



PIANO STRATEGICO
DELLA **PAC**
IL FUTURO DELL'AGRICOLTURA SOSTENIBILE



Specie modello e criteri metodologici per la definizione delle regioni eco-genetiche



Documento realizzato con il contributo del FEASR (Fondo Europeo Agricolo per lo Sviluppo Rurale) nell'ambito delle attività previste dal Programma Rete Nazionale della PAC 2025-2027.

Progetto (CREA, CR 04.11 Vivaistica forestale - VF)

Autorità di gestione:

Ministero dell'agricoltura, della sovranità alimentare e delle foreste

Direzione Generale Sviluppo Rurale

Direttore Generale: Simona Angelini

Responsabile scientifico:

Giuseppe Pignatti

Autori:

Testo, elaborazioni: Francesca Cellitti, Giuseppe Pignatti

Revisione critica specie modello: Fulvio Ducci, Maria Cristina Monteverdi, Roberta Proietti

Data:

Giugno 2026

Impaginazione e grafica:

Roberta Ruberto e Mario Cariello

INDICE

RIASSUNTO	5
1. REGIONI DI PROVENIENZA ECO-GENETICHE.....	7
2. CRITERI METODOLOGICI	9
2.1 Specie modello	9
2.2 Principi metodologici comuni	10
3. BASI INFORMATIVE.....	12
3.1 Inventario Forestale Nazionale	12
3.2 Dati climatici	13
3.3 Informazioni genetiche.....	13
3.4 Informazioni sul paesaggio forestale	13
3.5 Layer cartografici di supporto.....	14
4. PREPARAZIONE DEI DATI E WORKFLOW	16
4.1 Preparazione delle basi informative	17
4.2 Costruzione dei dataset	17
4.3 Analisi statistiche	18
4.4 Contributo delle informazioni disponibili	20
5. APPLICAZIONE DEL METODO.....	22
5.1 Leccio (<i>Quercus ilex</i> L.)	22
5.1.1 Stato delle conoscenze genetiche	22
5.1.2 Costruzione della regionalizzazione eco-genetica.....	23
5.1.3 Caratterizzazione climatica delle regioni eco-genetiche.....	24
5.1.4 Validazione statistica della regionalizzazione	24
5.1.5 Implicazioni operative	26
5.2 Abete bianco (<i>Abies alba</i> Mill.)	27
5.2.1 Caratteristiche ecologiche e inquadramento biogeografico	27
5.2.2 Stato delle conoscenze genetiche	27
5.2.3 Validazione eco-climatica delle regioni.....	28
5.2.4 Validazione statistica e supporto genetico	29
5.2.5 Implicazioni operative per la gestione dei materiali di base	30
5.3 Faggio (<i>Fagus sylvatica</i> L.).....	32
5.3.1 Inquadramento ecologico della specie.....	32
5.3.2 Stato delle conoscenze genetiche	32

5.3.3	Costruzione delle regioni eco-genetiche.....	33
5.3.4	Validazione eco-climatica.....	33
5.3.5	Interpretazione dei risultati.....	34
5.3.6	Indicazioni operative per la selezione e gestione dei materiali di base forestali.....	36
5.4	Ciliegio selvatico (<i>Prunus avium</i> L.)	38
5.4.1	Ecologia della specie e criteri per la definizione delle regioni eco-genetiche.....	38
5.4.2	Distribuzione della specie e caratterizzazione del paesaggio forestale	39
5.4.3	Integrazione con le conoscenze genetiche	43
5.4.4	Interpretazione dei risultati.....	43
5.4.5	Indicazioni operative per la raccolta e scelta dei Materiali di Base	45
6.	CONCLUSIONI E PROSPETTIVE DI SVILUPPO.....	47
7.	BIBLIOGRAFIA.....	50
8.	APPENDICE	53
8.1	Aggiornamento della cartografia nazionale delle regioni di provenienza.....	53
8.1.1	Elaborazione GIS.....	53
8.1.2	Aggiornamento geometrico delle regioni di provenienza del Piemonte	53
8.1.3	Aggiornamento geometrico delle regioni di provenienza per la Sicilia	54
8.2	Caratterizzazione climatica ed ecologica di sintesi.....	55
8.2.1	Analisi statistiche preliminari	56

RIASSUNTO

La disponibilità di Materiali Forestali di Moltiplicazione (MFM) idonei rappresenta uno dei presupposti essenziali per la realizzazione degli interventi di rimboschimento, riforestazione, ricostituzione forestale e ripristino degli ecosistemi. La scelta della provenienza del materiale influenza, infatti, la capacità delle popolazioni forestali di mantenere livelli adeguati di adattamento alle condizioni ambientali, di conservare la diversità genetica e di garantire la stabilità degli ecosistemi nel lungo periodo.

Negli ultimi anni le politiche dell'Unione Europea hanno attribuito crescente rilievo alla conservazione e all'utilizzo sostenibile delle risorse genetiche forestali. Il Green Deal europeo, la Strategia Forestale dell'Unione Europea per il 2030, la Strategia per la Biodiversità e il Regolamento sul Ripristino della Natura individuano nel materiale forestale di moltiplicazione uno degli elementi necessari per migliorare la resilienza delle foreste, favorire l'adattamento ai cambiamenti climatici e incrementare l'efficacia degli interventi di ripristino ambientale.

In questo contesto si inserisce il Regolamento (UE) 2026/1392 relativo ai Materiali Forestali di Moltiplicazione. Il nuovo quadro normativo si sviluppa in sostanziale continuità con la Direttiva 1999/105/CE e con il decreto legislativo 10 novembre 2003, n. 386, mantenendone invariati i principi fondamentali, quali l'individuazione dei materiali di base, la classificazione del materiale forestale nelle diverse categorie, i sistemi di certificazione, la tracciabilità e la registrazione dei materiali di base. Le principali innovazioni riguardano gli obiettivi perseguiti dal sistema, che viene esplicitamente orientato a supportare le politiche di adattamento ai cambiamenti climatici, di tutela della biodiversità e di ripristino degli ecosistemi.

Il nuovo quadro normativo conferma il ruolo della Regione di Provenienza quale unità di riferimento per la gestione e la certificazione del materiale forestale, evidenziando al tempo stesso la necessità di una conoscenza sempre più approfondita delle caratteristiche ecologiche e genetiche delle popolazioni forestali. La disponibilità di informazioni climatiche ad elevata risoluzione, dei dati dell'Inventario Forestale Nazionale e dei risultati prodotti dalla ricerca genetica consente oggi di integrare basi informative complementari per una più accurata caratterizzazione delle popolazioni naturali.

Questa linea guida è stata predisposta con l'obiettivo di definire un quadro metodologico per l'individuazione di regioni eco-genetiche di riferimento a supporto della gestione delle Regioni di Provenienza. Il documento non propone una revisione dell'assetto normativo vigente né sostituisce la cartografia ufficiale delle Regioni di Provenienza, ma fornisce criteri tecnici e strumenti operativi finalizzati a integrare le informazioni ecologiche, climatiche e genetiche disponibili, in coerenza con gli indirizzi della normativa europea.

L'approccio metodologico è stato sviluppato e verificato mediante l'applicazione a quattro specie modello - leccio (*Quercus ilex* L.), abete bianco (*Abies alba* Mill.), faggio (*Fagus sylvatica* L.) e ciliegio selvatico (*Prunus avium* L.) - selezionate in ragione delle differenti caratteristiche ecologiche, biogeografiche e genetiche. L'applicazione del medesimo schema generale a specie con caratteristiche differenti ha consentito di verificare la robustezza dell'impostazione metodologica e di individuare gli adattamenti necessari in funzione della biologia e della distribuzione delle singole specie.

L'elemento qualificante del lavoro è rappresentato dalla definizione di un metodo integrato, basato sull'utilizzo coordinato delle informazioni inventariali, climatiche, ecologiche e genetiche mediante procedure statistiche e strumenti GIS (fig. 1.1). La regionalizzazione proposta per ciascuna specie costituisce il risultato dell'applicazione di tale metodo e rappresenta un esempio operativo della sua utilizzazione. L'impostazione adottata è concepita per essere progressivamente estesa ad altre specie forestali,

mantenendo un quadro metodologico unitario e garantendo la possibilità di aggiornare le regionalizzazioni sulla base dell'evoluzione delle conoscenze scientifiche.

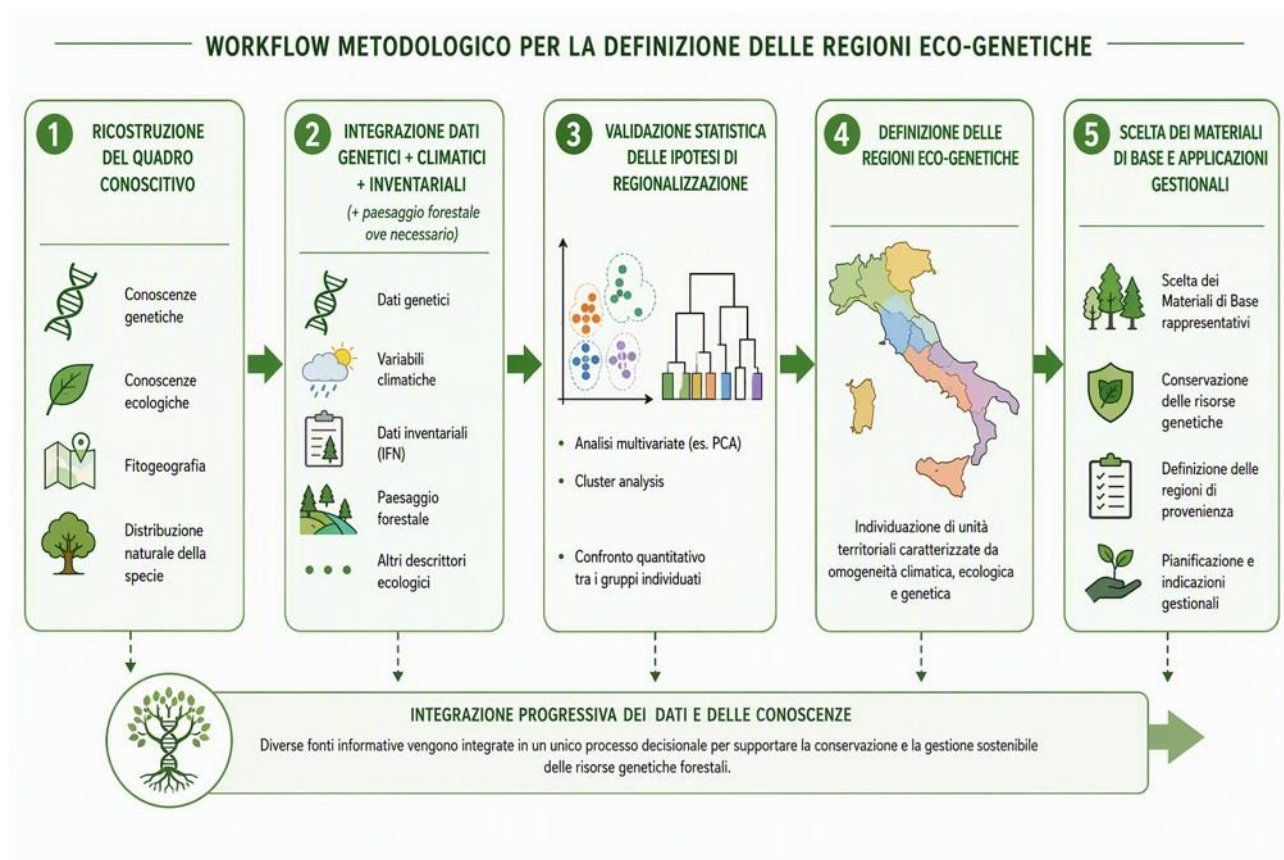


Figura 1.1. Workflow metodologico: dalla raccolta dei dati alla definizione delle regioni eco-genetiche.

In questo contributo vengono descritti il quadro metodologico, le basi informative utilizzate, il workflow di elaborazione e i criteri adottati per l'interpretazione dei risultati sulle specie modello con le relative indicazioni tecnico-operative. Il lavoro è destinato alle amministrazioni competenti, ai soggetti responsabili della gestione dei Materiali Forestali di Moltiplicazione, ai tecnici del settore forestale, ai vivaisti e ai ricercatori. Il documento intende fornire un riferimento metodologico comune per l'aggiornamento delle conoscenze sulle Regioni di Provenienza e per il loro progressivo adeguamento alle esigenze poste dall'evoluzione del quadro normativo e delle conoscenze scientifiche.

1. REGIONI DI PROVENIENZA ECO-GENETICHE

La disciplina dei Materiali Forestali di Moltiplicazione (MFM) si fonda sul principio che il materiale utilizzato negli interventi forestali debba essere identificabile, tracciabile e idoneo alle condizioni ambientali nelle quali sarà impiegato. Tale principio costituisce uno degli elementi cardine della normativa europea e nazionale e trova nella Regione di Provenienza l'unità territoriale di riferimento per la raccolta, la certificazione e l'utilizzazione del materiale forestale di moltiplicazione.

Il decreto legislativo 10 novembre 2003, n. 386, di recepimento della Direttiva 1999/105/CE, definisce la Regione di Provenienza come un territorio o un insieme di territori sottoposti a condizioni ecologiche sufficientemente uniformi, nel quale popolamenti o fonti di seme presentano caratteristiche fenotipiche o genetiche analoghe. Tale definizione ha consentito di realizzare un sistema nazionale di identificazione delle provenienze fondato su criteri oggettivi e condivisi (<https://www.masaf.gov.it/ServeBLOB.php/L/IT/flex/cm/pages/IDPagina/16635>), garantendo negli anni un efficace supporto alla produzione, certificazione e commercializzazione del materiale forestale.

Il Regolamento (UE) 2026/1392 conferma integralmente tale impostazione, mantenendo invariati i principi fondamentali del sistema relativo ai Materiali Forestali di Moltiplicazione. In tale prospettiva, la scelta della provenienza assume un'importanza crescente quale strumento per incrementare la resilienza delle future popolazioni forestali e migliorare l'efficacia degli interventi di rimboschimento e restauro ambientale.

L'attuale cartografia nazionale delle Regioni di Provenienza costituisce il riferimento operativo previsto dalla normativa italiana. Essa deriva dalla regionalizzazione ecologica proposta da Cagelli et al. 2021, elaborata con l'obiettivo di suddividere il territorio nazionale in grandi unità caratterizzate da differenti condizioni ambientali (Camoriano et al. 2023). Tale impostazione rappresenta un quadro di riferimento generale per la gestione delle risorse forestali e non è stata sviluppata per descrivere la variabilità genetica delle singole specie forestali. La classificazione è inoltre organizzata secondo una struttura gerarchica, nella quale le macroregioni possono essere progressivamente articolate in unità di maggiore dettaglio in funzione delle specifiche esigenze applicative.

La disponibilità di una struttura gerarchica rappresenta uno degli elementi di maggiore interesse della regionalizzazione ecologica nazionale, poiché consente di mantenere un quadro unitario di riferimento e, al tempo stesso, di sviluppare approfondimenti mirati per specifiche finalità gestionali. Questa linea guida si colloca in questa prospettiva. L'obiettivo non è sostituire la regionalizzazione ecologica esistente né modificare il quadro normativo vigente, ma sviluppare un livello di analisi complementare, finalizzato alla caratterizzazione eco-genetica delle singole specie forestali.

Negli ultimi due decenni le conoscenze disponibili sulle popolazioni forestali hanno registrato un'evoluzione significativa. Gli studi di genetica delle popolazioni e di filogeografia hanno consentito di descrivere con crescente dettaglio la struttura genetica di numerose specie forestali italiane, evidenziando differenze che riflettono la storia evolutiva delle popolazioni, la presenza di rifugi glaciali, i processi migratori postglaciali e gli adattamenti alle differenti condizioni ambientali. Parallelamente, la disponibilità di basi dati climatiche ad alta risoluzione, di informazioni derivate dall'Inventario Forestale Nazionale e di strumenti GIS e statistici rende possibile un'integrazione quantitativa delle diverse fonti informative.

Questa evoluzione delle conoscenze suggerisce l'opportunità di affiancare al criterio prevalentemente ecologico utilizzato per la definizione delle macroregioni un approccio eco-genetico, nel quale le caratteristiche climatiche e ambientali vengano interpretate congiuntamente alle informazioni disponibili

sulla variabilità genetica delle popolazioni. Il criterio ecologico continua, pertanto, a costituire il quadro territoriale di riferimento, mentre la componente genetica consente di interpretare come le singole specie rispondano alle differenti condizioni ambientali e quali popolazioni presentino caratteristiche di particolare interesse ai fini della conservazione e dell'utilizzo del materiale forestale di moltiplicazione.

L'applicazione di questo principio comporta una conseguenza metodologica rilevante. Specie differenti presentano infatti storie evolutive, strategie ecologiche, modalità di dispersione e livelli di differenziazione genetica profondamente diversi. Di conseguenza, una suddivisione ottimale per una determinata specie non risulta necessariamente appropriata per un'altra. Ne deriva l'opportunità di adottare un approccio specie-specifico, nel quale un quadro metodologico comune venga applicato utilizzando, di volta in volta, le informazioni più pertinenti per la specie considerata.

L'adozione di una regionalizzazione eco-genetica specie-specifica produce ricadute operative di particolare interesse. Essa consente di individuare con maggiore accuratezza le popolazioni di riferimento per la raccolta del materiale di propagazione, di ottimizzare la distribuzione dei Materiali di Base sul territorio, di semplificare la programmazione delle attività vivaistiche e di migliorare la corrispondenza tra il materiale prodotto e gli ambiti nei quali esso sarà impiegato. Al tempo stesso, un quadro metodologico comune rende possibile l'aggiornamento progressivo delle regionalizzazioni in funzione dell'evoluzione delle conoscenze scientifiche, senza modificare l'impianto generale del sistema.



2. CRITERI METODOLOGICI

La definizione di regioni eco-genetiche richiede l'integrazione di informazioni di diversa natura, riconducibili alla distribuzione delle specie, alle caratteristiche ecologiche degli ambienti nei quali esse si sviluppano e alle conoscenze disponibili sulla struttura genetica delle popolazioni. L'importanza relativa di tali componenti varia, tuttavia, sensibilmente da specie a specie, in funzione della biologia, della storia evolutiva e del livello di conoscenza scientifica disponibile.

Per alcune specie forestali sono infatti disponibili numerosi studi genetici e filogeografici, capaci di descrivere con elevato dettaglio la struttura delle popolazioni naturali; per altre, le informazioni sono ancora limitate o riferite a contesti geografici circoscritti. Analogamente, le specie differiscono per distribuzione, ampiezza della nicchia ecologica, modalità di dispersione e risposta ai gradienti ambientali. Ne consegue che il contributo delle diverse fonti informative non può essere considerato costante, ma deve essere valutato in funzione delle caratteristiche della specie oggetto di analisi.

Sulla base di tali considerazioni è stato sviluppato un quadro metodologico comune, costruito secondo tre principi fondamentali:

- utilizzo di basi informative omogenee e disponibili a scala nazionale;
- applicazione di procedure statistiche riproducibili e verificabili;
- adattabilità del workflow alle caratteristiche biologiche delle singole specie.

Il metodo non si configura pertanto come una procedura rigida, ma come una struttura modulare nella quale le diverse componenti informative possono assumere un peso differente, mantenendo invariata la logica generale del processo di regionalizzazione.

2.1 Specie modello

Per verificare la robustezza dell'approccio metodologico sono state selezionate quattro specie modello, rappresentative di differenti condizioni ecologiche, biogeografiche e genetiche presenti nel patrimonio forestale italiano. L'obiettivo non è sviluppare quattro procedure indipendenti, ma verificare la capacità del medesimo schema metodologico di adattarsi a specie caratterizzate da differenti strategie ecologiche, livelli di conoscenza genetica e modalità di distribuzione.

Il leccio (*Quercus ilex* L.) rappresenta il modello di una specie mediterranea dominante, caratterizzata da un areale relativamente continuo e da una struttura genetica ben documentata. La distribuzione della specie riflette i principali gradienti climatici del bacino mediterraneo, consentendo una stretta integrazione tra caratterizzazione ecologica e informazioni genetiche.

L'abete bianco (*Abies alba* Mill.) costituisce invece il modello di una specie montana con una marcata struttura filogeografica, fortemente influenzata dalla frammentazione degli areali durante le glaciazioni quaternarie. In questo caso la componente genetica assume un ruolo determinante nell'interpretazione delle differenze tra popolazioni, mentre i fattori climatici e antropici contribuiscono a spiegare la distribuzione attuale dei principali nuclei di presenza.

Il faggio (*Fagus sylvatica* L.) rappresenta una specie boschiva con ampia distribuzione lungo la penisola italiana. Pur essendo disponibili numerosi studi genetici, la struttura delle popolazioni appare generalmente più continua rispetto a quella osservabile nell'abete bianco. L'analisi ecologica assume pertanto un ruolo relativamente più importante nell'individuazione delle principali unità territoriali.

Il ciliegio selvatico (*Prunus avium* L.) costituisce infine un caso profondamente diverso. Si tratta di una specie sporadica, raramente dominante, la cui distribuzione dipende non soltanto dal clima, ma anche dalla composizione del paesaggio forestale circostante e dai processi dinamici che regolano l'evoluzione dei popolamenti. In questo caso la caratterizzazione ecologica è stata integrata con un'analisi del contesto forestale, utilizzando le informazioni derivate dall'intorno dei punti dell'Inventario Forestale Nazionale. La fase successionale del popolamento rappresenta un ulteriore elemento interpretativo della presenza della specie, ma opera a una scala spaziale più fine rispetto a quella considerata in questo lavoro e non è stata pertanto inclusa tra le variabili del workflow.

