebbe accentuarsi nelle fasi successive della successione ecologica, dove le dinamiche di competizione potrebbero portare ad un ulteriore filtraggio delle specie della comunità.

Eventuali studi che vorranno prendere in considerazione anche le interazioni tra le specie, dovranno considerare tutti gli aspetti critici degli approcci che si utilizzano e che possono influenzare i risultati in ogni fase dello studio. Gli errori di rilocalizzazione delle coordinate, gli errori di identificazione campionamento in foresta sono sicuramente i più frequenti.

Di conseguenza, per ottenere una panoramica più completa studi futuri dovranno integrare osservazioni su scale temporali e spaziali più ampie, che forniscano ulteriori informazioni come la copertura forestale o l'analisi funzionale di tratti e indici di diversità differenti. A questo scopo, progetti di ricerca che mirano ad un futuro utilizzo del dato potranno fornire utili informazioni sulla dinamica di ecosistemi complessi e con cicli dinamici molto lunghi come nel caso delle foreste.

## **Ringraziamenti**

Un sincero grazie a tutte le persone che mi hanno permesso di arrivare fino a qui, dedico a voi questo mio piccolo traguardo.

Vorrei ringraziare in primis il prof Chiarucci per avermi dato l'opportunità di realizzare questo progetto di tirocinio e per la passione che è riuscito a trasmettermi. Un sentito ringraziamento va alla dott.ssa Arianna Ferrata e al dott. Michele Di Musciano, correlatori della tesi, e al dott. Nicola Alessi per il sostegno e la disponibilità durante ogni fase del progetto di tirocinio e tesi. Grazie anche a Federica e Stefania per aver condiviso con me questa esperienza.

Non posso non menzionare la mia famiglia che da sempre mi sostiene nella realizzazione dei miei progetti. Non finirò mai di ringraziarvi per avermi permesso di arrivare fin qui.

Un ringraziamento speciale va a tutti gli amici e colleghi che dal primo anno fino all'ultimo hanno incrociato il mio percorso e hanno reso più facile il raggiungimento di questo obiettivo. Devo ringraziare in particolare Alice e Letizia, per esserci state sin dal primo giorno, grazie per tutte le avventure e per aver sempre creduto in me. Sono molto fiera di quello che siete diventate. Grazie a Filippo che ha percorso con me solo una breve parte del percorso universitario ma che da quel momento in poi c'è sempre stato, che tu possa raggiungere i tuoi obiettivi. Grazie a Gianmarco per essere stato una costante nella mia vita. Un grazie speciale va ad Eugenia, che nonostante le condizioni nelle quali ci siamo conosciute è rimasta e ha migliorato gli ultimi due anni della mia vita a Bologna. Ed in fine, un ringraziamento a Stefania, senza la quale non sarei mai riuscita ad arrivare fino a qua, grazie per aver alleviato lo stress di questo ultimo periodo, per aver ascoltato ogni sfogo, per i pianti e i festeggiamenti degli ultimi mesi. Queste sono solo una piccola parte delle persone che vorrei ringraziare ma la tesi dev'essere mandata in stampa!

In conclusione, un ringraziamento a chi c'è sempre stato, a chi è arrivato da poco e a chi non c'è più.

## Bibliografia

Antolini G, Pavan V, Tomozeiu R, Marletto V (2017).

Atlante climatico dell'Emilia-Romagna 1961-2015. Arpae E

R. <https://www.arpae.it>. Accessed 05 Feb 2018

Chytr, Tichý, Hennekens, & Schaminée. (2013). Assessing vegetation change using vegetation-plot databases a risky business. *Applied Vegetation Science*.

Cornwell. (2006). *A trait-based test for habitat filtering convex hull volume*.

De Bello, F., Lavergne, S., Meynard, C. N., Lepš, J., & Thuiller, W. (2010). The partitioning of diversity: Showing Theseus a way out of the labyrinth: Theseus and the partitioning of diversity. *Journal of Vegetation Science*, 21(5), 992–1000. <https://doi.org/10.1111/j.1654-1103.2010.01195.x>

Deraison, H., Badenhausser, I., Loeuille, N., Scherber, C., & Gross, N. (2015). Functional trait diversity across trophic levels determines herbivore impact on plant community biomass. *Ecology Letters*, 18(12), 1346–1355. <https://doi.org/10.1111/ele.12529>

Díaz, S., & Cabido, M. (2001). Vive la différence: Plant functional diversity matters to ecosystem processes. *Trends in Ecology & Evolution*, 16(11), 646–655. [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(01\)02283-2](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(01)02283-2)

Dwyer, J. M., Hobbs, R. J., & Mayfield, M. M. (2014). Specific leaf area responses to environmental gradients through space and time. *Ecology*, 95(2), 399–410. <https://doi.org/10.1890/13-0412.1>

Evans, J. R., & Poorter, H. (2001). Photosynthetic acclimation of plants to growth irradiance: The relative importance of specific leaf area and nitrogen partitioning in maximizing carbon gain: Photosynthetic acclimation of plants to growth