La scelta delle quattro specie consente di coprire alcune delle situazioni riscontrabili nel Registro Nazionale dei Materiali di Base (RNMB), comprendendo specie mediterranee e montane, specie dominanti e sporadiche, nonché differenti livelli di conoscenza della struttura genetica (fig. 2.1). Ciascuna specie rappresenta inoltre un differente caso metodologico, contribuendo alla verifica della trasferibilità e della robustezza dell'approccio proposto.

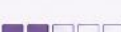
SPECIE	CONTESTO BIOGEOGRAFICO	DISTRIBUZIONE	RUOLO ECOLOGICO	LIVELLO DELLE CONOSCENZE GENETICHE	PRINCIPALE CONTRIBUTO METODOLOGICO
 Quercus ilex	 Mediterraneo	 Ampia ma differenziata (penisola e isole)	 Specie dominante	 Elevato	 Specie pilota per la definizione e la validazione del workflow metodologico
 Abies alba	 Montano	 Frammentata, con popolazioni relitte	 Specie dominante	 Molto elevato	 Verifica dell'integrazione tra dati ecologici e conoscenze filogeografiche
 Fagus sylvatica	 Montano temperato	 Ampia e continua	 Specie dominante	 Intermedio	 Applicazione del metodo a una specie con ampia continuità distributiva e gradienti ecologici marcati
 Prunus avium	 Temperato	 Diffusa ma discontinua	 Specie sporadica	 Limitato-intermedio	 Verifica dell'applicabilità del metodo a una specie discontinua, nella quale assumono maggiore rilievo gli aspetti ecologici e paesaggistici

Figura 2.1. Caratteristiche sintetiche delle specie modello utilizzate per la validazione del workflow metodologico.

2.2 Principi metodologici comuni

Pur nella loro diversità ecologica e biologica, le quattro specie modello sono state analizzate mediante un'impostazione metodologica comune.

Il punto di partenza è costituito dalla distribuzione reale della specie, ricostruita attraverso i dati dell'Inventario Forestale Nazionale, che rappresenta la base per la caratterizzazione delle popolazioni naturali. A tali informazioni vengono integrate variabili climatiche derivate da basi dati omogenee a scala nazionale e, quando necessario, ulteriori elementi descrittivi del contesto ambientale, quali la composizione del paesaggio forestale, la continuità della copertura boschiva e le principali caratteristiche ecologiche del territorio.

Le informazioni ecologiche vengono successivamente interpretate alla luce delle conoscenze genetiche disponibili per ciascuna specie, con l'obiettivo di individuare unità territoriali coerenti sia dal punto di vista biologico sia da quello operativo. L'interpretazione finale non deriva pertanto da una singola fonte informativa, ma dall'integrazione dei diversi livelli di conoscenza disponibili.

Il workflow sviluppato mantiene invariata questa struttura generale per tutte le specie considerate, adattando tuttavia il contributo relativo delle diverse componenti informative alle caratteristiche biologiche della specie analizzata. Nelle specie con una struttura genetica ben definita, le evidenze filogeografiche assumono un ruolo prevalente nell'interpretazione delle unità territoriali; nelle specie caratterizzate da una maggiore continuità genetica, acquistano invece maggiore rilevanza le differenze ecologiche e climatiche; nelle specie sporadiche possono infine rendersi necessarie informazioni aggiuntive relative al paesaggio forestale.

Questa impostazione consente di mantenere un quadro metodologico unitario, garantendo al tempo stesso la flessibilità necessaria per descrivere realtà biologiche profondamente differenti. L'applicazione del metodo alle quattro specie modello evidenzia come la definizione delle regioni eco-genetiche si fondi su alcuni principi metodologici comuni, che rimangono invariati indipendentemente dalla specie considerata:

- **utilizzo della distribuzione reale della specie** quale riferimento per la caratterizzazione delle popolazioni naturali;
- **integrazione della caratterizzazione ecologica**, ottenuta mediante dati climatici e ambientali omogenei a scala nazionale;
- **interpretazione dei risultati alla luce delle conoscenze genetiche e filogeografiche** disponibili per la specie;
- **validazione quantitativa delle unità individuate**, mediante procedure statistiche riproducibili;
- **organizzazione gerarchica delle unità territoriali**, sviluppata in coerenza con la regionalizzazione ecologica nazionale e progressivamente affinata attraverso l'integrazione delle informazioni eco-genetiche.

3. BASI INFORMATIVE

La definizione di regioni eco-genetiche richiede l'integrazione di informazioni provenienti da fonti diverse, ciascuna caratterizzata da specifiche potenzialità e limiti. Nessuna banca dati, considerata singolarmente, è infatti in grado di descrivere in modo esaustivo la complessità ecologica e genetica delle popolazioni forestali. Il metodo proposto si fonda pertanto sull'utilizzo integrato di basi informative complementari, selezionate in funzione della loro disponibilità, omogeneità territoriale e rilevanza biologica rispetto alla specie considerata.

Le principali fonti informative impiegate comprendono la distribuzione reale delle specie derivata dall'Inventario Forestale Nazionale, i dati climatici, le conoscenze genetiche disponibili e, per alcune specie, informazioni relative al contesto del paesaggio forestale (fig. 3.1). A queste possono affiancarsi ulteriori layer cartografici di supporto, utilizzati quando utili all'interpretazione dei risultati.

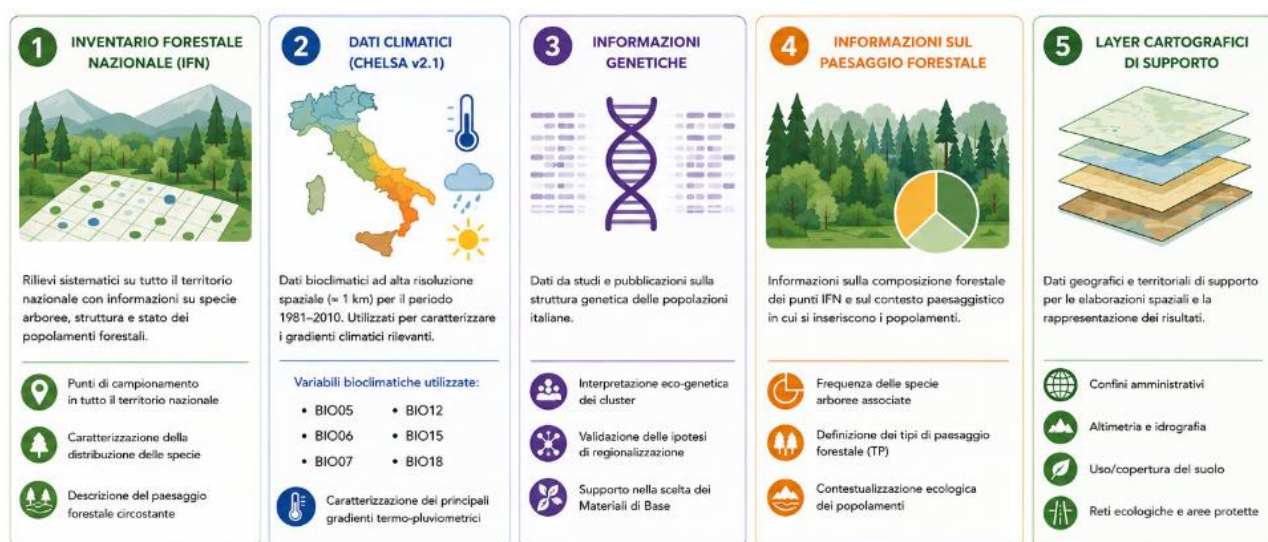


Figura 3.1. Rappresentazione sintetica delle fonti informative integrate per la definizione delle regioni eco-genetiche delle diverse specie.

3.1 Inventario Forestale Nazionale

L'Inventario Forestale Nazionale (IFN) costituisce la principale fonte di informazioni sulla distribuzione reale delle specie forestali in Italia. I rilievi, effettuati secondo criteri omogenei sull'intero territorio nazionale, permettono di disporre di un campione rappresentativo delle popolazioni naturali e delle condizioni ecologiche nelle quali esse sono presenti.

Nel metodo proposto, i punti inventariali, con informazioni riconducibili ad un reticolo di 1 km^2 , rappresentano il riferimento di base per tutte le elaborazioni successive. Essi consentono di descrivere la distribuzione effettiva della specie, evitando le distorsioni che possono derivare dall'utilizzo di dati di presenza raccolti con metodologie eterogenee o provenienti da archivi opportunistici. L'Inventario Forestale costituisce pertanto la base comune sulla quale vengono integrate le altre informazioni ecologiche e genetiche.

3.2 Dati climatici

La caratterizzazione ecologica delle popolazioni è stata realizzata mediante variabili bioclimatiche derivate da banche dati climatiche omogenee a scala nazionale. Tali informazioni consentono di descrivere i principali gradienti ambientali ai quali risultano esposte le popolazioni forestali, rappresentando uno degli elementi fondamentali per l'interpretazione della loro distribuzione.

In questo lavoro sono stati utilizzati i dati climatici del database CHELSA V2.1 (Climatologies at High Resolution for the Earth's Land Surface), che fornisce variabili bioclimatiche ad alta risoluzione spaziale (circa 1 km²) e rappresenta attualmente uno dei principali riferimenti per studi di ecologia e biogeografia (Karger et al. 2017). Le variabili climatiche costituiscono la base per la caratterizzazione ecologica delle popolazioni e per il confronto quantitativo tra le unità territoriali individuate.

3.3 Informazioni genetiche

Le conoscenze genetiche disponibili rappresentano una componente essenziale del processo di regionalizzazione, pur presentando un grado di approfondimento molto variabile tra le diverse specie forestali. Per alcune di esse sono disponibili studi filogeografici e genetici estesi, mentre per altre le informazioni risultano ancora limitate o riferite a specifiche aree geografiche.

Nel lavoro le informazioni genetiche non vengono considerate come una fonte autonoma di delimitazione delle regioni eco-genetiche, ma come uno strumento di interpretazione e verifica delle ipotesi di regionalizzazione. A seconda della specie, esse possono contribuire alla formulazione delle ipotesi iniziali oppure alla loro validazione, consentendo di verificare la coerenza biologica delle unità individuate mediante le analisi ecologiche e statistiche.

3.4 Informazioni sul paesaggio forestale

Per alcune specie forestali, in particolare quelle caratterizzate da distribuzione sporadica o da una forte dipendenza dalla dinamica dei popolamenti, la sola caratterizzazione climatica può risultare insufficiente a descrivere i fattori che ne determinano la presenza.

In questi casi assume particolare importanza il contesto del paesaggio forestale. La composizione dei popolamenti circostanti, il mosaico delle tipologie forestali e la disponibilità di habitat favorevoli possono infatti influenzare la distribuzione della specie, integrando le informazioni derivanti dal clima. Nel metodo proposto il paesaggio forestale viene descritto attraverso l'analisi dell'intorno dei punti dell'Inventario Forestale Nazionale, utilizzando la composizione specifica dei popolamenti presenti nell'area circostante come indicatore sintetico del contesto ecologico. Tale approccio è stato applicato in particolare al ciliegio selvatico (*Prunus avium* L.), specie la cui distribuzione risulta influenzata non soltanto dai gradienti climatici, ma anche dalla struttura del paesaggio forestale.

Le informazioni sul paesaggio non sostituiscono la caratterizzazione climatica né quella genetica, ma rappresentano una componente complementare del metodo, da utilizzare quando le caratteristiche biologiche della specie rendono necessario descrivere processi ecologici che operano a una scala diversa rispetto a quella dei soli gradienti climatici.

3.5 Layer cartografici di supporto

Oltre alle basi informative principali, l'interpretazione delle regioni eco-genetiche può essere supportata da ulteriori layer cartografici, utilizzati in funzione delle caratteristiche della specie e degli obiettivi dell'analisi. Un particolare rilievo assume il quadro cartografico di riferimento, comprendente i principali tematismi territoriali utili all'interpretazione delle analisi, rappresentato dalla cartografia delle Regioni di Provenienza attualmente vigenti.

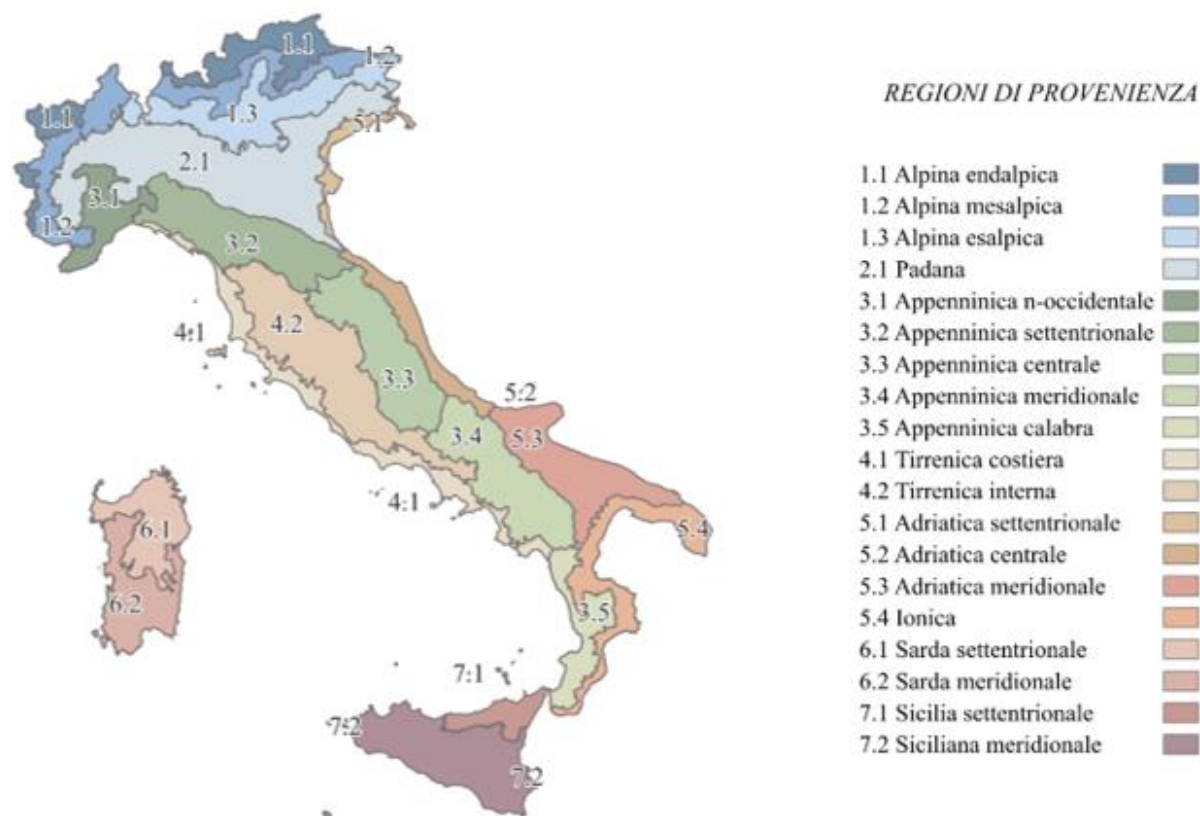


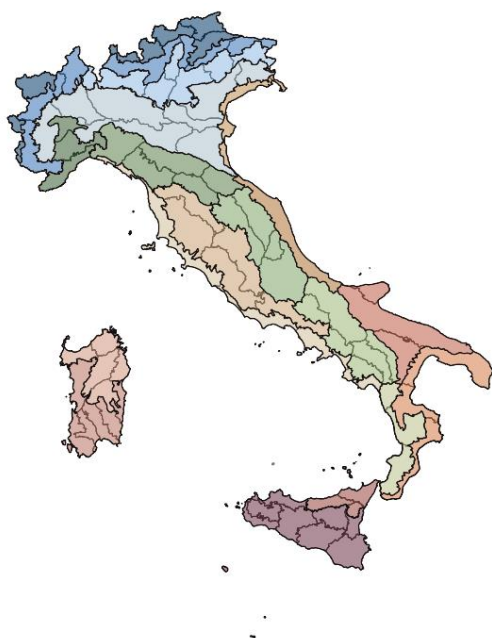
Figura 3.2. Cartografia nazionale delle Regioni di Provenienza dei materiali forestali di moltiplicazione (D.lgs. 386/2003), come modificata nelle delimitazioni in Piemonte e Sicilia (descrizione in Appendice A).

La revisione della cartografia (fig. 3.2) ha costituito un passaggio preliminare del metodo per verificare la coerenza cartografica, l'aggiornamento dei limiti amministrativi e territoriali e la loro corretta integrazione nel sistema informativo geografico utilizzato per le elaborazioni. I dettagli di questa operazione sono contenuti in Appendice A.

In aggiunta a questo livello cartografico esistente, sono stati considerati due livelli di maggiore dettaglio (fig. 3.3) che rappresentano un aiuto per analisi che necessitino una suddivisione più fine del territorio rispetto a quella delle Regioni di Provenienza vigenti. Il livello di maggior dettaglio è costituito dalla Carta dei Tipi e delle Unità Fisiografiche di Paesaggio d'Italia (2160 Unità Fisiografiche di Paesaggio, ciascuna delle quali appartiene ad uno dei 37 Tipi fisiografici di Paesaggio, realizzata da ISPRA e utilizzata in precedenza per la delimitazione delle Regioni di Provenienza). Il livello intermedio, invece, rappresenta unità che riflettono una suddivisione in tipi di paesaggio, sintesi di fattori morfologici, climatici, vegetazionali e antropici, organizzati in unità territoriali coerenti (Sestini 1963). In questo caso, sono state individuate 88 unità che rappresentano una suddivisione più fine delle Regioni di Provenienza, ciascuna con una maggiore omogeneità al suo interno.

La disponibilità di un quadro territoriale coerente consente di confrontare le regioni eco-genetiche progressivamente individuate con il sistema vigente delle Regioni di Provenienza, favorendo una valutazione critica delle continuità e delle eventuali modifiche suggerite dalle nuove evidenze ecologiche e genetiche.

(a)



(b)



Figura 3.3. Cartografia di maggior dettaglio: (a) tipi di paesaggio (88 unità) e (b) unità fisiografiche di paesaggio (2160 unità).

4. PREPARAZIONE DEI DATI E WORKFLOW

Le basi informative descritte nel capitolo precedente costituiscono il patrimonio conoscitivo sul quale si fonda il processo di regionalizzazione eco-genetica. Prima di poter essere utilizzate nelle elaborazioni statistiche, tali informazioni devono essere armonizzate, organizzate e integrate in un insieme coerente di dataset, idonei alle successive analisi (fig. 4.1).

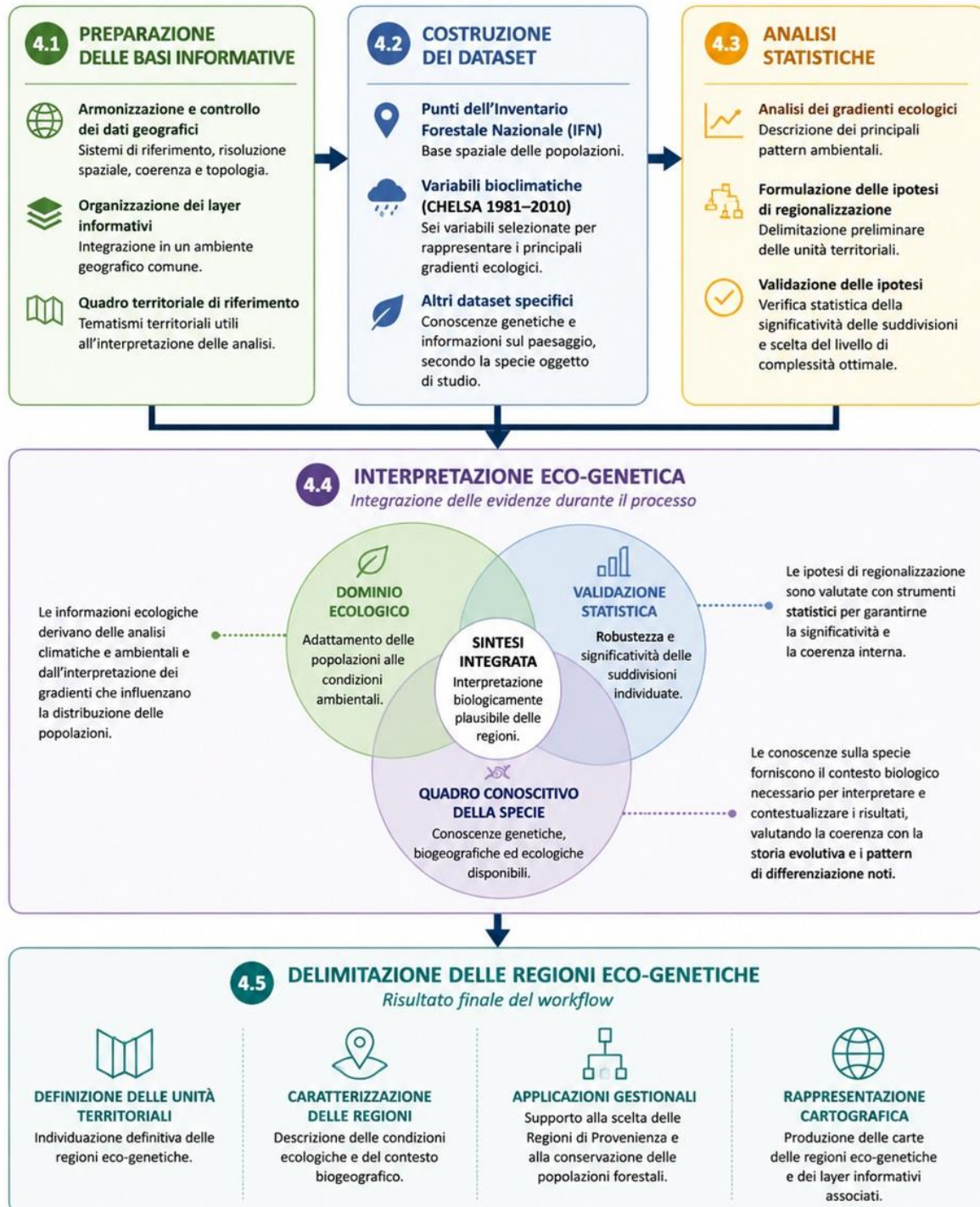


Figura 4.1 Workflow metodologico proposto.

Il workflow metodologico proposto è stato sviluppato con l'obiettivo di garantire la riproducibilità delle elaborazioni e la possibilità di applicare il metodo a specie forestali caratterizzate da differenti disponibilità di dati ecologici e genetici. Pur mantenendo una struttura comune, il metodo conserva un'elevata flessibilità, consentendo di valorizzare, caso per caso, le informazioni maggiormente significative ai fini della regionalizzazione.

4.1 Preparazione delle basi informative

La prima fase del workflow consiste nella predisposizione e nell'armonizzazione delle basi informative necessarie alle successive elaborazioni. Tale attività comprende sia la preparazione dei dati geografici sia la costruzione del quadro territoriale di riferimento entro il quale saranno interpretati i risultati della regionalizzazione.

Le basi informative vengono preliminarmente sottoposte a procedure di controllo e armonizzazione finalizzate a garantire la coerenza dei sistemi di riferimento cartografici, della risoluzione spaziale e della struttura dei dati. Successivamente, i diversi layer vengono organizzati in un ambiente geografico comune, predisposto per l'estrazione delle informazioni ambientali associate ai punti dell'Inventario Forestale Nazionale. Parallelamente viene predisposto il quadro cartografico di riferimento, comprendente i principali tematismi territoriali utili all'interpretazione delle analisi.

4.2 Costruzione dei dataset

La costruzione dei dataset rappresenta la fase nella quale le diverse basi informative vengono integrate in una struttura omogenea, predisposta per le successive elaborazioni statistiche. Il punto di partenza è costituito dai rilievi dell'Inventario Forestale Nazionale, ai quali vengono associate le variabili ambientali e gli altri attributi ritenuti significativi in funzione della specie oggetto di studio.

Per la caratterizzazione climatica delle popolazioni sono stati utilizzati i dati del database CHELSA riferiti al periodo climatico 1981-2010. Le variabili bioclimatiche sono state estratte in corrispondenza dei punti inventariali e organizzate in dataset utilizzabili nelle successive analisi statistiche. La scelta delle variabili non è stata effettuata in modo indiscriminato, ma privilegiando quelle ritenute maggiormente rappresentative dei principali gradienti ecologici che influenzano la distribuzione delle specie forestali italiane. In particolare, il metodo è stato sviluppato utilizzando le variabili bioclimatiche riportate nella fig. 4.2.

Nelle prime fasi di sviluppo del metodo è stata inoltre valutata l'utilità di altre variabili climatiche, tra cui la temperatura media annua (BIO1). Le analisi esplorative hanno tuttavia evidenziato che le sei variabili sopra riportate consentivano di rappresentare in modo efficace i principali gradienti termo-pluviometrici rilevanti per la regionalizzazione eco-genetica, limitando al tempo stesso la ridondanza informativa.

Va sottolineato che le variabili selezionate rappresentano tre componenti fondamentali del clima: il regime termico (BIO5, BIO6 e BIO7), il bilancio idrico complessivo (BIO12) e la disponibilità d'acqua durante la stagione vegetativa (BIO15 e BIO18). Tale insieme si è dimostrato sufficientemente descrittivo per caratterizzare le principali differenze ecologiche tra le popolazioni, mantenendo al contempo un numero contenuto di variabili e riducendo i fenomeni di collinearità.

VARIABILE	SIGNIFICATO ECOLOGICO	
 BIO5	Temperatura massima del mese più caldo; descrive il limite termico superiore e lo stress da calore estivo.	
 BIO6	Temperatura minima del mese più freddo; rappresenta il limite termico inferiore e la tolleranza al freddo.	
 BIO7	Escursione termica annuale (BIO5 – BIO6); sintetizza il grado di continentalità del clima.	
 BIO12	Precipitazione annua; descrive la disponibilità idrica complessiva.	
 BIO15	Stagionalità delle precipitazioni; rappresenta la distribuzione delle piogge nel corso dell'anno.	
 BIO18	Precipitazione del trimestre più caldo; descrive la disponibilità idrica durante il periodo di maggiore stress vegetativo.	

Figura 4.2. Variabili bioclimatiche utilizzate.

I dataset climatici così costruiti costituiscono la base per le successive analisi multivariate e per il confronto quantitativo tra le regioni individuate. Per alcune specie, tali informazioni vengono integrate con ulteriori dataset specifici, relativi alle conoscenze genetiche o al contesto del paesaggio forestale.

4.3 Analisi statistiche

Le analisi statistiche costituiscono il nucleo quantitativo del metodo di regionalizzazione eco-genetica e rappresentano lo strumento attraverso il quale le ipotesi di suddivisione territoriale vengono progressivamente formulate, verificate e consolidate.

L'approccio adottato non si basa sull'applicazione di un singolo algoritmo di classificazione, ma su un processo di validazione articolato in più fasi, nel quale ogni analisi risponde a uno specifico obiettivo metodologico e fornisce informazioni complementari alle altre. Il workflow statistico accompagna l'intero percorso interpretativo, dalla descrizione dei principali gradienti ecologici fino alla verifica della loro coerenza biologica. La sequenza delle analisi utilizzate è riportata nella Tabella 4.3.

La prima fase dell'analisi statistica ha carattere esplorativo ed è finalizzata a descrivere la struttura ecologica delle popolazioni. L'obiettivo non è ancora quello di delimitare le regioni eco-genetiche, bensì individuare i principali gradienti ambientali che caratterizzano la distribuzione della specie.

A tale scopo viene applicata l'Analisi delle Componenti Principali (PCA), utilizzata per sintetizzare l'informazione contenuta nelle variabili ecologiche considerate. Nella maggior parte delle applicazioni essa riguarda le variabili bioclimatiche; per specie nelle quali assumono rilievo ulteriori componenti ambientali, PCA distinte possono essere applicate anche a dataset specifici, come quello relativo alla composizione del paesaggio forestale nel caso di *Prunus avium*.

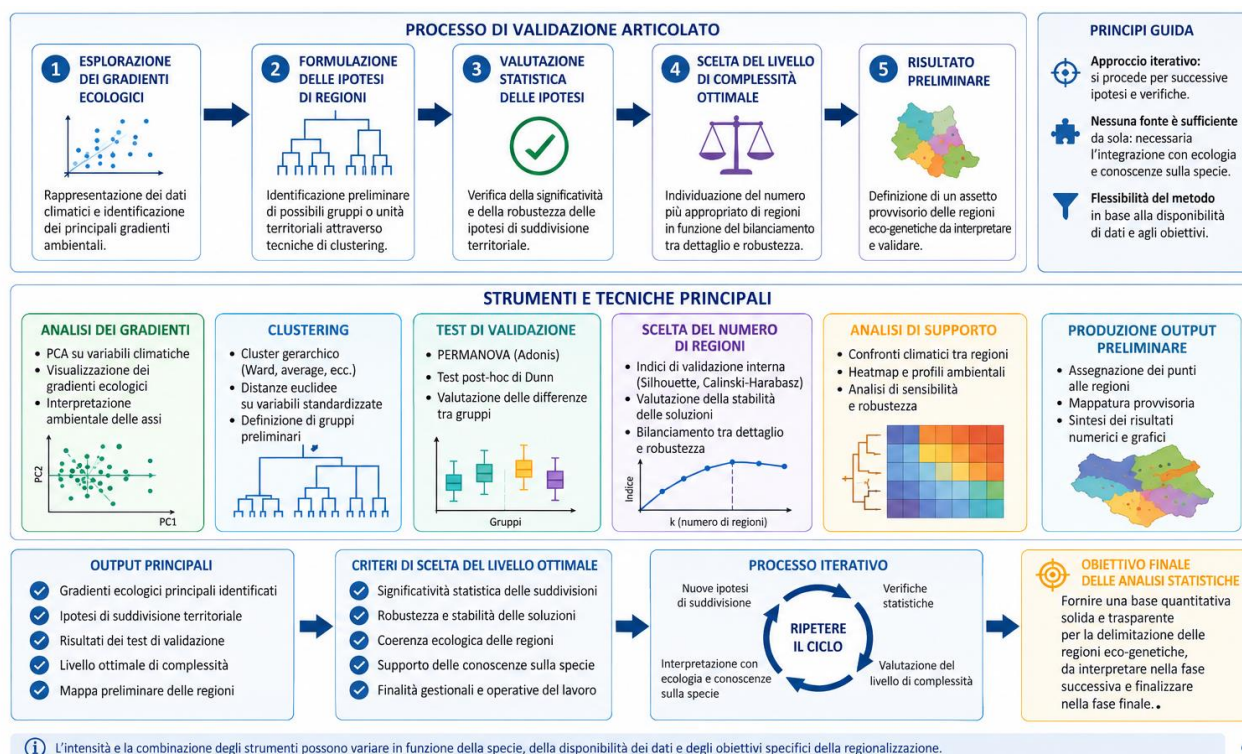


Figura 4.3. Workflow delle analisi statistiche utilizzabili.

Le analisi illustrate possono essere adattate alle caratteristiche biologiche della specie e alla disponibilità delle informazioni, mantenendo tuttavia invariata la logica generale del processo di validazione.

I punteggi ottenuti lungo le componenti principali costituiscono la base per le successive analisi di classificazione. Attraverso tecniche di clustering vengono individuati gruppi di popolazioni caratterizzati da elevata omogeneità ecologica e da sufficiente differenziazione rispetto agli altri gruppi.

È importante sottolineare che il clustering non produce direttamente le regioni eco-genetiche definitive, ma rappresenta uno strumento esplorativo finalizzato alla formulazione di ipotesi preliminari di regionalizzazione, che dovranno essere successivamente sottoposte a verifica quantitativa e interpretazione ecologica.

Le ipotesi formulate mediante le analisi esplorative vengono successivamente sottoposte a un processo di validazione statistica, finalizzato a verificare che i gruppi individuati rappresentino effettivamente unità ecologicamente differenziate.

La verifica viene condotta sia a livello delle singole variabili climatiche sia considerando congiuntamente l'intero spazio ecologico. Per ciascuna variabile bioclimatica vengono applicati test di confronto tra gruppi. Quando i dati soddisfano le ipotesi di normalità e omogeneità delle varianze viene utilizzata l'analisi della varianza (ANOVA); negli altri casi si ricorre al test non parametrico di Kruskal-Wallis. Qualora il test globale evidenzia differenze significative, vengono effettuati confronti multipli mediante il test di Tukey HSD oppure il test di Dunn, al fine di identificare le coppie di gruppi che differiscono significativamente.

Poiché l'analisi delle singole variabili non consente di valutare la struttura complessiva dello spazio ecologico, la validazione viene completata mediante PERMANOVA (*Permutational Multivariate Analysis of Variance*), che verifica se i gruppi risultano significativamente separati considerando simultaneamente tutte le variabili utilizzate nella caratterizzazione ecologica.

L'interpretazione della PERMANOVA è accompagnata dalla verifica dell'omogeneità della dispersione multivariata mediante il test *betadisper*. Tale analisi consente di distinguere una reale separazione tra i gruppi da eventuali differenze dovute esclusivamente a una diversa variabilità interna. L'impiego congiunto di PERMANOVA e *betadisper* rappresenta un elemento essenziale del metodo, poiché garantisce una maggiore robustezza nell'interpretazione dei risultati multivariati.

Nel loro insieme, queste analisi forniscono una validazione quantitativa delle ipotesi di regionalizzazione e riducono il rischio di attribuire significato ecologico a differenze non sufficientemente supportate dai dati.

4.4 Contributo delle informazioni disponibili

La validazione statistica rappresenta un passaggio fondamentale del metodo, ma non costituisce di per sé il criterio finale per la delimitazione delle regioni eco-genetiche. I risultati delle analisi vengono infatti interpretati alla luce delle conoscenze ecologiche, biogeografiche e genetiche disponibili per ciascuna specie, in un processo di integrazione progressiva delle evidenze.

Il contributo delle informazioni genetiche può variare sensibilmente in funzione del patrimonio conoscitivo disponibile. Per specie caratterizzate da una consolidata letteratura filogeografica, quali *Abies alba* e *Quercus ilex*, le evidenze genetiche possono costituire il punto di partenza per la formulazione delle ipotesi di regionalizzazione, successivamente validate mediante l'analisi climatica e statistica. In altri casi, come *Prunus avium*, la regionalizzazione deriva prevalentemente dall'analisi ecologica e del paesaggio forestale, mentre le informazioni genetiche assumono prevalentemente un ruolo interpretativo.

La definizione finale delle regioni eco-genetiche deriva pertanto dalla integrazione di tre ambiti complementari di evidenza:

- **evidenza ecologica**, ottenuta attraverso l'analisi dei gradienti climatici e ambientali;
- **evidenza statistica**, fornita dalla validazione quantitativa dei gruppi individuati;
- **quadro conoscitivo della specie**, derivante dall'interpretazione delle conoscenze genetiche, biogeografiche ed ecologiche disponibili.

L'obiettivo finale del metodo non è produrre una classificazione puramente statistica, ma individuare unità territoriali biologicamente plausibili, statisticamente robuste e operativamente utilizzabili per la definizione delle regioni di provenienza e per la gestione dei materiali forestali di moltiplicazione.

Le informazioni utilizzate nella delimitazione delle regioni eco-genetiche provengono da fonti differenti, quali la distribuzione della specie, le caratteristiche climatiche, le analisi statistiche e gli studi genetici. Queste informazioni non devono essere considerate alternative tra loro, ma complementari. Ciascuna contribuisce infatti a descrivere una parte della variabilità naturale della specie e nessuna, da sola, è sufficiente a definire una regione eco-genetica.

L'importanza relativa delle diverse fonti può inoltre variare da una specie all'altra. Per alcune specie gli studi genetici sono numerosi e consentono di riconoscere chiaramente popolazioni differenziate; per altre le conoscenze genetiche sono ancora limitate e assumono maggiore importanza le informazioni ecologiche o quelle derivanti dalla distribuzione della specie.

Gli studi genetici non forniscono tutti lo stesso tipo di informazione e possono contribuire alla delimitazione delle regioni eco-genetiche sotto prospettive differenti. Alcuni studi consentono di ricostruire la storia evolutiva delle popolazioni, evidenziando ad esempio le aree in cui una specie è sopravvissuta durante le glaciazioni o le direttrici lungo le quali si è successivamente diffusa. Rientrano in questo campo gli studi che si basano su marcatori del DNA cloroplastico o mitocondriale, analisi filogeografiche e studi sugli aplotipi.

Altri studi sono invece orientati a comprendere come le popolazioni si siano differenziate in relazione alle condizioni ambientali locali, mettendo in evidenza processi di adattamento al clima, all'altitudine o ad altri fattori ecologici. Sono un esempio le indagini basate su *Single Nucleotide Polymorphisms* - SNP, studi di genomica del paesaggio o analisi di loci candidati associati all'adattamento. Infine, alcuni approcci consentono di descrivere la struttura genetica complessiva delle popolazioni e i livelli di variabilità e di flusso genico esistenti tra di esse, ad esempio mediante marcatori nucleari neutri, microsatelliti o pannelli genomici ad alta densità.

Queste informazioni sono tra loro complementari e contribuiscono, insieme alle analisi ecologiche e statistiche, a costruire un quadro più completo della variabilità della specie. Il loro peso relativo può variare in funzione della specie considerata e della disponibilità di studi scientifici, senza che ciò modifichi l'impostazione generale del metodo.

In definitiva, la metodologia sviluppata non privilegia a priori una specifica tipologia di evidenza genetica, ma considera il contributo dei diversi approcci in funzione delle informazioni che essi sono in grado di fornire sulla storia evolutiva, sulla struttura delle popolazioni e sui processi di adattamento della specie.

Va sottolineato che le conoscenze scientifiche sulla variabilità genetica delle specie forestali sono in continua evoluzione. Negli ultimi decenni lo sviluppo di nuove tecniche di analisi ha consentito di comprendere aspetti che in passato non erano osservabili e ha portato, in alcuni casi, a rivedere interpretazioni precedentemente accettate. Per questo motivo le regioni eco-genetiche non devono essere considerate una suddivisione definitiva e immutabile, ma una rappresentazione delle migliori conoscenze disponibili al momento della loro definizione. L'acquisizione di nuovi dati potrà quindi portare, in futuro, ad affinare o aggiornare la delimitazione di alcune regioni senza modificare i principi metodologici sui quali il metodo è fondato.

L'ultima fase del workflow consiste nella delimitazione delle regioni eco-genetiche e nella loro rappresentazione cartografica. La delimitazione tiene conto sia dei risultati quantitativi delle analisi statistiche sia della loro interpretazione sulla base delle conoscenze esistenti sulla specie, evitando una suddivisione rigidamente determinata dagli algoritmi di classificazione. Le regioni individuate devono infatti rappresentare unità territoriali caratterizzate da sufficiente omogeneità ecologica e coerenza con le conoscenze genetiche disponibili.

5. APPLICAZIONE DEL METODO

Le applicazioni riportate in questo capitolo illustrano l'applicazione della metodologia descritta nei capitoli precedenti alle quattro specie modello selezionate (§ 2.2). Per ciascuna specie sono sintetizzati il quadro ecologico e genetico di riferimento, i risultati dell'elaborazione statistica e l'interpretazione finale che ha condotto alla delimitazione delle regioni eco-genetiche.

5.1 Leccio (*Quercus ilex* L.)

5.1.1 Stato delle conoscenze genetiche

Il leccio (*Quercus ilex* L.) rappresenta una delle specie forestali più diffuse dell'area mediterranea, occupando una vasta gamma di condizioni climatiche, dalle coste termo-mediterranee fino ai rilievi submediterranei e alle aree di margine del suo areale (<https://www.euforgen.org/species/quercus-ilex>). La notevole ampiezza distributiva è accompagnata da una storia evolutiva complessa, profondamente influenzata dalle oscillazioni climatiche del Quaternario, che hanno determinato la persistenza della specie in numerosi rifugi glaciali e la successiva ricolonizzazione delle regioni europee durante l'Olocene.

Negli ultimi vent'anni numerosi studi filogeografici, basati principalmente su marcatori di DNA cloroplastico (cpDNA) e, più recentemente, su marcatori nucleari (microsatelliti e SNP), hanno consentito di ricostruire le principali linee evolutive della specie. Le popolazioni italiane rivestono un ruolo di particolare interesse poiché la Penisola costituisce uno dei principali centri di diversità genetica del bacino mediterraneo.

Le evidenze disponibili indicano che la struttura genetica del leccio non segue esclusivamente un gradiente latitudinale, ma riflette l'esistenza di differenti linee filogeografiche correlate ai rifugi glaciali peninsulari e insulari, ai processi di espansione postglaciale e alle principali barriere biogeografiche. In particolare, la Sardegna, la Sicilia, la Calabria e il settore tirrenico della penisola ospitano popolazioni caratterizzate da elevata diversità genetica e dalla presenza di aplotipi peculiari, mentre le popolazioni dell'Italia settentrionale derivano prevalentemente dai successivi processi di ricolonizzazione.

Le informazioni genetiche oggi disponibili risultano tuttavia distribuite in maniera disomogenea sul territorio nazionale. Le popolazioni investigate sono relativamente poche rispetto all'estensione dell'areale italiano e non consentono, da sole, di attribuire ogni popolazione forestale ad una precisa unità genetica. Ne consegue che l'applicazione operativa delle conoscenze genetiche richiede un'integrazione con informazioni di carattere ecologico e biogeografico. L'integrazione tra dati genetici e caratterizzazione ecologica trova supporto anche negli studi di landscape genetics, che hanno evidenziato come differenze genetiche significative possano essere associate a gradienti ambientali locali, indipendentemente dalla sola distanza geografica. Studi recenti evidenziano crescenti livelli di stress legati al cambiamento climatico sulla specie (Ripullone et al. 2026).

5.1.2 Costruzione della regionalizzazione eco-genetica

Per superare il limite rappresentato dalla limitata copertura spaziale degli studi genetici è stata sviluppata una procedura di regionalizzazione eco-genetica basata sull'integrazione di tre differenti ambiti informativi:

- evidenze filogeografiche disponibili in letteratura;
- distribuzione reale della specie derivata dai punti dell'Inventario Forestale Nazionale;
- caratterizzazione climatica delle popolazioni mediante variabili bioclimatiche CHELSA.

Come primo passaggio è stata elaborata una suddivisione preliminare del territorio italiano in regioni genetico-biogeografiche, costruita interpretando congiuntamente i principali lavori di genetica del leccio e la distribuzione geografica delle popolazioni inventariali. Tale suddivisione individua nove unità principali comprendenti il settore ligure-alpino, il settore gardesano, il settore tirrenico centro-settentrionale, il settore adriatico, l'Appennino meridionale, la Calabria, la Sicilia occidentale, la Sicilia orientale e la Sardegna.

Successivamente, tutti i 716 punti dell'Inventario Forestale Nazionale attribuiti al leccio sono stati classificati all'interno delle regioni individuate (fig. 5.1 a). Le regioni costituiscono le unità di riferimento per le successive analisi ecologiche e statistiche. La sovrapposizione tra le regioni eco-genetiche proposte e i materiali di base iscritti al Registro Nazionale evidenzia una buona rappresentatività complessiva della variabilità geografica del leccio in Italia (fig. 5.1 b).