- irradiance. *Plant, Cell & Environment*, 24(8), 755–767.  
<https://doi.org/10.1046/j.1365-3040.2001.00724.x>
- Funk, J. L., Larson, J. E., Ames, G. M., Butterfield, B. J., Cavender-Bares, J., Firm, J., Laughlin, D. C., Sutton-Grier, A. E., Williams, L., & Wright, J. (2017). Revisiting the Holy Grail: Using plant functional traits to understand ecological processes. *Biological Reviews*, 92(2), 1156–1173. <https://doi.org/10.1111/brv.12275>
- Garnier, E., Cortez, J., Billès, G., Navas, M.-L., Roumet, C., Debussche, M., Laurent, G., Blanchard, A., Aubry, D., Bellmann, A., Neill, C., & Toussaint, J.-P. (2004). PLANT FUNCTIONAL Markers capture ecosystem properties during secondary succession. *Ecology*, 85(9), 2630–2637. <https://doi.org/10.1890/03-0799>
- Garnier, E., Laurent, G., Bellmann, A., Debain, S., Berthelie, P., Ducout, B., Roumet, C., & Navas, M.-L. (2001). Consistency of species ranking based on functional leaf traits. *New Phytologist*, 152(1), 69–83. <https://doi.org/10.1046/j.0028-646x.2001.00239.x>
- J. Leps, F. de Bello, S. Lavorel, & S. Berman. (s.d.). *Quantifying and interpreting functional diversity of natural communities: Practical considerations matter*. 78 (4), pp.481-501.
- J. Messier. (2010). *How do traits vary across ecological scales A case for trait-based ecology*.
- Lavorel et al., 1997. (s.d.).
- Lavorel, S. (2013). Plant functional effects on ecosystem services. *Journal of Ecology*, 101(1), 4–8. <https://doi.org/10.1111/1365-2745.12031>
- Lelli et al. (2020). *Long-term changes in Italian mountain forests detected by resurvey of historical vegetation data*.

- Májeková, M., Paal, T., Plowman, N. S., Bryndová, M., Kasari, L., Norberg, A., Weiss, M., Bishop, T. R., Luke, S. H., Sam, K., Le Bagousse-Pinguet, Y., Lepš, J., Götzenberger, L., & de Bello, F. (2016). Evaluating Functional Diversity: Missing Trait Data and the Importance of Species Abundance Structure and Data Transformation. *PLOS ONE*, *11*(2), e0149270. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0149270>
- Mason, N. W. H., Mouillot, D., Lee, W. G., & Wilson, J. B. (2005). Functional richness, functional evenness and functional divergence: The primary components of functional diversity. *Oikos*, *111*(1), 112–118. <https://doi.org/10.1111/j.0030-1299.2005.13886.x>
- Meziane, D., & Shipley, B. (1999). Interacting determinants of specific leaf area in 22 herbaceous species: Effects of irradiance and nutrient availability. *Plant, Cell & Environment*, *22*(5), 447–459. <https://doi.org/10.1046/j.1365-3040.1999.00423.x>
- Mudrák, O., Doležal, J., Vítová, A., & Lepš, J. (2019). Variation in plant functional traits is best explained by the species identity: Stability of trait-based species ranking across meadow management regimes. *Functional Ecology*, *33*(4), 746–755. <https://doi.org/10.1111/1365-2435.13287>
- Pairo, P. E., Rodriguez, E. E., Bellocq, M. I., & Aceñolaza, P. G. (2021). Changes in taxonomic and functional diversity of plants in a chronosequence of *Eucalyptus grandis* plantations. *Scientific Reports*, *11*(1), 10768. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-89988-6>
- Pakeman, R. J., & Quested, H. M. (2007). Sampling plant functional traits: What proportion of the species need to be measured? *Applied Vegetation Science*, *10*(1), 91–96. <https://doi.org/10.1111/j.1654-109X.2007.tb00507.x>

- Pavoine, S., & Dolédec, S. (2005). The apportionment of quadratic entropy: A useful alternative for partitioning diversity in ecological data. *Environmental and Ecological Statistics*, *12*(2), 125–138. <https://doi.org/10.1007/s10651-005-1037-2>
- Pignatti S., (1982). Flora d'Italia, 1-3. Edagricole, Bologna.
- Pignatti, S., Guarino, R., La Rosa, M. (2017). Flora d'Italia, seconda edizione.
- Purschke, O., Schmid, B. C., Sykes, M. T., Poschlod, P., Michalski, S. G., Durka, W., Kühn, I., Winter, M., & Prentice, H. C. (2013). Contrasting changes in taxonomic, phylogenetic and functional diversity during a long-term succession: Insights into assembly processes. *Journal of Ecology*, *101*(4), 857–866. <https://doi.org/10.1111/1365-2745.12098>
- Ricotta, C., & Moretti, M. (2011). CWM and Rao's quadratic diversity: A unified framework for functional ecology. *Oecologia*, *167*(1), 181–188. <https://doi.org/10.1007/s00442-011-1965-5>
- Violle, C., Navas, M.-L., Vile, D., Kazakou, E., Fortunel, C., Hummel, I., & Garnier, E. (2007). Let the concept of trait be functional! *Oikos*, *116*(5), 882–892. <https://doi.org/10.1111/j.0030-1299.2007.15559.x>
- Walker, B. H., & Langridge, J. L. (2002). Measuring Functional Diversity in Plant Communities with MixedLife Forms: A Problem of Hardand Soft Attributes. *Ecosystems*, *5*(6), 529–538. <https://doi.org/10.1007/s10021-002-0154-0>
- Weiher, E., Clarke, G. D. P., & Keddy, P. A. (1998). Community Assembly Rules, Morphological Dispersion, and the Coexistence of Plant Species. *Oikos*, *81*(2), 309. <https://doi.org/10.2307/3547051>
- Westoby, M., Falster, D. S., Moles, A. T., Vesk, P. A., & Wright, I. J. (2002). Plant Ecological Strategies: Some Leading Dimensions of Variation Between Species.



*Annual Review of Ecology and Systematics*, 33(1), 125–159.

<https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.33.010802.150452>