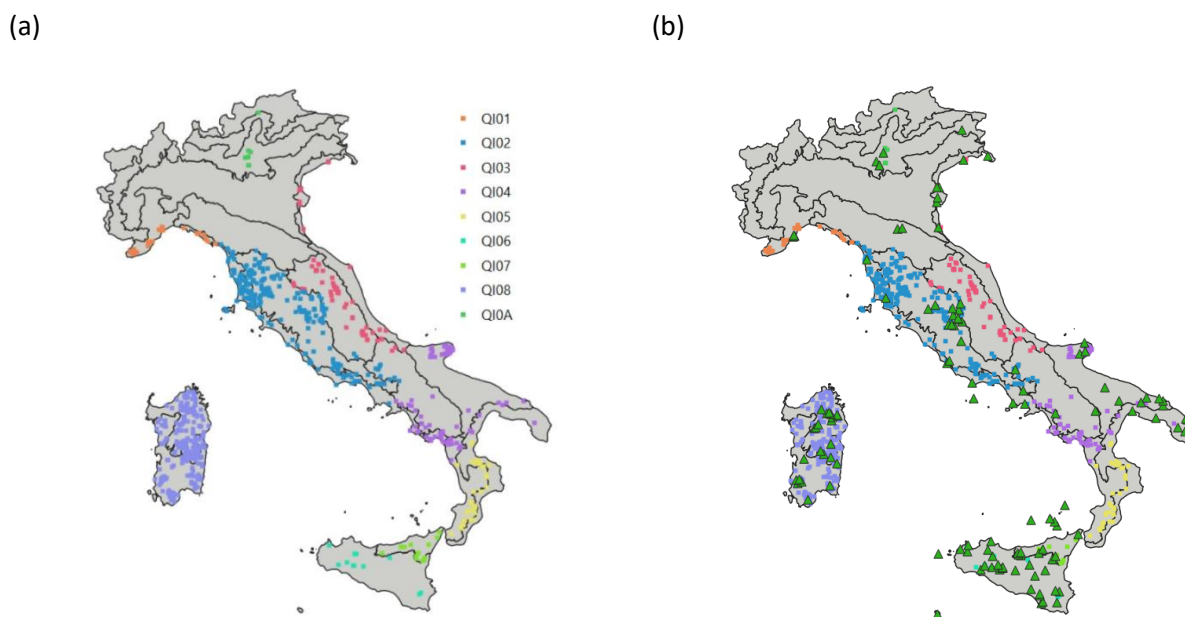


Figura 5.1. Regionalizzazione eco-genetica proposta per *Q. ilex* in Italia. (a) Assegnazione dei 716 punti dell'Inventario Forestale Nazionale (IFN) alle nove regioni eco-genetiche individuate sulla base dell'integrazione di dati filogeografici, distribuzione della specie e caratterizzazione climatica. (b) Distribuzione dei Materiali di Base di *Quercus ilex* iscritti al Registro nazionale (triangoli verdi) sovrapposta ai punti IFN classificati nelle regioni eco-genetiche proposte.

La maggior parte dei materiali di base ricade infatti all'interno delle principali regioni ecologiche, confermando la coerenza della regionalizzazione con le attuali risorse genetiche disponibili. Tuttavia, la distribuzione dei materiali di base registrati risulta disomogenea: alcune regioni, quali il settore tirrenico centro-settentrionale (QI02), la Sardegna (QI08) e la Sicilia occidentale (QI06), sono relativamente ben rappresentate, mentre altre, in particolare la Toscana settentrionale (QI02), il settore umbro-marchigiano (QI03), parti del dell'Appennino meridionale e della Calabria (QI08 e QI05) hanno una rappresentatività più limitata.

La carta consente pertanto una visione d'insieme per individuare le aree prioritarie dove favorire l'eventuale selezione e registrazione di nuovi materiali di base, al fine di migliorare la distribuzione delle principali unità eco-genetiche della specie. Tale approccio contribuisce alla conservazione della biodiversità intraspecifica, essenziale per sostenere i processi di adattamento ai cambiamenti climatici e agli effetti ad essi associati.

La procedura consente di integrare le informazioni genetiche disponibili, riferite a un numero limitato di popolazioni, con la distribuzione della specie e la caratterizzazione ecologica, estendendone l'interpretazione a scala nazionale.

5.1.3 Caratterizzazione climatica delle regioni eco-genetiche

Per ciascun punto inventariale sono stati estratti i sei descrittori climatici ottenuti dal database CHELSA citati in precedenza. Le variabili hanno un elevato significato ecologico per una specie mediterranea sempreverde come il leccio, descrivendo sia il regime termico sia, soprattutto, la disponibilità idrica durante la stagione vegetativa. Per favorire il confronto tra le specie oggetto del lavoro, le stesse variabili climatiche sono state adottate anche nelle analisi delle altre specie, poiché rappresentative delle principali condizioni climatiche che caratterizzano l'area mediterranea.

Le statistiche descrittive mostrano differenze evidenti tra le regioni proposte. Le popolazioni della Sardegna e della Sicilia occidentale risultano associate ai regimi climatici più aridi, mentre il settore gardesano presenta condizioni decisamente più fredde e caratterizzate da maggiore disponibilità idrica estiva. Analogamente, il settore adriatico evidenzia caratteristiche climatiche intermedie ma sufficientemente peculiari da distinguerlo dal settore tirrenico.

5.1.4 Validazione statistica della regionalizzazione

La validazione quantitativa della regionalizzazione è stata sviluppata attraverso un insieme di analisi statistiche complementari.

L'analisi delle componenti principali (PCA) (fig. 5.2) ha mostrato che i primi due assi spiegano complessivamente oltre il 76% della variabilità climatica osservata. Il primo asse rappresenta principalmente un gradiente idrico, dominato dalle variabili BIO15, BIO18 e BIO12, mentre il secondo asse descrive un gradiente termico controllato principalmente da BIO05, BIO06 e BIO07. Questa struttura evidenzia come le popolazioni italiane di leccio possano essere interpretate lungo due principali dimensioni ecologiche indipendenti: il regime delle precipitazioni e il regime termico.

L'analisi di correlazione conferma questa interpretazione, mostrando la presenza di due gruppi di variabili relativamente distinti: un gruppo legato alle precipitazioni (BIO12, BIO15 e BIO18) ed un gruppo legato alla temperatura (BIO05, BIO06 e BIO07).

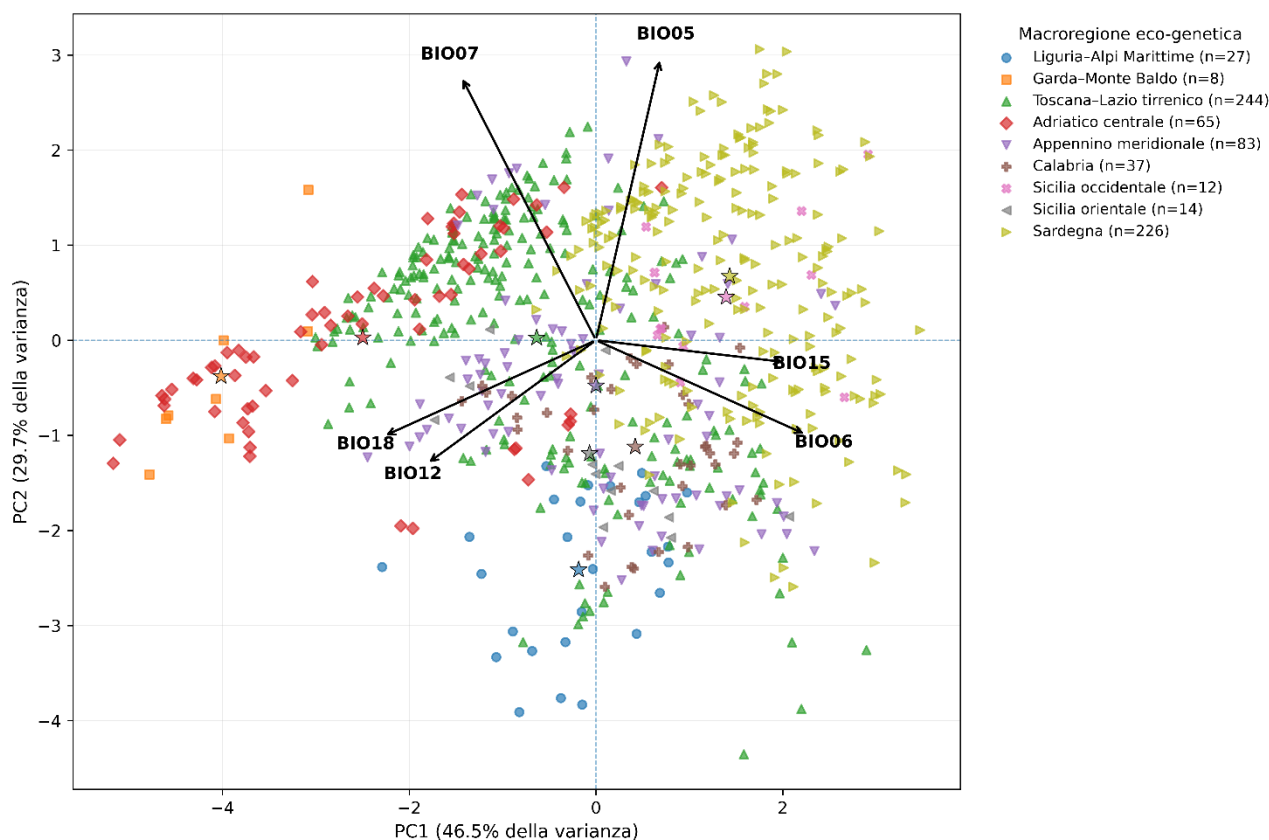


Figura 5.2. Analisi delle componenti principali (PCA) delle regioni eco-genetiche di *Quercus ilex*. I primi due assi spiegano complessivamente il 76,2% della variabilità climatica. La distribuzione dei punti evidenzia una differenziazione delle regioni lungo i principali gradienti climatici, con parziali sovrapposizioni coerenti con la continuità ecologica della specie. Le frecce indicano il contributo delle variabili bioclimatiche e le stelle i centroidi delle regioni.

Successivamente tutte le variabili climatiche sono state sottoposte a test di Kruskal–Wallis, evidenziando differenze altamente significative tra le regioni ($p < 0,001$ per tutte le variabili considerate). I confronti multipli mediante test di Dunn hanno permesso di individuare le regioni maggiormente differenziate. In particolare, le variabili legate al regime idrico (BIO15 e BIO18) risultano particolarmente efficaci nel discriminare il settore tirrenico, il settore adriatico e le popolazioni insulari, mentre il descrittore termico BIO05 evidenzia soprattutto il gradiente termico tra popolazioni continentali e mediterranee.

L'analisi multivariata mediante PERMANOVA ha infine confermato che la suddivisione proposta rappresenta unità climaticamente distinte (Pseudo- $F = 58,16$; $R^2 = 0,397$; $p = 0,0001$). Circa il 40% della variabilità climatica complessiva risulta infatti spiegato dalla sola appartenenza alle regioni individuate. L'analisi della dispersione multivariata (*betadisper*) ha inoltre evidenziato differenti livelli di eterogeneità interna tra le regioni, indicando che alcune unità, come l'Appennino meridionale, comprendono condizioni ecologiche più diversificate rispetto ad altre, quali la Liguria, la Calabria o la Sicilia occidentale.

5.1.5 Implicazioni operative

L'insieme delle evidenze genetiche, climatiche e statistiche consente di interpretare le regioni individuate per *Quercus ilex* come unità eco-genetiche caratterizzate da una differente combinazione di storia evolutiva, posizione biogeografica e condizioni ambientali. La regionalizzazione non rappresenta pertanto una semplice suddivisione geografica dell'areale italiano, ma consente di trasferire a scala nazionale le conoscenze genetiche disponibili per un numero ancora limitato di popolazioni, integrandole con la distribuzione reale della specie e con la caratterizzazione climatica dei punti dell'Inventario Forestale Nazionale.

La differenziazione tra le regioni risulta particolarmente rilevante nelle aree mediterranee peninsulari e insulari, dove le evidenze filogeografiche indicano la persistenza di linee evolutive associate a differenti rifugi glaciali e processi di ricolonizzazione postglaciale. Sardegna, Sicilia e Calabria assumono in questo quadro un particolare interesse conservazionistico, mentre le popolazioni dell'Italia centro-settentrionale riflettono in misura maggiore processi di espansione e continuità geografica. La caratterizzazione climatica conferma che tali differenze storiche si associano a condizioni ambientali significativamente diverse, soprattutto lungo i principali gradienti termici e idrici.

Dal punto di vista operativo, la regionalizzazione può quindi essere utilizzata come riferimento per orientare la raccolta, la selezione e l'impiego dei Materiali di Base, privilegiando, ove possibile, materiali appartenenti alla stessa regione eco-genetica del sito di destinazione. Particolare cautela appare opportuna nei trasferimenti tra regioni caratterizzate da marcate differenze climatiche o da una distinta storia filogeografica, soprattutto quando siano coinvolte popolazioni periferiche o insulari, nelle quali possono essere conservate componenti della diversità genetica non adeguatamente rappresentate in altre parti dell'areale.

Il confronto con il Registro Nazionale dei Materiali di Base evidenzia inoltre una rappresentatività territoriale non uniforme. Alcune regioni risultano già relativamente ben coperte, mentre altri settori presentano una disponibilità più limitata di materiali registrati. La cartografia eco-genetica può pertanto essere utilizzata non soltanto per guidare l'impiego dei materiali esistenti, ma anche per individuare le aree nelle quali favorire la selezione e l'iscrizione di nuovi Materiali di Base, migliorando progressivamente la rappresentazione della diversità geografica ed ecologica della specie.

5.2 Abete bianco (*Abies alba* Mill.)

5.2.1 Caratteristiche ecologiche e inquadramento biogeografico

L'abete bianco (*Abies alba* Mill.) rappresenta una delle principali conifere forestali europee e costituisce una componente fondamentale delle foreste montane dell'Europa centro-meridionale. In Italia la specie raggiunge il limite meridionale del proprio areale naturale, occupando un insieme di popolazioni distribuite in modo discontinuo lungo l'arco alpino e la dorsale appenninica, dalla Liguria fino alla Calabria. La distribuzione attuale è il risultato dell'interazione tra fattori climatici, storia postglaciale e attività antropica, che hanno determinato la persistenza di nuclei relitti e la frammentazione di numerose popolazioni (<https://www.euforgen.org/species/abies-alba>).

Dal punto di vista ecologico, l'abete bianco è una specie mesofila e sciafila, caratterizzata da elevate esigenze idriche e da una buona tolleranza alle basse temperature. Predilige ambienti con precipitazioni elevate e ben distribuite durante l'anno, estati relativamente fresche e suoli profondi, fertili e ben drenati. La distribuzione attuale è il risultato dell'interazione tra fattori climatici, storia postglaciale e attività antropica, che attraverso secoli di gestione forestale, utilizzazioni e coltivazione della specie hanno contribuito a modificare la distribuzione naturale di alcune popolazioni, oltre che la persistenza di nuclei relitti e la frammentazione di numerose popolazioni.

Sulle Alpi l'abete bianco è frequentemente associato al faggio (*F. sylvatica*) e all'abete rosso (*Picea abies*), mentre sull'Appennino forma popolamenti misti con il faggio, spesso derivanti da una lunga storia di gestione forestale. Le popolazioni meridionali, in particolare quelle della Calabria, assumono un elevato valore conservazionistico in quanto rappresentano il margine meridionale dell'areale europeo della specie.

5.2.2 Stato delle conoscenze genetiche

Negli ultimi due decenni numerosi studi filogeografici hanno chiarito la struttura genetica dell'abete bianco italiano. Le analisi condotte mediante marcatori nucleari e cloroplastici hanno evidenziato come la distribuzione della variabilità genetica rifletta in larga misura la storia dei rifugi glaciali e le successive dinamiche di ricolonizzazione postglaciale.

In particolare, gli studi di Piotti et al. (2017) hanno evidenziato una netta differenziazione tra le popolazioni alpine e quelle appenniniche, individuando inoltre una discontinuità genetica nell'Appennino centrale, in corrispondenza dell'area Gran Sasso–Majella. Tale risultato suggerisce l'esistenza di differenti pool genetici derivanti da percorsi evolutivi indipendenti durante il Pleistocene.

Ulteriori contributi (Belletti et al. 2017, Ducci et al. 2021, Santini et al. 2018; Oggioni et al. 2024; Vajana et al. 2024) confermano il ruolo delle popolazioni appenniniche meridionali e calabresi quali importanti serbatoi di diversità genetica, sottolineando la necessità di mantenerne l'identità nelle strategie di conservazione e nella gestione dei materiali forestali di moltiplicazione.

Sulla base di tali evidenze è stata proposta una suddivisione del territorio italiano in sei regioni eco-genetiche operative, comprendenti le Alpi occidentali, le Alpi orientali, l'Appennino settentrionale, l'Appennino centrale (Gran Sasso-Laga), l'Appennino centro-meridionale e la Calabria.

5.2.3 Validazione eco-climatica delle regioni

La sola informazione genetica non è tuttavia sufficiente a definire unità operative per la gestione dei materiali di base. Per tale motivo le regioni proposte sono state sottoposte a una validazione indipendente mediante i dati climatici ad alta risoluzione (CHELSA).

Per ciascuno dei 340 punti dell'Inventario Forestale Nazionale attribuiti alle sei regioni sono state estratte le sei variabili bioclimatiche rappresentative del regime termico e pluviometrico già riportate per l'analisi del leccio.

L'analisi delle componenti principali (PCA) ha mostrato che i primi due assi spiegano circa il 74% della variabilità climatica complessiva (fig. 5.3). Diversamente da quanto osservato nel leccio, la separazione tra le regioni è risultata principalmente determinata da un gradiente termo-idrico, fortemente correlato con BIO06 e BIO18, mentre BIO15 assume un ruolo secondario.

La matrice di correlazione ha evidenziato due gruppi principali di variabili:

- variabili termiche (BIO05, BIO06 e BIO07);
- variabili pluviometriche (BIO12 e BIO18).

La stagionalità delle precipitazioni (BIO15) è risultata relativamente indipendente dagli altri parametri climatici.

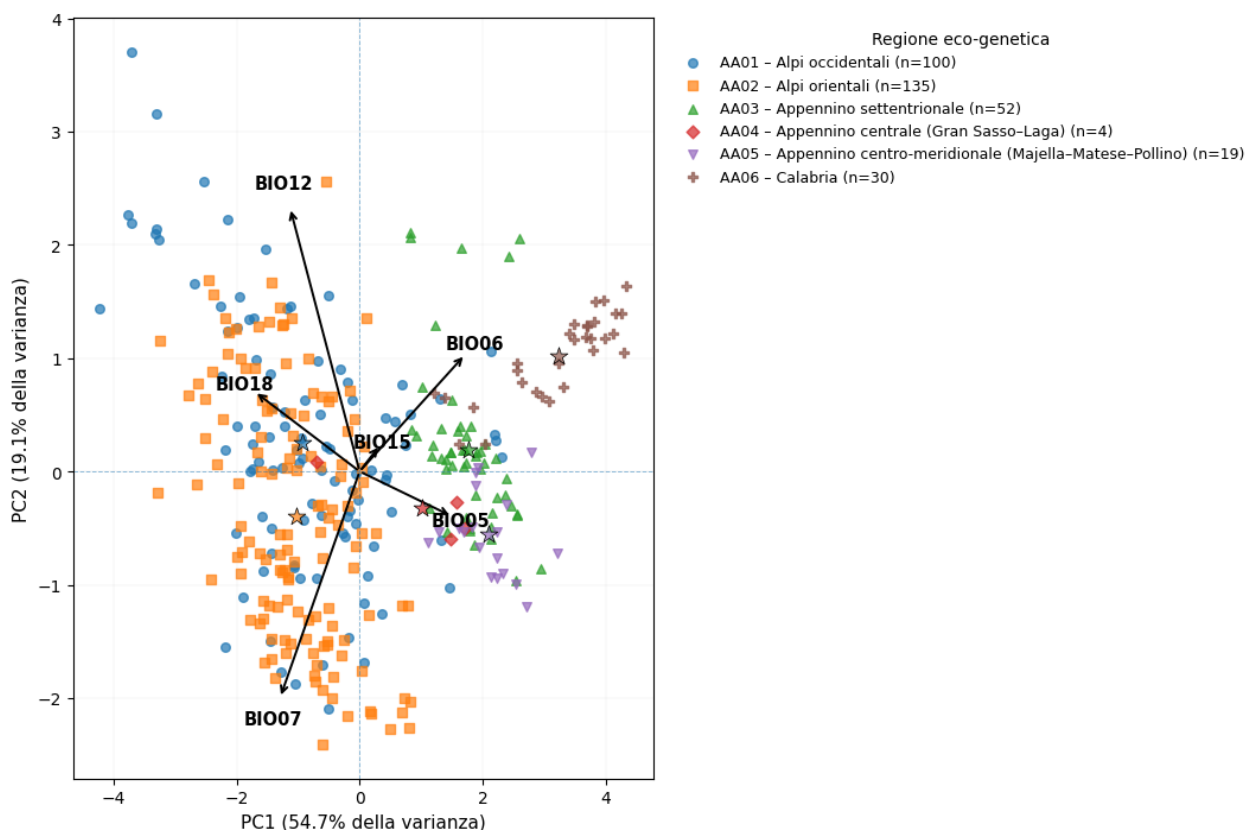


Figura 5.3. Diagramma PCA per *Abies alba*, con evidente posizione isolata di AA06 (Calabria), mentre AA03–AA05 formano una progressione appenninica e AA01–AA02 occupano prevalentemente il settore opposto del gradiente.

5.2.4 Validazione statistica e supporto genetico

La robustezza della regionalizzazione è stata verificata mediante una serie di analisi statistiche univariate e multivariate.

I test di Kruskal–Wallis hanno evidenziato differenze altamente significative tra le regioni per tutte le variabili climatiche considerate ($p < 0,001$). Le variabili maggiormente discriminanti risultano BIO18, BIO06, BIO07.

Le successive comparazioni multiple mediante test di Dunn hanno confermato la presenza di differenze significative tra numerose coppie di regioni, indicando come i principali gradienti climatici coincidano con le principali discontinuità genetiche descritte dalla letteratura.

L'analisi multivariata PERMANOVA ha ulteriormente confermato tale risultato, mostrando che la regione di appartenenza spiega oltre il 50% della variabilità climatica complessiva ($R^2 \approx 0,52$; $p < 0,001$). Tale valore può essere considerato particolarmente elevato per dati ecologici e conferma l'esistenza di una marcata differenziazione ambientale tra le unità individuate.

L'analisi della dispersione interna (*betadisper*), infine, ha evidenziato differenze significative tra le regioni anche in termini di eterogeneità climatica. Tale risultato non invalida la PERMANOVA, ma suggerisce che alcune regioni (in particolare quelle alpine) comprendono una maggiore variabilità ambientale rispetto ai nuclei appenninici più circoscritti.

La sintesi della validazione climatica e del supporto delle informazioni genetiche per le diverse regioni eco-genetiche è riportata in fig. 5.4.

REGIONE E AREA GEOGRAFICA	CONTESTO TERRITORIALE	SUPPORTO GENETICO	VALIDAZIONE CLIMATICA E PRINCIPALI ELEMENTI DISTINTIVI
AA01 Alpi occidentali	 Alpi occidentali (dal Piemonte alla Valle d'Aosta)	 Elevato	 Differenziata rispetto alle altre regioni alpine e appenniniche.
AA02 Alpi orientali	 Alpi orientali (dal Trentino-Alto Adige al Friuli Venezia Giulia)	 Buono	 Differenziazione confermata dalle analisi climatiche.
AA03 Appennino setentrionale	 Appennino setentrionale (Liguria, Emilia-Romagna, Toscana settentrionale)	 Molto elevato	 Elevata coerenza tra struttura genetica e caratterizzazione ecologica.
AA04 Appennino centrale (Gran Sasso–Laga)	 Appennino centrale (Gran Sasso–Laga e aree limitrofe)	 Molto elevato	 Nucleo caratterizzato geneticamente, rappresentato da un numero limitato di popolazioni.
AA05 Appennino centro-meridionale	 Appennino centro-meridionale (dalla Campania alla Basilicata)	 Molto elevato	 Differenziazione significativa lungo i principali gradienti termo-idrici.
AA06 Calabria	 Calabria e Aspromonte	 Elevato	 Popolazioni periferiche associate a condizioni climatiche peculiari.

Figura 5.4. Sintesi della validazione delle regioni eco-genetiche di *Abies alba*. Per ciascuna regione sono riportati il livello di supporto derivante dalle conoscenze genetiche (Piotti et al. 2017) e i principali risultati della validazione climatica. Il quadro evidenzia la convergenza tra differenziazione genetica e caratterizzazione ecologica delle sei unità individuate.

5.2.5 Implicazioni operative per la gestione dei materiali di base

L'insieme delle evidenze genetiche, ecologiche e statistiche consente di considerare le sei regioni individuate come unità operative idonee per la gestione dei materiali forestali di moltiplicazione dell'abete bianco (fig. 5.5).

Sebbene il Registro Nazionale dei Materiali di Base copra la maggior parte delle regioni eco-genetiche individuate, l'assenza di materiali di base nell'area Gran Sasso–Monti della Laga rappresenta una criticità. Le analisi filogeografiche e genomiche più recenti indicano infatti che questo settore costituisce una distinta unità genetica dell'Appennino, separata sia dalle popolazioni tosco-emiliane sia da quelle dell'Appennino meridionale. In una prospettiva di conservazione delle risorse genetiche e di gestione delle provenienze, l'individuazione e l'iscrizione di materiali di base rappresentativi di questa regione eco-genetica dovrebbe quindi costituire una priorità.

Le popolazioni dell'Appennino centrale (AA04) e della Calabria (AA06) richiedono particolare attenzione, in quanto rappresentano nuclei isolati che hanno seguito una storia evolutiva in larga parte indipendente. Le analisi filogeografiche e genomiche più recenti indicano una marcata barriera genetica nell'Appennino centrale, mentre le popolazioni calabresi rappresentano uno dei principali rifugi glaciali della specie nel Mediterraneo, caratterizzate da elevata diversità genetica e dalla presenza di varianti evolutive di particolare valore.

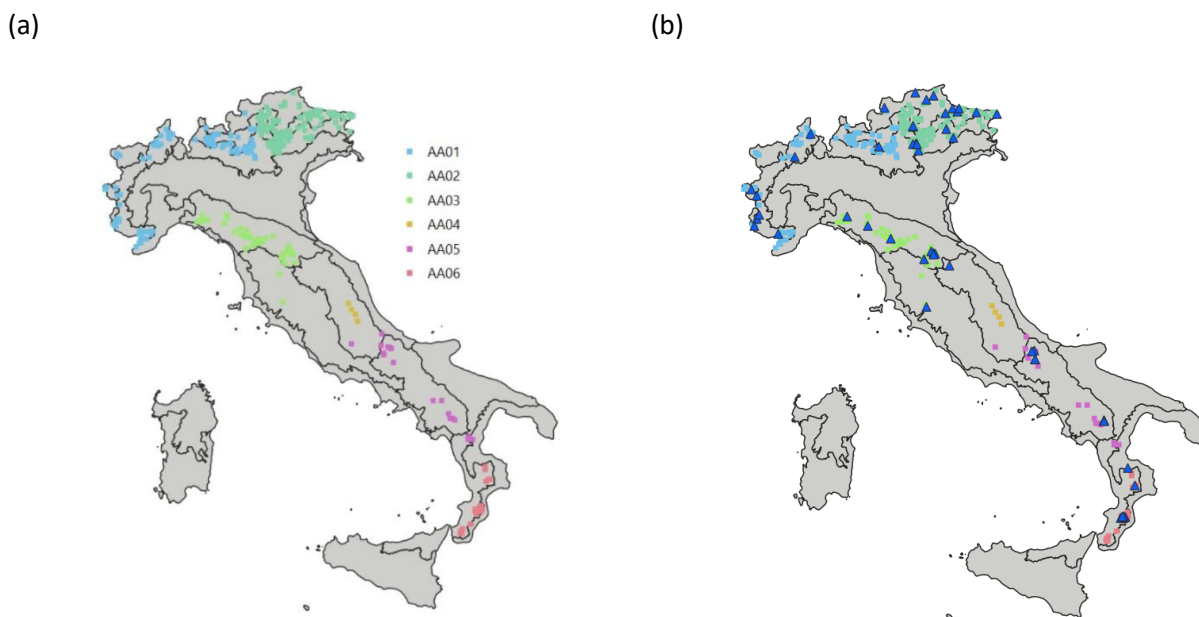


Figura 5.5. Regionalizzazione eco-genetica proposta per *A. alba* in Italia. (a) Assegnazione dei 340 punti dell'Inventario Forestale Nazionale (IFN) alle sei regioni eco-genetiche individuate sulla base dell'integrazione tra evidenze genetiche e filogeografiche disponibili in letteratura, distribuzione della specie e caratterizzazione climatica. (b) Distribuzione dei Materiali di Base di *A. alba* iscritti al Registro nazionale (triangoli blu) sovrapposta ai punti IFN classificati nelle regioni eco-genetiche proposte.

L'isolamento geografico di questi nuclei, unito al loro ruolo di serbatoi di diversità genetica e di possibili adattamenti locali (le popolazioni calabresi sono considerate uno dei più importanti rifugi glaciali meridionali per l'abete bianco in Europa) e alla limitata estensione geografica ed isolamento, ne giustifica una particolare

attenzione nelle strategie di conservazione e nella definizione delle provenienze per il materiale forestale di moltiplicazione. Al contrario, le regioni alpine rappresentano unità più ampie e climaticamente più eterogenee, all'interno delle quali potranno essere sviluppati in futuro ulteriori livelli di dettaglio qualora nuove evidenze genetiche lo rendessero opportuno.

Il confronto con la regionalizzazione recentemente proposta da Marchi (2024), ottenuta mediante integrazione di dati genetici e ambientali, evidenzia un'elevata concordanza nella delimitazione delle principali unità territoriali. In particolare, risultano sostanzialmente coincidenti con questo lavoro la distinzione tra Alpi occidentali e orientali, l'individuazione di un dominio appenninico settentrionale, di un nucleo dell'Appennino centrale e delle popolazioni meridionali e calabresi. Le differenze tra i due studi riguardano prevalentemente il livello di dettaglio della suddivisione alpina, più articolata nel lavoro citato, mentre questo privilegia una sintesi orientata all'applicazione operativa.



5.3 Faggio (*Fagus sylvatica* L.)

5.3.1 Inquadramento ecologico della specie

Il faggio europeo (*Fagus sylvatica* L.) rappresenta una delle specie forestali più caratteristiche dell'Europa temperata ed è il principale costituente delle foreste montane dell'Italia peninsulare e dell'arco alpino. Il suo areale italiano si estende dalle Alpi occidentali fino alla Calabria e alla Sicilia nord-orientale (<https://www.euforgen.org/species/fagus-sylvatica>), occupando prevalentemente la fascia montana compresa tra 800 e 1800 m s.l.m., con significative variazioni altitudinali legate alla latitudine e alle condizioni climatiche locali.

Dal punto di vista ecologico, il faggio è una specie relativamente esigente in termini di disponibilità idrica e presenta una spiccata sensibilità agli estremi climatici, in particolare alle elevate temperature estive associate a deficit idrico prolungato. Per questo motivo la sua distribuzione segue strettamente i gradienti termopluviometrici della penisola italiana. Nelle Alpi occupa sia i versanti esterni più umidi sia i settori interni maggiormente continentali, mentre lungo l'Appennino costituisce un elemento continuo della fascia montana fino all'Appennino meridionale, assumendo carattere progressivamente più relitto nelle aree mediterranee e insulari.

Questa ampia distribuzione geografica, unita alla notevole longevità della specie e alla limitata capacità di dispersione dei semi, ha favorito nel corso del Quaternario la formazione di una complessa struttura filogeografica, oggi riconosciuta come uno degli elementi fondamentali per la gestione dei materiali forestali di moltiplicazione.

5.3.2 Stato delle conoscenze genetiche

A differenza di quanto osservato per *Q. ilex* o *A. alba*, per il faggio non esiste ancora un'ipotesi di regionalizzazione genetica italiana condivisa e direttamente applicabile alla gestione forestale. Le conoscenze disponibili derivano dall'integrazione di studi condotti con differenti marcatori molecolari, approcci paleobotanici e, più recentemente, analisi genomiche.

Le prime indagini sistematiche sulle popolazioni italiane furono realizzate da Leonardi & Menozzi (1995) mediante marcatori isoenzimatici. Gli autori evidenziarono una differenziazione genetica complessivamente modesta ($F_{ST} \approx 0.05$), ma accompagnata da un chiaro gradiente geografico lungo la penisola e da una maggiore variabilità genetica nelle popolazioni meridionali. Tali risultati suggeriscono una storia evolutiva caratterizzata da una forte conservazione della variabilità entro popolazione e da una progressiva differenziazione lungo l'asse nord-sud.

Successivamente, Magri et al. (2006) hanno integrato dati genetici e paleobotanici dimostrando come l'attuale distribuzione del faggio europeo derivi dalla sopravvivenza in molteplici rifugi glaciali mediterranei e dalla successiva ricolonizzazione dell'Europa durante l'Olocene. Per l'Italia, il lavoro evidenzia il ruolo fondamentale degli Appennini come area di rifugio e di espansione postglaciale.

Le analisi genomiche più recenti (Marchesini et al. 2023) hanno confermato l'esistenza di una marcata differenziazione tra popolazioni alpine e appenniniche, indicando come tale separazione sia il risultato di una

storia evolutiva antica piuttosto che di una semplice risposta ai gradienti climatici contemporanei. Infine, Postolache et al. (2021) hanno mostrato come la variabilità adattativa del faggio europeo sia influenzata sia dalle componenti termiche sia da quelle idriche del clima, evidenziando un controllo ambientale più complesso rispetto a quello osservato in specie mediterranee.

Nel complesso, la letteratura suggerisce quindi una struttura genetica relativamente continua ma organizzata lungo grandi comparti geografici, senza tuttavia definire una vera regionalizzazione operativa applicabile alla gestione dei materiali di base.

5.3.3 Costruzione delle regioni eco-genetiche

Sulla base delle conoscenze genetiche disponibili, integrate con la distribuzione dei punti dell'Inventario Forestale Nazionale e con criteri di continuità geografica ed ecologica, è stata formulata una prima proposta di regionalizzazione costituita da sei regioni:

- FA11 – Alpi eso-alpine
- FA12 – Alpi meso-/endo-alpine
- FA02 – Appennino settentrionale
- FA03 – Appennino centrale
- FA04 – Appennino meridionale
- FA05 – Sicilia

La distinzione tra i due comparti alpini non deriva direttamente da evidenze genetiche, bensì dalla consolidata differenziazione ecologica tra settore eso-alpino e settore meso-/endo-alpino, caratterizzati da differenti condizioni termo-pluviometriche. Al contrario, la suddivisione dell'Appennino riflette sia la struttura filogeografica proposta dalla letteratura sia la distribuzione continua dei popolamenti italiani. Particolare attenzione è stata dedicata alle faggete isolate della Toscana meridionale e del Lazio (Monte Amiata, Monti Cimini e altri rilievi vulcanici), attribuite all'Appennino centrale in quanto ecologicamente più affini ai popolamenti appenninici mediterranei che a quelli dell'Appennino settentrionale.

5.3.4 Validazione eco-climatica

La validazione è stata condotta utilizzando 1.281 punti IFN, ai quali sono stati associati sei indicatori climatici.

Il diagramma PCA (fig. 5.6) mostra che i primi due assi spiegano complessivamente circa il 69,5% della variabilità climatica, indicando come i principali gradienti ecologici della specie siano efficacemente descritti da un numero limitato di variabili.

L'analisi di Kruskal–Wallis evidenzia differenze altamente significative tra le regioni per tutte le variabili considerate, mentre il test di Dunn individua come maggiormente discriminanti BIO18 (precipitazione del trimestre più caldo), BIO07 (escursione termica annua), BIO06 (temperatura minima del mese più freddo).

La PERMANOVA conferma che la classificazione proposta spiega una quota significativa della variabilità climatica complessiva ($R^2 \approx 0,38$; $p < 0,001$), valore leggermente superiore a quello ottenuto utilizzando una singola regione alpina. Sebbene l'incremento sia contenuto, esso indica che la distinzione tra settore eso-alpino e meso-/endo-alpino migliora la coerenza ecologica del modello. L'analisi della dispersione (*betadisper*) evidenzia differenze nella variabilità interna delle regioni, aspetto coerente con l'ampia estensione geografica e con la natura ecotonale di alcune aree di transizione.

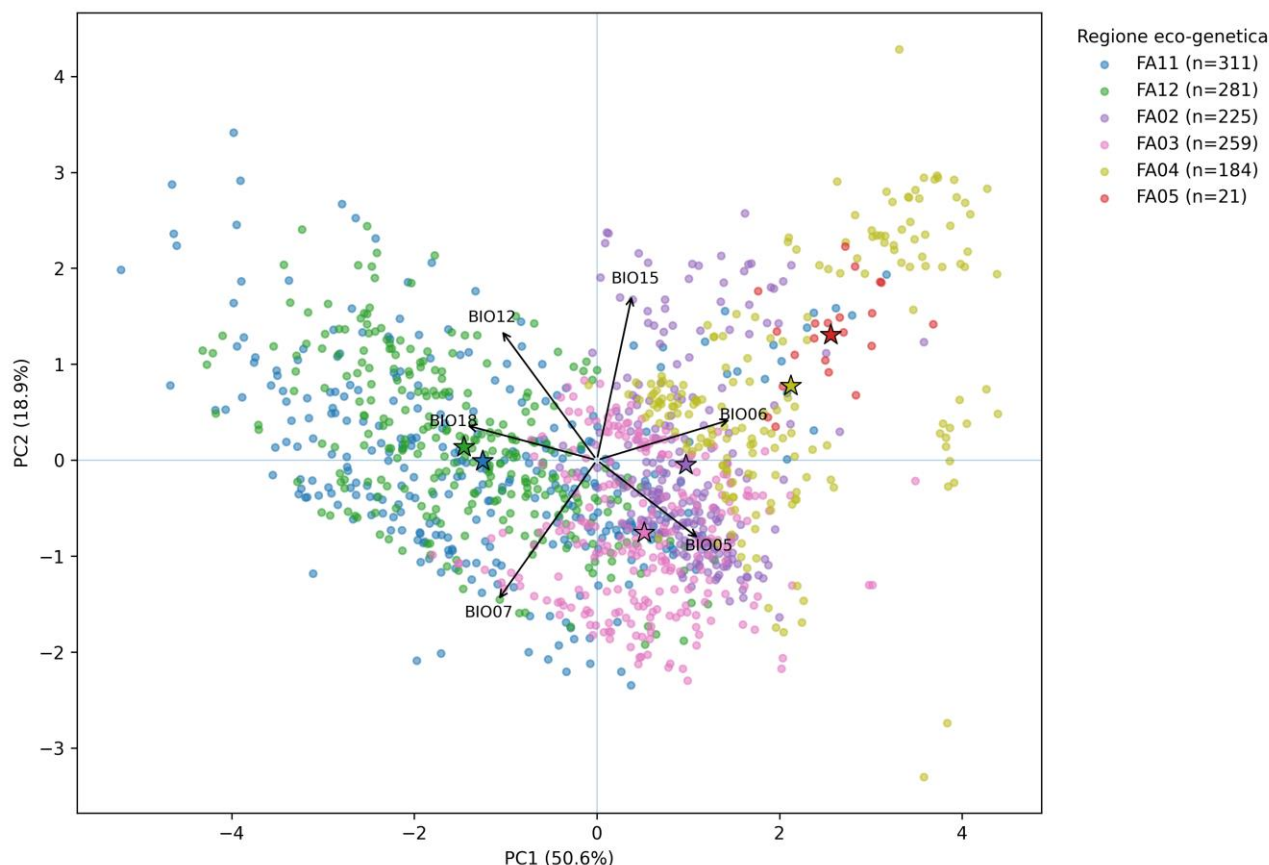


Figura 5.6. Analisi delle componenti principali (PCA) delle sei variabili bioclimatiche associate ai punti IFN di *Fagus sylvatica*. I primi due assi spiegano il 69,5% della variabilità complessiva (PC1 = 50,6%; PC2 = 18,9%) ed evidenziano la differenziazione climatica delle sei regioni eco-genetiche lungo i principali gradienti termo-pluviometrici.

5.3.5 Interpretazione dei risultati

A differenza del leccio, nel quale il gradiente principale è fortemente controllato dalla disponibilità idrica, e dell'abete bianco, caratterizzato da una struttura filogeografica molto marcata, il faggio presenta una situazione intermedia. Le regioni individuate (fig. 5.7) rappresentano infatti comparti caratterizzati da una buona coerenza climatica, pur mantenendo ampie zone di transizione tra popolamenti contigui. Ciò riflette la storia evolutiva della specie, caratterizzata da una ricolonizzazione postglaciale relativamente continua e da un elevato flusso genico.

La suddivisione delle Alpi in due comparti costituisce un affinamento ecologico piuttosto che una nuova ipotesi filogeografica. I risultati indicano che tale distinzione è sostenuta soprattutto dal regime pluviometrico estivo, mentre le differenze termiche risultano meno marcate. Per questo motivo essa deve essere interpretata come una sottoregionalizzazione operativa utile ai fini gestionali, piuttosto che come una separazione genetica autonoma. Analogamente, la Sicilia è stata mantenuta come regione indipendente non tanto per la disponibilità di robuste evidenze genetiche, quanto per il forte isolamento geografico, il carattere relitto delle popolazioni e il principio di precauzione nella movimentazione dei materiali forestali di moltiplicazione.

La distribuzione dei materiali di base del Registro Nazionale mostra una buona corrispondenza con le principali regioni eco-genetiche individuate per *Fagus sylvatica*, pur evidenziando alcune differenze nella densità di copertura. Le regioni alpine (FA11 e FA12) risultano le meglio rappresentate, con numerosi materiali di base distribuiti lungo l'intero arco alpino, a testimonianza della consolidata tradizione selvicolturale e dell'elevata disponibilità di popolamenti idonei alla raccolta di materiale forestale di moltiplicazione. Anche l'Appennino settentrionale (FA02) presenta una copertura soddisfacente, mentre l'Appennino centrale (FA03), pur ospitando il principale nucleo di distribuzione del faggio italiano, mostra una rappresentazione più discontinua, con ampie aree nelle quali non risultano materiali di base iscritti al Registro.

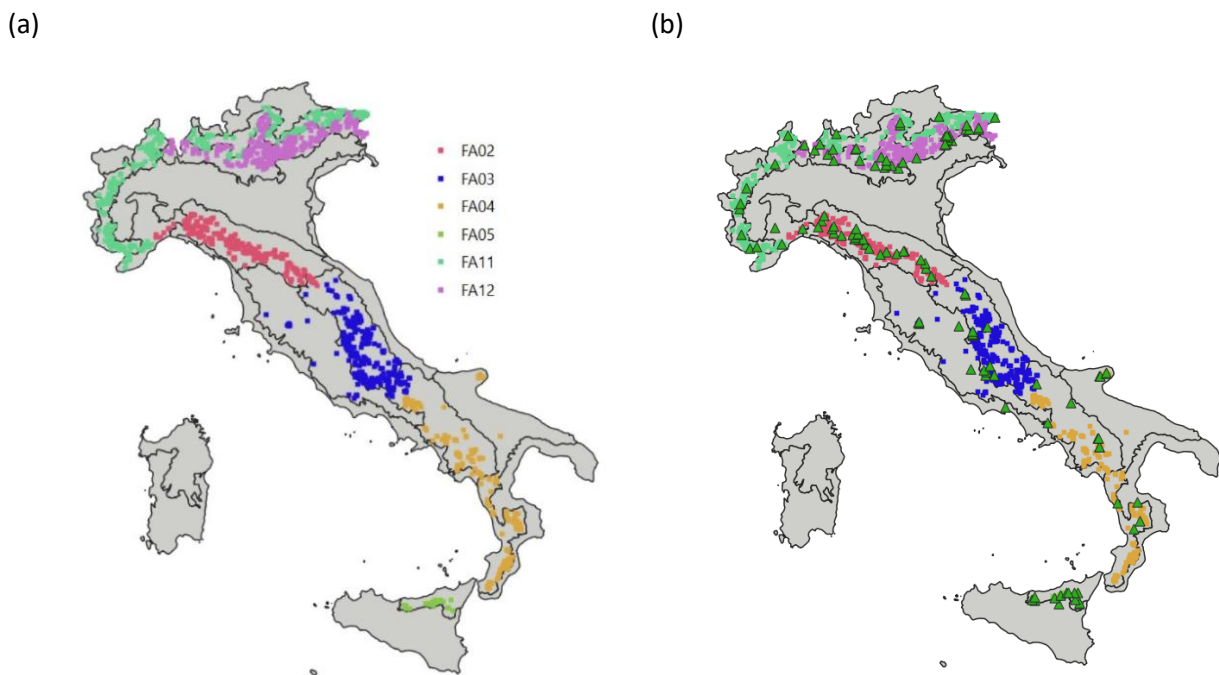


Figura 5.7. (a) Regionalizzazione eco-genetica proposta per *F. sylvatica* in Italia. Assegnazione dei 1.281 punti dell'Inventario Forestale Nazionale (IFN) alle sei regioni eco-genetiche individuate sulla base dell'integrazione tra evidenze genetiche e filogeografiche disponibili in letteratura, distribuzione della specie e caratterizzazione climatica. Le regioni costituiscono le unità di riferimento per le successive analisi ecologiche e statistiche. (b) Distribuzione dei Materiali di Base di *F. sylvatica* iscritti al Registro nazionale (triangoli verdi) sovrapposta ai punti IFN classificati nelle regioni eco-genetiche proposte.

La situazione è ancora più eterogenea nell'Appennino meridionale (FA04), dove i materiali di base sono presenti ma con densità inferiore rispetto all'estensione della regione. Ciò suggerisce che alcune aree di elevato interesse eco-genetico potrebbero essere sottorappresentate nel sistema attuale. Particolarmente significativa è la presenza di materiali di base anche nella regione siciliana (FA05). Pur trattandosi di un numero limitato di popolamenti, essi ricadono all'interno dell'unità eco-genetica individuata, contribuendo alla conservazione e all'utilizzo di un patrimonio genetico periferico e di elevato valore conservazionistico.

Nel complesso, il Registro Nazionale garantisce una copertura relativamente buona delle principali regioni eco-genetiche del faggio, ma l'analisi evidenzia anche alcuni comparti, in particolare nell'Appennino centrale e meridionale, nei quali potrebbe essere opportuno valutare l'individuazione di ulteriori materiali di base al fine di rappresentare più efficacemente la variabilità genetica ed ecologica della specie.

5.3.6 Indicazioni operative per la selezione e gestione dei materiali di base forestali

L'insieme delle evidenze ecologiche, climatiche e genetiche indica che le regioni individuate per *Fagus sylvatica* costituiscono unità operative utili per orientare la gestione dei Materiali Forestali di Moltiplicazione, pur all'interno di una specie caratterizzata da una relativa continuità distributiva e da ampie zone di transizione tra popolamenti contigui. La regionalizzazione proposta non deve pertanto essere interpretata come una suddivisione rigida dell'areale, ma come uno strumento per riconoscere i principali comparti ecologici e biogeografici entro i quali risulta più prudente mantenere la movimentazione del materiale di propagazione. La validazione climatica conferma differenze significative tra le regioni e mostra che la classificazione proposta spiega una quota rilevante della variabilità ambientale complessiva.

Dal punto di vista gestionale, appare quindi opportuno privilegiare l'impiego di Materiali di Base provenienti dalla stessa regione eco-genetica del sito di destinazione, soprattutto quando i trasferimenti interessano comparti caratterizzati da condizioni climatiche sensibilmente differenti. Particolare attenzione deve essere riservata ai gradienti legati alla disponibilità idrica estiva, alla continentalità e alle temperature minime invernali, che risultano tra i principali fattori di differenziazione delle regioni individuate. La presenza di zone ecotonali suggerisce tuttavia di evitare interpretazioni eccessivamente rigide dei confini, valutando caso per caso la continuità geografica ed ecologica tra aree adiacenti.

La distinzione tra Alpi eso-alpine e Alpi meso-/endo-alpine assume in questo quadro un significato prevalentemente operativo. Essa non deriva da una netta discontinuità genetica, ma dalla presenza di condizioni termo-pluviometriche differenti, in particolare per quanto riguarda il regime delle precipitazioni estive. Tale articolazione può quindi risultare utile nella scelta dei materiali destinati a contesti ecologicamente diversi all'interno dell'arco alpino, senza implicare necessariamente l'esistenza di unità genetiche completamente separate.

Una maggiore cautela è invece opportuna nei confronti delle popolazioni periferiche, isolate o relitte, nelle quali l'isolamento geografico e la particolare storia evolutiva possono aver favorito la conservazione di caratteristiche peculiari. Rientrano in questa categoria soprattutto le popolazioni siciliane e, più in generale, le faggete mediterranee isolate dell'Italia centrale e meridionale. Per questi nuclei, il principio di precauzione suggerisce di limitare l'introduzione di materiale proveniente da regioni ecologicamente o geograficamente distanti e di favorire, ove possibile, l'utilizzo e la conservazione di materiali locali. La Sicilia, in particolare, è stata mantenuta come regione autonoma proprio in considerazione del forte isolamento geografico e del carattere relitto delle popolazioni.

Il confronto con il Registro Nazionale dei Materiali di Base mostra nel complesso una buona corrispondenza con le principali regioni eco-genetiche, ma anche differenze nella densità della loro rappresentazione. La regionalizzazione può quindi essere utilizzata anche per individuare eventuali carenze territoriali nella disponibilità di Materiali di Base, orientando la selezione e l'iscrizione di nuove fonti di seme nelle aree meno rappresentate e nelle popolazioni di maggiore interesse conservazionistico.

In prospettiva, le regioni eco-genetiche del faggio rappresentano quindi uno strumento di supporto alla gestione delle provenienze, alla conservazione della diversità intraspecifica e alla programmazione vivaistica. La loro utilizzazione dovrebbe mantenere un equilibrio tra due esigenze complementari: evitare trasferimenti tra contesti climatici ed evolutivi troppo differenti e, al tempo stesso, non trasformare gradienti ecologici continui in barriere artificialmente rigide. Nuovi dati genetici e genomici potranno in futuro affinare alcune delimitazioni, soprattutto nelle aree di transizione e nelle popolazioni periferiche.



5.4 Ciliegio selvatico (*Prunus avium* L.)

5.4.1 Ecologia della specie e criteri per la definizione delle regioni eco-genetiche

Il ciliegio selvatico (*Prunus avium* L.) rappresenta un caso particolare nell'ambito della definizione delle regioni di provenienza forestali. A differenza di specie quali il faggio o il leccio, che costituiscono frequentemente popolamenti estesi e relativamente omogenei, il ciliegio è una latifolia sporadica, generalmente presente come componente accessoria di boschi misti, nella quale la distribuzione non coincide quasi mai con quella della formazione forestale dominante (<https://www.euforgen.org/species/prunus-avium>). La sua presenza è infatti legata a condizioni ecologiche locali favorevoli e a dinamiche forestali che ne consentono la rinnovazione, risultando frequentemente associata a margini di bosco, radure, schiarite, boschi misti caducifogli e aree interessate da disturbi naturali o antropici. Infine, la presenza di una doppia strategia di dispersione (seme e pollone radicale), condiziona la struttura genetica su brevi e lunghe distanze.

Questa caratteristica comporta importanti conseguenze nella delimitazione delle regioni di provenienza. Nelle specie edificatrici di bosco il popolamento rappresenta esso stesso l'unità ecologica di riferimento e riflette direttamente i principali gradienti climatici e biogeografici. Nel ciliegio, invece, la presenza della specie dipende contemporaneamente dal clima, dalla struttura del paesaggio forestale e dalle interazioni con le altre specie arboree. In altre parole, il ciliegio non occupa un proprio "tipo forestale", ma si inserisce in una molteplicità di comunità vegetali, sfruttando nicchie ecologiche che possono essere anche molto differenti tra loro. Una regionalizzazione costruita esclusivamente sul clima rischierebbe pertanto di descrivere solo una parte della variabilità ecologica della specie, trascurando il contesto forestale entro il quale essa vive e si rinnova.

Per questo motivo, per il ciliegio è stato adottato un approccio leggermente diverso rispetto a quello utilizzato per le altre specie. La definizione delle unità eco-genetiche ha infatti integrato la caratterizzazione climatica con un'analisi del paesaggio forestale, sintetizzata mediante l'individuazione di "tipi di paesaggio forestale" (TP), successivamente confrontata con le conoscenze disponibili sulla struttura genetica della specie in Italia.

I tipi di paesaggio forestale non rappresentano esclusivamente i principali gradienti climatici, ma sintetizzano l'effetto combinato di fattori ecologici operanti a scale differenti. Essi riflettono infatti sia le caratteristiche ambientali di ampia scala, quali clima, altitudine e distribuzione delle principali formazioni forestali, sia l'organizzazione del mosaico forestale circostante, influenzata dalla storia gestionale, dai processi successionali e dai disturbi naturali. Di conseguenza, i tipi di paesaggio costituiscono una descrizione integrata del contesto ecologico nel quale la specie è inserita, pur non rappresentando direttamente lo stadio successionale del singolo popolamento.

I tipi di paesaggio possono essere definiti come modelli ricorrenti di composizione forestale, ovvero configurazioni ecologiche nelle quali tendono ad associarsi gruppi di specie con caratteristiche ambientali simili. Un tipo può quindi essere interpretato come la firma ecologica del paesaggio forestale entro cui il ciliegio è inserito. Ad esempio, un tipo è caratterizzato dalla prevalenza di faggete e boschi montani mesofili, un altro da querceti caducifogli termofili, un altro ancora da boschi misti collinari o da formazioni mediterranee sempreverdi.

Le fonti dei dati utilizzate per la regionalizzazione sono riassunte sinteticamente in fig. 5.8.

FONTE DEI DATI	CONTENUTO	RUOLO NELL'ANALISI
 Inventario Forestale Nazionale (IFN) 578 punti con presenza di <i>P. avium</i>	 578 punti con presenza di <i>P. avium</i>	 Distribuzione della specie e caratterizzazione del paesaggio forestale
 CHELSA v2.1 Dataset climatico ad alta risoluzione	 Variabili bioclimatiche (BIO05, BIO06, BIO07, BIO12, BIO15, BIO18)	 Caratterizzazione climatica
 Composizione forestale dei punti IFN Informazioni sulle specie arboree associate	 Frequenza delle specie arboree associate ai punti IFN	 Definizione dei tipi di paesaggio forestali
 Letteratura genetica Studi e pubblicazioni sulle popolazioni italiane	 Struttura genetica delle popolazioni italiane	 Interpretazione eco-genetica dei cluster

Figura 5.8. Dati utilizzati per l'individuazione di regioni eco-genetiche nel ciliegio.

5.4.2 Distribuzione della specie e caratterizzazione del paesaggio forestale

La distribuzione del ciliegio è stata ricostruita utilizzando i 578 punti dell'Inventario Forestale Nazionale (IFN) nei quali la specie è risultata presente. La distribuzione appare ampia ma fortemente discontinua, con una maggiore concentrazione lungo l'arco alpino, la fascia prealpina e l'Appennino settentrionale e centrale. Procedendo verso l'Italia mediterranea la frequenza diminuisce progressivamente, fino a limitarsi ai rilievi interni e alle stazioni caratterizzate da maggiore disponibilità idrica.

L'analisi della distribuzione mette inoltre in evidenza come il ciliegio occupi paesaggi forestali estremamente differenziati. Nelle Alpi esso è frequentemente associato a faggete, acero-frassineti e boschi misti montani; nella fascia collinare padana compare all'interno di querceti mesofili e boschi misti di latifoglie; lungo la dorsale appenninica è componente delle cerrete e dei boschi misti a carpino, acero e frassino, mentre nelle regioni mediterranee sopravvive prevalentemente nei versanti più freschi e nelle aree submontane. Questa notevole plasticità ecologica conferma come il paesaggio forestale rappresenti una componente essenziale per interpretare la distribuzione della specie.

Le numerose combinazioni floristiche osservate nei punti IFN sono state ricondotte a nove tipi di paesaggio forestale (fig. 5.9), ottenute mediante analisi multivariata. Ogni tipo rappresenta un insieme ricorrente di specie arboree che descrive il contesto ecologico nel quale il ciliegio è inserito.

L'analisi congiunta dei tipi di paesaggio forestale e delle variabili climatiche, sintetizzate mediante Analisi delle Componenti Principali, ha permesso di identificare cinque gruppi ecologicamente omogenei attraverso un'analisi di clustering gerarchico. Il procedimento concettuale è riportato sinteticamente nel diagramma di fig. 5.10.

Classificazione basata sulla composizione delle specie associate a <i>P. avium</i>		Distribuzione dei tipi di paesaggio nelle regioni eco-genetiche		Interpretazione ecologica del contesto forestale e del ruolo di <i>P. avium</i>
CODICE	N PUNTI IFN	SPECIE GUIDA (principali associate)	REGIONI PREVALENTI	INTERPRETAZIONE ECOLOGICA
TP1	53	Faggio, acero di monte, castagno, ciliegio selvatico, nocciolo	PA01 (PA02 secondaria)	Faggete e boschi montani mesofili; ambienti freschi e umidi dell'arco alpino e delle quote più elevate dell'Appennino.
TP2	93	Rovere, carpino bianco, castagno, ciliegio selvatico, robinia	PA02 – PA03	Boschi misti mesofili collinari e submontani; contesto di transizione tra sistemi alpini e collinari .
TP3	312	Cerro, roverella, orniello, carpino nero, ciliegio selvatico	PA04 – PA05 (PA02 marginale)	Querceti caducifogli termofili e omo-ostieti ; rappresenta il principale paesaggio forestale del ciliegio nell'Italia peninsulare.
TP4	18	Castagno, frassino maggiore, ciliegio selvatico, pino silvestre	PA02 – PA04	Castagneti e boschi misti di media montagna, spesso di origine colturale ma inseriti in contesti mesofili .
TP5	7	Ontano nero, farnia, frassino maggiore, ciliegio selvatico	PA03 – PA04	Boschi ripariali e ambienti igrofili di fondovalle e pianura.
TP6	38	Abete rosso, larice, pino silvestre, faggio, ciliegio selvatico	PA01	Conifere montane e subalpine; ambienti alpini freschi con forte influenza continentale .
TP7	37	Betulla, salicome, frassino maggiore, ciliegio selvatico, castagno	PA02 – PA03	Boschi pionieri e successioni secondarie , frequentemente associati a disturbi o margini forestali.
TP8	3	Leccio, ciliegio selvatico, noce, castagno	PA05	Boschi mediterranei e submediterranei ; tipo molto localizzato e scarsamente rappresentato nel dataset.
TP9	17	Robinia, olmo comune, castagno, ciliegio selvatico, sambuco	PA03	Boschi secondari e paesaggi forestali antropizzati , tipici di pianura e collina.

LEGENDA TIPI DI PAESAGGIO (TP)		TP1 = Paesaggio alpino e subalpino	TP2 = Paesaggio collinare mesofilo di transizione	TP3 = Paesaggio appenninico termofilo	TP6 = Paesaggio delle valli interne e dei fondovalle alpini
		TP4 = Paesaggio di media montagna	TP5 = Paesaggio ripariale e igrofilo di pianura	TP8 = Paesaggio mediterraneo e submediterraneo	TP9 = Paesaggio di pianura e collina antropizzata

Figura 5.9. Tipi di paesaggio associati alla presenza di ciliegio.

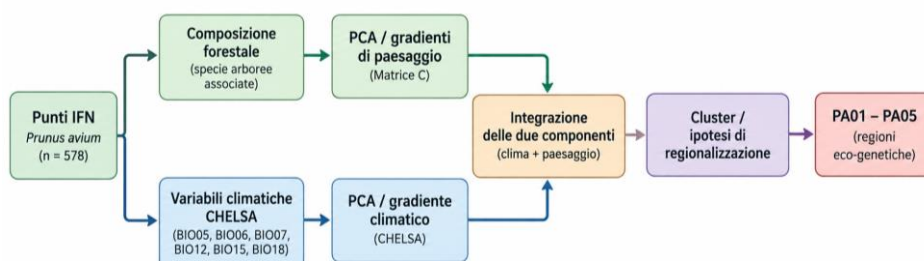


Figura 5.10. Procedimento concettuale seguito per la regionalizzazione nel ciliegio.

Le due PCA rappresentano linee di evidenza ecologica complementari (fig. 5.11): la prima descrive il paesaggio forestale, la seconda il clima. La loro integrazione consente di caratterizzare i punti IFN lungo gradienti ecologici multidimensionali, utilizzati successivamente per il clustering e per formulare le ipotesi di regionalizzazione eco-genetica. I gruppi evidenziati alla fine della procedura rappresentano combinazioni ricorrenti di clima e paesaggio forestale, individuando domini caratterizzati da condizioni ecologiche relativamente omogenee per la presenza di *P. avium*.

(a)

(b)

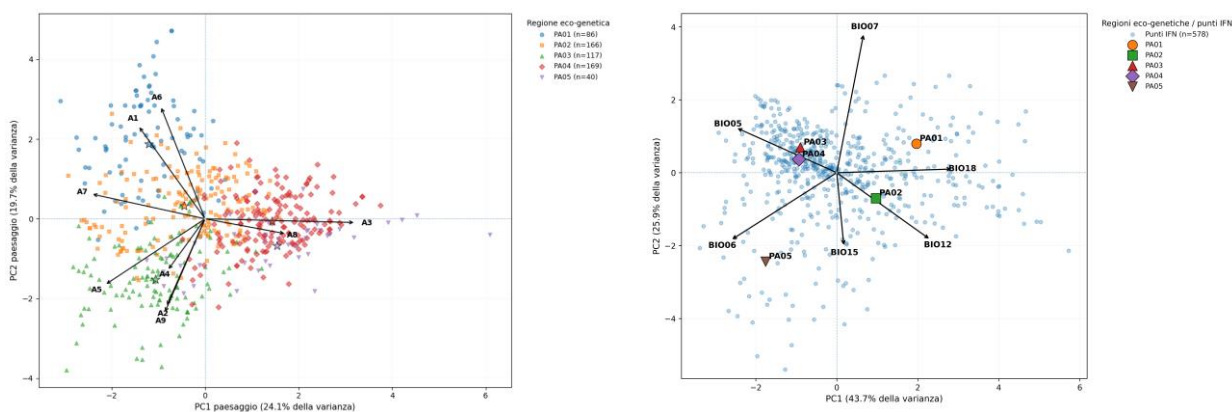


Figura 5.11. Risultati della PCA e interpretazione.

PCA / gradienti di paesaggio forestale (a). La componente di paesaggio descrive il contesto forestale associato a ciascun punto IFN di *Prunus avium*. La Matrice C sintetizza l'affinità dei punti verso nove archetipi forestali (A1–A9), escludendo *P. avium* stesso per evitare effetti di circolarità. La PCA riduce questa informazione composizionale a pochi gradienti principali: i primi due assi spiegano il 43,8% della variabilità complessiva (PC1 = 24,1%; PC2 = 19,7%). La posizione dei punti e delle regioni nel piano PCA esprime quindi differenze nel tipo di paesaggio forestale e nelle comunità arboree associate, dal contesto montano e mesofilo a quello collinare, termofilo e mediterraneo.

PCA / gradiente climatico (b). Per gli stessi punti IFN sono state considerate le sei variabili bioclimatiche (BIO05, BIO06, BIO07, BIO12, BIO15 e BIO18). La PCA climatica sintetizza tali variabili in gradienti termo-pluviometrici: i primi due assi spiegano il 69,5% della variabilità complessiva (PC1 = 43,7%; PC2 = 25,9%). Il primo asse rappresenta principalmente il contrasto tra condizioni più calde e più umide, mentre il secondo riflette soprattutto continentalità e stagionalità delle precipitazioni. La disposizione delle regioni PA01–PA05 evidenzia così la progressiva differenziazione climatica tra contesti montani, temperati e mediterranei.

Nel complesso, sono state individuate cinque regioni dalle seguenti caratteristiche essenziali (fig. 5.12) e climatiche (fig. 5.13):

- **PA01** è il dominio più montano: presenta le temperature estive più basse, gli inverni più rigidi e la massima piovosità estiva, con prevalenza dei tipi di paesaggio TP6 (conifere montane) e TP1 (faggete e boschi montani mesofili).
- **PA02** mantiene condizioni temperate e molto umide, ma con un paesaggio dominato dai querceti caducifogli termofili (TP3) e dai boschi misti mesofili (TP2), confermando il suo ruolo di dominio di transizione.
- **PA03** è più caldo e relativamente più secco; la firma del paesaggio è costituita soprattutto dai boschi misti collinari (TP2), con contributi dei querceti termofili.
- **PA04** rappresenta il dominio tipico dell'Appennino interno, fortemente caratterizzato dal tipo di paesaggio TP3, con precipitazioni intermedie e una maggiore continentalità.
- **PA05** si distingue soprattutto per la mitezza invernale (BIO06 positiva), l'elevata stagionalità delle precipitazioni (BIO15) e la ridotta piovosità estiva (BIO18), confermando la sua natura mediterranea.

PA	DISTRIBUZIONE PREVALENTE	CLIMA	PAESAGGIO FORESTALE	SPECIE GUIDA	TIPI DI PAESAGGIO PREVALENTI
PA01 	Alpi interne	Fresco-umido	Faggete e conifere montane	Faggio, abete bianco	TP6, TP1
PA02 	Fascia esalpica e Appennino tirrenico	Temperato umido	Boschi misti mesofili	Cerro, carpino, acero, ciliegio	TP3–TP2
PA03 	Piemonte collinare e pianura occidentale	Subcontinentale	Querceti misti collinari	Rovere, robinia, ciliegio	TP2
PA04 	Appennino interno	Temperato continentale	Cerrete e boschi misti	Cerro, carpino nero	TP3
PA05 	Italia mediterranea	Mediterraneo	Boschi mediterranei e submediterranei	Leccio, orniello, roverella	TP3

Figura 5.12. Caratterizzazione sintetica delle regioni eco-genetiche individuate.

Regione ecologica	N punti IFN	BIO05 (°C)	BIO06 (°C)	BIO07 (°C)	BIO12 (mm)	BIO15 (mm)	BIO18 (mm)	Tipi di paesaggio forestale prevalenti*
PA01 	86	22.2 ± 2.5	-7.2 ± 2.6	29.4 ± 2.2	1174 ± 358	33.2 ± 6.1	346 ± 122	TP6, TP1
PA02 	166	23.3 ± 1.6	-3.2 ± 1.9	26.4 ± 1.8	1357 ± 383	32.0 ± 4.9	308 ± 121	TP3, TP2
PA03 	117	26.8 ± 1.6	-1.7 ± 1.3	28.5 ± 1.4	942 ± 180	29.8 ± 5.3	210 ± 66	TP2, TP3
PA04 	169	26.5 ± 1.5	-1.2 ± 1.3	27.6 ± 1.1	1018 ± 149	27.3 ± 7.1	200 ± 53	TP3
PA05 	40	25.7 ± 1.7	2.4 ± 2.0	23.3 ± 2.6	1088 ± 233	41.9 ± 7.6	142 ± 37	TP3

I valori riportati sono medie ± deviazione standard dei punti IFN per ciascuna regione eco-genetica.

Variabili climatiche

BIO05 Temp. massima del mese più caldo

BIO06 Temp. minima del mese più freddo

BIO07 Escursione termica annua

BIO12 Precipitazione annua

BIO15 Precipitazione stagione secca

BIO18 Precipitazione stagione calda

Tipi di paesaggio forestale (TP)

Conifere Latifoglie

* Sono riportati uno o due tipi di paesaggio forestale prevalenti, individuati sulla base del valore medio delle presenze dei tipi TP1–TP9 all'interno di ciascuna regione.

Figura 5.13. Valori delle variabili climatiche nelle regioni eco-genetiche.

È interessante osservare come, ad eccezione della regione PA01, fortemente caratterizzata dai tipi di paesaggio forestale montani (TP1 e TP6), tutte le altre regioni presentino una netta prevalenza dei tipi TP2 e soprattutto TP3. Tale risultato evidenzia come le regioni non siano determinate esclusivamente dalla composizione del paesaggio forestale, ma dall'integrazione tra quest'ultima e le condizioni climatiche. Lo

stesso tipo di paesaggio può infatti comparire in contesti climatici differenti e contribuire così alla definizione di regioni eco-genetiche distinte.

5.4.3 Integrazione con le conoscenze genetiche

La delimitazione delle regioni non deriva esclusivamente dalle analisi statistiche, ma è stata confrontata con il quadro delle conoscenze genetiche disponibili per la specie. Gli studi condotti sul ciliegio selvatico evidenziano infatti una struttura genetica meno marcata rispetto a quella osservabile in specie caratterizzate da minore capacità di dispersione, ma riconoscono comunque differenze regionali riconducibili ai rifugi glaciali, ai processi di ricolonizzazione postglaciale e alla permanenza di popolazioni storicamente differenziate.

Le regioni eco-genetiche individuate nello studio risultano coerenti con il quadro ecologico e genetico delineato dalle ricerche coordinate da Ducci e collaboratori. Tali studi avevano già evidenziato come il ciliegio presenti in Italia una distribuzione fortemente discontinua, con nuclei relativamente estesi nelle aree subalpine e popolazioni progressivamente più frammentate lungo la dorsale appenninica fino ai settori mediterranei meridionali, dove la specie sopravvive prevalentemente nei fondivalle più freschi. Inoltre, la notevole plasticità ecologica della specie è accompagnata da una marcata sensibilità agli stress idrici estivi, confermata anche dalle analisi climatiche sviluppate in questo lavoro.

L'integrazione tra dati climatici, composizione del paesaggio forestale e conoscenze genetiche consente pertanto di tradurre quantitativamente un quadro biogeografico già delineato dalla letteratura, rafforzando la definizione delle regioni eco-genetiche e fornendo una base operativa per l'individuazione dei Materiali di Base.

5.4.4 Interpretazione dei risultati

Le cinque regioni eco-genetiche proposte riflettono differenti combinazioni di clima e paesaggio forestale, interpretate alla luce delle conoscenze disponibili sulla specie. La distribuzione dei punti IFN assegnati alle cinque regioni evidenzia una struttura geografica coerente con i principali gradienti ecologici della penisola italiana (fig. 5.14). Pur in assenza di una delimitazione cartografica continua, le regioni mostrano una chiara organizzazione spaziale, suggerendo che il clustering abbia individuato domini caratterizzati da condizioni ecologiche ricorrenti e relativamente omogenee piuttosto che semplici aggregazioni statistiche.

PA01 è chiaramente associata al settore meso-endalpico, dove prevalgono condizioni climatiche fresche e paesaggi forestali montani dominati da faggete e conifere. La sua distribuzione è sostanzialmente limitata all'arco alpino interno e rappresenta il dominio ecologicamente più distinto dell'intera classificazione.

PA02 occupa prevalentemente la fascia esalpica e il versante tirrenico dell'Appennino settentrionale, configurandosi come un dominio di transizione tra gli ambienti alpini e quelli appenninici. La sua presenza sia lungo il margine meridionale delle Alpi sia nell'Appennino nord-occidentale riflette condizioni climatiche relativamente umide e un paesaggio forestale caratterizzato da boschi misti mesofili.

PA03 risulta concentrata soprattutto nel settore prealpino occidentale, comprendendo le Langhe, le Alpi Marittime esterne e parte della pianura padana occidentale. Pur condividendo con PA02 alcuni elementi

floristici, se ne distingue per un maggiore carattere subcontinentale e per l'associazione con paesaggi collinari e di pianura, nei quali assumono particolare importanza i boschi secondari e le dinamiche di colonizzazione. La frequente presenza della robinia, pur trattandosi di una specie esotica, rappresenta in questo contesto un indicatore ecologico di tali paesaggi e contribuisce a caratterizzarne l'identità.

PA04 costituisce il principale dominio appenninico, con il proprio nucleo nell'Appennino centrale e una distribuzione continua lungo la dorsale peninsulare. Nell'Appennino settentrionale il dominio tende a concentrarsi soprattutto sul versante orientale, mentre lungo il versante tirrenico prevale più frequentemente PA02. Tale configurazione suggerisce l'esistenza di una differenziazione ecologica interna all'Appennino, riconducibile alla diversa influenza climatica dei due versanti. Il paesaggio forestale è dominato da cerrete, querceti caducifogli e boschi misti mesofili.

PA05, infine, identifica il dominio mediterraneo, distribuito prevalentemente nell'Italia meridionale e nelle isole maggiori. È interessante osservare come questo gruppo non sia limitato esclusivamente al Mezzogiorno, ma compaia anche in Liguria e in alcuni settori della Toscana, evidenziando come esso esprima soprattutto un insieme di condizioni ecologiche mediterranee piuttosto che una semplice appartenenza geografica. Il clima caratterizzato da maggiore aridità estiva e la presenza di paesaggi forestali termofili costituiscono gli elementi distintivi di questa regione.

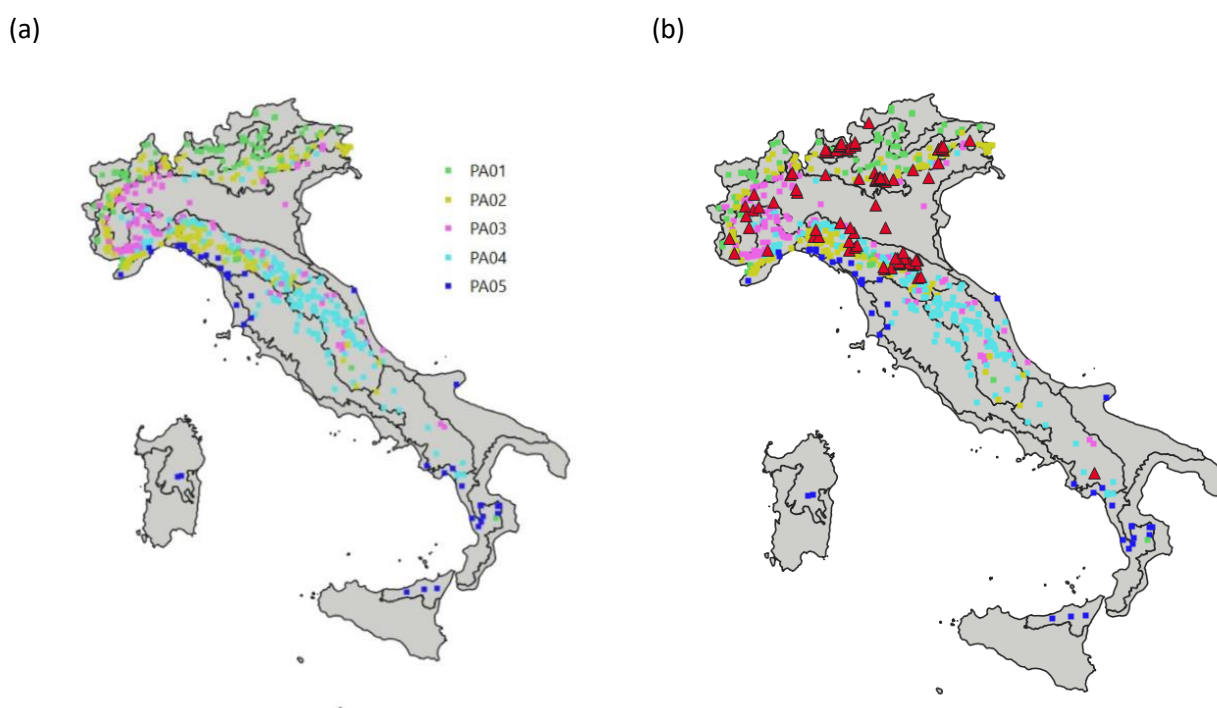


Figura 5.14. (a) Distribuzione dei punti dell'Inventario Forestale Nazionale (IFN) attribuiti alle cinque regioni eco-genetiche proposte per *P. avium*. La classificazione deriva dall'integrazione delle variabili climatiche (CHELSA), dei tipi di paesaggio forestale e delle conoscenze disponibili sulla struttura genetica della specie. (b) Distribuzione dei Materiali di Base di *P. avium* iscritti al RNMB (triangoli rossi) sovrapposta ai punti IFN classificati nelle cinque regioni eco-genetiche proposte.

La figura 5.14b evidenzia come gli attuali Materiali di Base risultino concentrati prevalentemente nelle regioni PA01, PA02 e PA03, corrispondenti all'arco alpino, alla fascia esalpica e al settore nord-occidentale della penisola. Al contrario, le regioni PA04 e soprattutto PA05, pur comprendendo numerosi popolamenti della specie, risultano scarsamente rappresentate nel RNMB. Tale distribuzione suggerisce che l'attuale rete dei Materiali di Base descrive in modo soddisfacente i principali domini settentrionali, mentre appare meno rappresentativa dei contesti appenninici e mediterranei, nei quali sarebbe opportuno promuovere l'individuazione e l'iscrizione di nuovi Materiali di Base al fine di migliorare la copertura ecologica del Registro.

5.4.5 Indicazioni operative per la raccolta e scelta dei Materiali di Base

Un aspetto peculiare della biologia del ciliegio è la frequente propagazione vegetativa mediante polloni radicali, che può dare origine a gruppi di individui geneticamente identici (cloni). Tale caratteristica assume particolare rilevanza nelle attività di raccolta del materiale di propagazione, poiché il prelievo di semi o marze da individui molto ravvicinati può comportare una rappresentazione ridotta della variabilità genetica della popolazione. Per questo motivo, negli studi di caratterizzazione genetica condotti in Italia, il campionamento è stato effettuato selezionando individui sufficientemente distanziati tra loro (generalmente almeno 50–100 m nelle popolazioni prealpine e distanze anche maggiori nei popolamenti appenninici), al fine di ridurre la probabilità di campionare lo stesso clone.

Questo principio può essere utilmente esteso anche alla raccolta del materiale di propagazione destinato alla produzione vivaistica. La delimitazione delle aree di raccolta dovrebbe infatti privilegiare insiemi di individui distribuiti sull'intera popolazione, evitando di concentrare il prelievo in nuclei di piante ravvicinate, così da garantire una più ampia rappresentatività genetica del materiale raccolto.

L'obiettivo della regionalizzazione proposta non è soltanto descrivere la variabilità ecologica della specie, ma fornire uno strumento operativo per la scelta dei Materiali di Base destinati alla costituzione di nuovi boschi, agli interventi di ricostituzione forestale e all'arboricoltura da legno. Il principio generale rimane quello previsto dalla normativa vigente, che privilegia l'impiego di Materiali di Base appartenenti alla stessa regione di provenienza del sito di impianto. Nel caso del ciliegio, tuttavia, la distribuzione discontinua della specie e l'attuale rappresentatività del Registro nazionale possono rendere difficoltoso reperire materiale appartenente alla medesima regione.

Per rispondere a questa esigenza l'affinità ecologica tra le regioni eco-genetiche può essere una chiave interpretativa utile. L'analisi delle distanze ecologiche tra i centroidi dei cinque domini ha evidenziato che le differenze tra essi si distribuiscono lungo un gradiente continuo di somiglianza ecologica. In particolare, PA02 rappresenta il principale elemento di collegamento tra i sistemi alpini e quelli appenninici, mentre PA04 costituisce il riferimento ecologico più vicino per il dominio mediterraneo PA05.

Lo schema in fig. 5.15 non rappresenta semplici vicinanze geografiche, ma relazioni di somiglianza derivanti dall'integrazione tra clima e paesaggio forestale. Esso costituisce quindi uno strumento di supporto nei casi in cui non sia disponibile un Materiale di Base appartenente alla regione eco-genetica del sito di intervento. In tali circostanze il tecnico può orientare la scelta verso Materiali di Base appartenenti alla regione ecologicamente più affine, riducendo il rischio di trasferimenti verso contesti ambientali significativamente differenti.

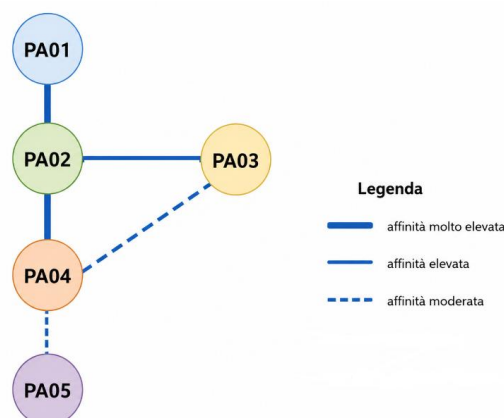


Figura 5.15. Affinità ecologica tra le regioni eco-genetiche.

Lo schema riportato nella fig. 5.16 traduce tale principio in una procedura decisionale semplice. Dopo aver individuato la regione del sito mediante la carta delle regioni eco-genetiche, viene verificata la disponibilità di Materiali di Base iscritti al RNMB. Qualora tali materiali non siano disponibili, il diagramma delle affinità consente di individuare la regione più simile dal punto di vista ecologico e di orientare conseguentemente la scelta del materiale di propagazione. In questo modo la regionalizzazione eco-genetica proposta rappresenta un supporto tecnico basato su evidenze quantitative, favorendo un impiego più consapevole e coerente dei Materiali di Base disponibili, e suggerisce al contempo le maggiori necessità di individuazione di nuovi Materiali di Base e di aggiornamento del Registro Nazionale.

Criteri di scelta del Materiale di Base in funzione della disponibilità

SITUAZIONE	AZIONE CONSIGLIATA
È disponibile un Materiale di Base della stessa regione	Utilizzare prioritariamente tale Materiale di Base
Non è disponibile alcun Materiale di Base	Consultare il diagramma delle affinità ecologiche
Sono disponibili più Materiali di Base nella stessa regione	Privilegiare quelli geograficamente più vicini al sito di impianto
Nessun Materiale di Base nella regione affine	Valutare la regione successiva, motivando la scelta
i L'obiettivo è massimizzare l'adattamento ecologico del materiale di base al sito di impianto, garantendo al contempo la disponibilità e la tracciabilità delle scelte.	

Figura 5.16. Diagramma decisionale.

6. CONCLUSIONI E PROSPETTIVE DI SVILUPPO

Il contesto generale nel quale dovrebbe svolgersi l'attività di raccolta del materiale di propagazione, dovrebbe rispondere a due domande fondamentali:

- *Da quale regione di provenienza devo prelevare il materiale?*
La risposta deriva dalla regionalizzazione eco-genetica e dalla scelta del Materiale di Base più idoneo al sito di impianto.
- *Come devo raccogliere il materiale all'interno di quella popolazione?*
La risposta dipende dalla biologia della specie e deve garantire una rappresentazione quanto più ampia possibile della diversità genetica, evitando il campionamento ripetuto di individui strettamente imparentati o appartenenti allo stesso clone.

Questo contributo riguarda la prima domanda. L'applicazione del workflow alle quattro specie modello ha evidenziato come la delimitazione delle regioni eco-genetiche non possa essere ricondotta ad un unico criterio interpretativo, ma richieda l'integrazione di differenti livelli di conoscenza, la cui importanza relativa varia in funzione delle caratteristiche biologiche della specie considerata.

I casi studio sviluppati in questo lavoro rappresentano situazioni profondamente differenti. Il leccio costituisce il modello di una specie mediterranea ampiamente distribuita e caratterizzata da una struttura filogeografica relativamente ben conosciuta; l'abete bianco rappresenta una specie montana nella quale la storia evolutiva e i rifugi glaciali hanno determinato una marcata differenziazione genetica; il faggio occupa una posizione intermedia, con una distribuzione continua e una struttura genetica meno frammentata, nella quale i gradienti climatici assumono un ruolo crescente; il ciliegio selvatico, infine, rappresenta una specie sporadica, la cui distribuzione dipende in larga misura dal contesto forestale circostante e per la quale le conoscenze genetiche risultano ancora relativamente limitate.

Nonostante tali differenze, il confronto tra i quattro workflow evidenzia una struttura metodologica comune, nella quale dati di natura diversa vengono progressivamente integrati in un unico processo decisionale. Tale processo può essere schematizzato in cinque fasi principali:

1. raccolta e analisi delle conoscenze pregresse disponibili (genetica, ecologia, fitogeografia e distribuzione naturale della specie);
2. caratterizzazione quantitativa delle popolazioni attraverso dati inventariali, climatici e, ove necessario, ulteriori descrittori ecologici quali il paesaggio forestale;
3. validazione statistica delle ipotesi di regionalizzazione mediante analisi multivariate e confronto quantitativo tra i gruppi individuati;
4. interpretazione biologica dei risultati ottenuti, integrando le evidenze statistiche con le conoscenze ecologiche e genetiche disponibili;
5. traduzione operativa delle regioni eco-genetiche nella scelta dei Materiali di Base e nella definizione di indicazioni gestionali.

I quattro casi studio suggeriscono che questo schema possa costituire un riferimento generale per la costruzione delle regioni eco-genetiche anche in altre specie forestali. La sua principale caratteristica consiste

infatti nella flessibilità: il workflow rimane sostanzialmente invariato, mentre varia il peso attribuito alle diverse fonti di informazione in funzione della specie esaminata.

Per specie caratterizzate da una struttura genetica ben definita, come l'abete bianco o il leccio, le informazioni filogeografiche costituiscono il principale riferimento per l'interpretazione dei risultati quantitativi. In altre specie, come il faggio, il ruolo dei gradienti climatici assume un'importanza maggiore, mentre nel caso del ciliegio selvatico si è rivelato necessario integrare anche la struttura del paesaggio forestale, quale elemento essenziale per descrivere il contesto ecologico entro il quale la specie è inserita. In tutti i casi, tuttavia, la delimitazione finale delle regioni eco-genetiche deriva dall'integrazione delle diverse componenti informative e non dall'applicazione di un singolo criterio.

Un ulteriore elemento emerso con chiarezza riguarda il ruolo dell'analisi quantitativa nel processo di regionalizzazione. Tradizionalmente, la definizione delle regioni di provenienza forestali si è basata principalmente sull'integrazione delle conoscenze fitogeografiche, ecologiche e genetiche disponibili, sintetizzate attraverso il giudizio di esperti. Tale approccio ha consentito la realizzazione di cartografie di elevato valore scientifico e applicativo, tuttora utilizzate in numerosi Paesi europei.

La crescente disponibilità di dati territoriali georiferiti e di basi climatiche omogenee rende oggi possibile affiancare a tale approccio una componente quantitativa esplicita. Nel workflow proposto, le analisi statistiche non sostituiscono il giudizio dell'esperto, ma ne costituiscono un supporto oggettivo. La validazione quantitativa permette infatti di verificare la coerenza ecologica dei gruppi individuati, di descriverne le caratteristiche ambientali e di rendere il processo di regionalizzazione maggiormente trasparente e riproducibile.

È proprio l'equilibrio tra oggettività quantitativa e interpretazione ecologica a rappresentare, probabilmente, l'aspetto metodologico più significativo di questo lavoro. Utilizzando gli stessi dati e le medesime procedure statistiche, gruppi di lavoro differenti dovrebbero ottenere risultati sostanzialmente analoghi fino alla fase interpretativa. Le eventuali differenze riguarderebbero soprattutto la lettura ecologica dei risultati e la definizione finale delle regioni eco-genetiche, nella quale rimane imprescindibile il contributo dell'esperienza scientifica.

Il workflow proposto non deve pertanto essere considerato come un modello definitivo, ma come una struttura metodologica aperta e progressivamente migliorabile. L'acquisizione di nuove informazioni genetiche, l'impiego di marcatori genomici ad alta risoluzione, l'aggiornamento delle banche dati climatiche e inventariali, nonché la disponibilità di nuovi dati sperimentali sull'adattamento locale delle popolazioni, potranno contribuire in futuro ad affinare ulteriormente la delimitazione delle regioni eco-genetiche e ad aggiornare le indicazioni operative per la scelta dei Materiali di Base.

In questa prospettiva, le quattro specie considerate non rappresentano un punto di arrivo, ma i primi esempi di applicazione di un metodo concepito per essere esteso progressivamente all'insieme delle specie forestali di interesse nazionale. Le differenze osservate tra i diversi casi studio confermano infatti che la regionalizzazione eco-genetica deve mantenere un carattere strettamente specie-specifico. Al tempo stesso, la sostanziale coerenza del workflow applicato alle quattro specie modello suggerisce che la struttura metodologica proposta possa costituire una base comune per lo sviluppo di future linee guida dedicate ad altre specie iscritte al Registro nazionale dei Materiali di Base.

Nel contesto del cambiamento climatico, la scelta del materiale forestale da impiegare rappresenta un tema destinato ad assumere crescente rilevanza. In prospettiva, il tradizionale riferimento al materiale locale potrà essere affiancato da una valutazione della compatibilità climatica, della diversità genetica e della capacità di risposta delle popolazioni alle condizioni ambientali future (Gömöry et al. 2021). In questo quadro, concetti

quali il “locale” in senso climatico, oltre che geografico, e la migrazione assistita rappresentano importanti ambiti di ricerca e sperimentazione. I risultati di tali studi potranno contribuire in futuro ad affinare i criteri di impiego dei Materiali di Base e a integrare la regionalizzazione eco-genetica con indicazioni relative ai possibili trasferimenti delle provenienze in condizioni climatiche mutate.



7. BIBLIOGRAFIA

- Belletti P., Ferrazzini D., Ducci F., De Rogatis A., Mucciarelli M. (2017). Genetic diversity of Italian populations of *Abies alba*. *Dendrobiology*, 77: 147–159. <https://doi.org/10.12657/denbio.077.012>
- Cagelli L., Camerano P., Camoriano L., Ducci F., Pignatti G. (2021). Cartografia nazionale delle Regioni di Provenienza per il controllo del commercio e della distribuzione dei Materiali Forestali di Riproduzione. CREA – Centro di Ricerca Foreste e Legno, Arezzo, Italy.
- Camoriano L., Ducci F., Cagelli L.M., Camerano P., Librandi I., Pignatti G., Stefani A. (2023). Mapping Regions of Provenance for Italy. *Annals of Silvicultural Research*, 48(2): 52–59.
- De Rogatis A., Ferrazzini D., Ducci F., Guerri S., Carnevale S., Belletti P. (2013). Genetic variation in Italian wild cherry (*Prunus avium* L.) as characterized by nSSR markers. *Forestry*, 86(3): 391–400. <https://doi.org/10.1093/forestry/cpt009>
- Ducci F., Cutino I., Monteverdi M.C., Picard N., Proietti R. (2017). Marginal/peripheral populations of forest tree species and their conservation status: report for Mediterranean region. *Annals of Silvicultural Research*, 41(3): 31–40. <https://doi.org/10.12899/asr-1533>
- Ducci F., De Rogatis A., Proietti R., Curtu A.L., Marchi M., Belletti P. (2021). Establishing a baseline to monitor future climate-change effects on peripheral populations of *Abies alba* in central Apennines. *Annals of Forest Research*, 64(2): 33–66. <https://doi.org/10.15287/afr.2021.2281>
- Ducci F., Proietti R. (1997). Variabilità alloenzimatica nel ciliegio selvatico (*Prunus avium* L.) in Italia. *Annali dell'Istituto Sperimentale per la Selvicoltura*, 25–26: 81–104.
- Ducci F., Santi F. (1997). The distribution of clones in managed and unmanaged populations of wild cherry (*Prunus avium*). *Canadian Journal of Forest Research*, 27: 1998–2004.
- Ferrazzini D., Camerano P., Ducci F., De Rogatis A., Carnevale S., Belletti P. (2013). Aspetti ecologici e genetici in Italia del ciliegio selvatico. *Sherwood – Foreste ed Alberi Oggi*, 193.
- Fineschi S., Cozzolino S., Migliaccio M., Musacchio A., Innocenti M., Turchini D., Vendramin G.G. (2005). Sicily represents the Italian reservoir of chloroplast DNA diversity of *Quercus ilex* L. (Fagaceae). *Annals of Forest Science*, 62(1): 79–84. <https://doi.org/10.1051/forest:2004085>
- Gömöry D., Himanen K., Tollefsrud M.M., Ugglä C., Kraigher H., Bordács S., Alizoti P., A'Hara S., Frank A., Proschowsky G.F., Frýdl J., Geburek T., Guibert M., Ivanković M., Jurše A., Kennedy S., Kowalczyk J., Liesebach H., Maaten T., Pilipović A., Proietti R., Schneck V., Servais A., Skúlason B., Sperisen C., Wolter F., Yüksel T., Bozzano M. (2021). Genetic aspects in production and use of forest reproductive material: Collecting scientific evidence to support the development of guidelines and decision support tools. *European Forest Genetic Resources Programme (EUFORGEN)*, European Forest Institute, 216 pp. ISBN 978-952-5980-96-7.
- Karger D.N., Conrad O., Böhner J. et al. (2017). Climatologies at high resolution for the Earth's land surface areas. *Scientific Data*, 4: 170122. <https://doi.org/10.1038/sdata.2017.122>
- Konnert M., Fady B., Gömöry D., A'Hara S., Wolter F., Ducci F., Koskela J., Bozzano M., Maaten T., Kowalczyk J. (2015). Use and transfer of forest reproductive material in Europe in the context of climate change. *European Forest Genetic Resources Programme (EUFORGEN)*, Bioversity International, Rome, Italy.

- Leonardi S., Menozzi P. (1995). Genetic variability of *Fagus sylvatica* L. in Italy: the role of postglacial recolonization. *Heredity*, 75: 35–44. <https://doi.org/10.1038/hdy.1995.101>
- Lumaret R., Mir C., Michaud H., Raynal V. (2002). Phylogeographical variation of chloroplast DNA in holm oak (*Quercus ilex* L.). *Molecular Ecology*, 11: 2327–2336.
- Magri D., Vendramin G.G., Comps B., Dupanloup I., Geburek T., Gömöry D., Latałowa M., Litt T., Paule L., Roure J.M., Tantau I., van der Knaap W.O., Petit R.J., de Beaulieu J.-L. (2006). A new scenario for the Quaternary history of European beech populations: palaeobotanical evidence and genetic consequences. *New Phytologist*, 171(1): 199–221. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2006.01740.x>
- Marchesini A., Silverj A., Torre S., Rota-Stabelli O., Girardi M., Passeri I., Fracasso I., Sebastiani F., Vernesi C. (2023). First genome-wide data from Italian European beech (*Fagus sylvatica* L.): Strong and ancient differentiation between Alps and Apennines. *PLOS ONE*, 18(7): e0288986. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0288986>
- Marchi M. (2024). Combining genetic and environmental data to map and model regions of provenance for silver fir (*Abies alba* Mill.) in Italy. *New Forests*, 55: 735–749. <https://doi.org/10.1007/s11056-023-10000-2>
- Oggioni S.D., Rossi L.M.W., Avanzi C., Marchetti M., Piotti A., Vacchiano G. (2024). Drought responses of Italian silver fir provenances in a climate change perspective. *Dendrochronologia*, 85: 126184. <https://doi.org/10.1016/j.dendro.2024.126184>
- Petit R.J., Hampe A., Cheddadi R. (2005). Climate changes and tree phylogeography in the Mediterranean. *Taxon*, 54: 877–885.
- Piotti A., Leonarduzzi C., Postolache D., Bagnoli F., Spanu I., Brousseau L., Urbinati C., Leonardi S., Vendramin G.G. (2017). Unexpected scenarios from Mediterranean refugial areas: disentangling complex demographic dynamics along the Apennine distribution of silver fir (*Abies alba*). *Journal of Biogeography*, 44(7): 1547–1558. <https://doi.org/10.1111/jbi.13011>
- Postolache D., Oddou-Muratorio S., Vajana E., Bagnoli F., Guichoux E., Hampe A., Le Provost G., Lesur I., Popescu F., Scotti I., Piotti A., Vendramin G.G. (2021). Genetic signatures of divergent selection in European beech (*Fagus sylvatica* L.) are associated with variation in temperature and precipitation across its distribution range. *Molecular Ecology*, 30(20): 5029–5047. <https://doi.org/10.1111/mec.16115>
- Ripullone F., Chiavetta U., La Mela Veca D.S., Masiero M., Bussotti F. (2026). I querceti italiani di fronte a fattori di stress e cambiamento climatico: evidenze attuali, conoscenze ecofisiologiche e prospettive gestionali. *Forest@*, 23: 6–10. <https://doi.org/10.3832/efor5088-023>
- Santini F., Andrisano T., Leonardi S., Ciaschetti G., Labriola M.C., Vendramin G.G., Piotti A. (2018). Tracking the origin of silver fir plantations along the boundary between different genetic clusters in central Apennines: Implications for their management. *Forest Ecology and Management*, 408: 220–227. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2017.10.045>
- Vernesi C., Rocchini D., Pecchioli E., Neteler M., Vendramin G.G., Paffetti D. (2012). A landscape genetics approach reveals ecological-based differentiation in populations of holm oak (*Quercus ilex* L.) at the northern limit of its range. *Biological Journal of the Linnean Society*, 107(2): 458–467. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2012.01940.x>

8. APPENDICE

8.1 Aggiornamento della cartografia nazionale delle regioni di provenienza

L'obiettivo del lavoro è stato quello di aggiornare la cartografia nazionale delle regioni di provenienza rispetto ad esigenze determinatesi per alcune regioni e proponendo la descrizione delle unità attraverso l'integrazione di variabili bioclimatiche in un'analisi GIS. Questo approccio nasce dalla necessità di offrire lo strumento di riferimento che supporti la scelta del Materiale Forestale di Moltiplicazione, nell'ambito della normativa vigente. In questa appendice sono riportati i passaggi essenziali del lavoro di aggiornamento effettuato.

8.1.1 Elaborazione GIS

L'analisi spaziale è stata condotta con il software GIS open-source *QGIS* (v. 3.44.8). La cartografia e i relativi layer vettoriali e raster sono stati configurati nel Sistema di Riferimento Geografico standard *WGS 84* (*EPSG:4326*), per poi successivamente essere proiettati in *ETRS89-extended / LAEA Europe* (*EPSG:3035*) al fine di ottimizzare la resa grafica e metrica delle mappe riportate nel testo.

La propedeuticità di tutte le attività descritte ha richiesto, come fase iniziale e fondamentale, una revisione e modifica cartografica dei confini geometrici delle regioni di provenienza (RDP), il cui risultato finale è esposto nella fig. A1.

Il progetto è iniziato con l'importazione dei livelli geometrici (layer) relativi ai confini amministrativi nazionali e alle RDP del materiale forestale di moltiplicazione. Successivamente, si è reso necessario aggiornare le geometrie e i dati associati (attributi) delle RDP per i territori della Sicilia e del Piemonte. Date le differenti peculiarità dei dati di partenza e la complessità delle modifiche, sono stati sviluppati due flussi di lavoro specifici.

8.1.2 Aggiornamento geometrico delle regioni di provenienza del Piemonte

L'intervento sul territorio piemontese ha presentato una complessità maggiore, a partire da uno shapefile contenente la superficie amministrativa e le nuove delimitazioni. La gestione di questo dato ha richiesto particolare attenzione, sia perché il Piemonte confina con diverse regioni (Liguria, Valle d'Aosta, Lombardia, oltre ai confini internazionali con Francia e Svizzera), sia perché la sua area è composta da ben quattro differenti RDP: Appenninica nord-occidentale, Alpina endalpica, Alpina mesalpica e Padana.

Per procedere, è stata innanzitutto estratta l'area di studio della regione. Tramite un'operazione di intersezione spaziale le informazioni e gli attributi delle nuove delimitazioni sono stati sovrapposti e uniti ai confini amministrativi esistenti. A causa delle incongruenze geometriche derivanti dai molteplici confini limitrofi, è stato necessario effettuare un meticoloso lavoro manuale per ricostruire con precisione ogni

singola linea di demarcazione. Infine, l'aggiornamento della tabella degli attributi ha permesso di ottenere il file definitivo, topologicamente coerente e aggiornato, pronto per le successive fasi di analisi (fig. A2).

1.1 Aggiornamento geometrico delle regioni di provenienza per la Sicilia

Il territorio siciliano è suddiviso in due macroaree: Sicilia settentrionale e Sicilia meridionale. L'aggiornamento della linea di confine tra queste due zone è stato eseguito a partire da uno shapefile contenente esclusivamente la nuova linea di demarcazione. Una volta importato il file, è stata avviata una sessione di editing sul layer originale delle RDP. Il lavoro si è concluso con l'aggiornamento della tabella degli attributi, all'interno della quale sono state rinominate correttamente le due sottoregioni (fig. A3).

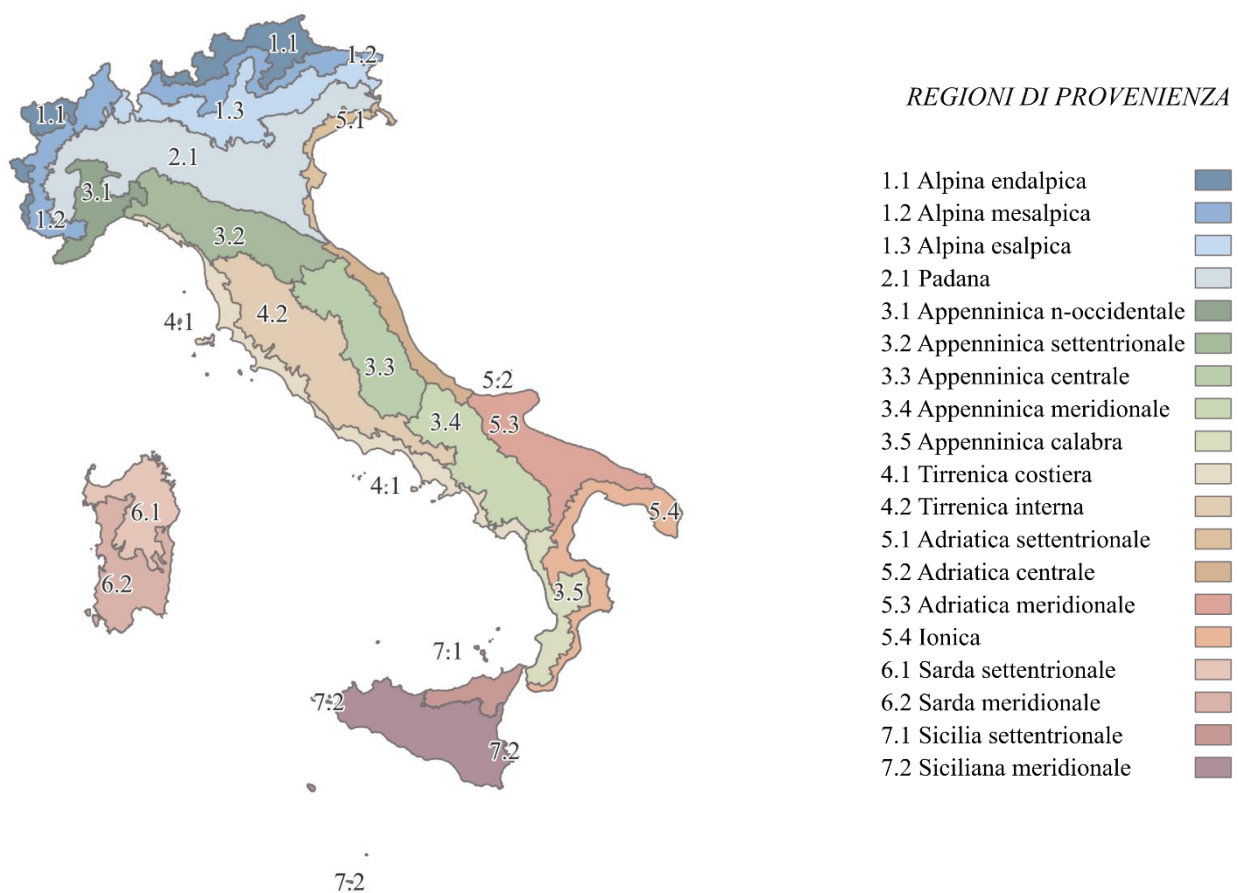
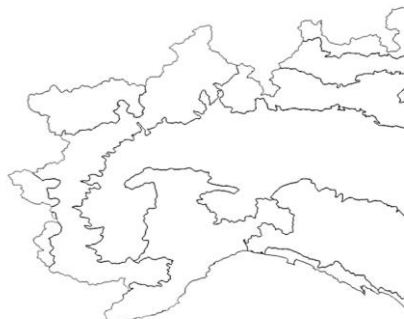


Figura A1. Aggiornamento della carta nazionale delle regioni di provenienza.

(a)



(b)

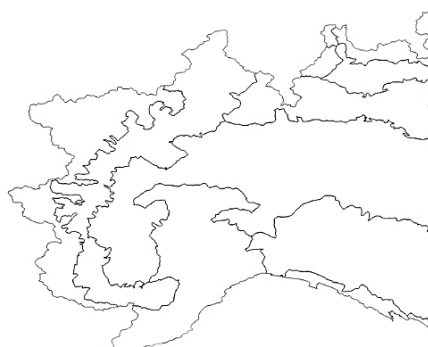


Figura A2. Confronto tra le delimitazioni territoriali della Regione Piemonte: a) confine aggiornato; b) confine antecedente.

(a)



(b)

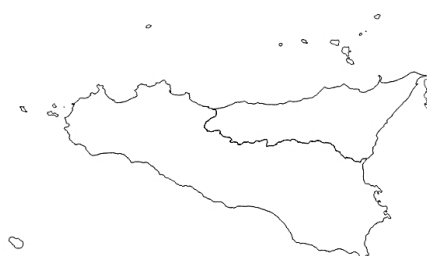


Figura A3. Confronto tra le delimitazioni territoriali della Regione Sicilia: a) confine aggiornato; b) confine antecedente.

8.2 Caratterizzazione climatica ed ecologica di sintesi

Una volta completate le modifiche topologiche e verificata la correttezza della cartografia delle regioni di provenienza a livello nazionale, si è passati alla fase di analisi ed estrazione. Per farlo, sono stati integrati i seguenti dati:

Dati vettoriali:

- Inventario Forestale Nazionale (IFN): set di dati puntuali che contiene la geolocalizzazione dei punti di campionamento a terra (precisione 1 km²) con informazione sulla specie forestale presente.

Dati raster:

- BIO06: Temperatura minima del mese più freddo.

- BIO12: Precipitazione annua.
- KG5: Classificazione climatica di Köppen-Geiger.

L'integrazione di questi livelli informativi, attraverso un'operazione di sovrapposizione spaziale ha permesso di caratterizzare dal punto di vista ecologico e climatico le singole regioni di provenienza.

8.2.1 Analisi statistiche preliminari

I dati raster, acquisiti dal database climatologico CHELSA, sono stati circoscritti all'area di studio al territorio italiano. Successivamente, su ciascun raster è stata eseguita un'analisi quantitativa tramite l'algoritmo *Statistiche Zonali (Zonal Statistics)*, utilizzando i poligoni delle Regioni di Provenienza (RDP) come aree di aggregazione. Per le variabili bioclimatiche continue, nello specifico la temperatura minima del mese più freddo (BIO06) e le precipitazioni annue (BIO12), sono stati calcolati i valori di minimo, media e massimo per ogni singola RDP.

L'approccio utilizzato ha tuttavia evidenziato alcuni limiti poiché le medie statistiche sono state aggregate su macroaree molto estese (le RDP) e quindi la cartografia finale non riesce a riflettere l'effettiva variabilità microclimatica del territorio. L'effetto di appiattimento (*smoothing*) derivante dal calcolo della media su scala macroregionale tende, infatti, ad omogeneizzare i dati, riducendo la varianza complessiva e restituendo una rappresentazione spaziale troppo uniforme. Il superamento di questo limite si ha nella successiva segmentazione geometrica delle RDP su livelli ulteriori di dettaglio (par. 3.5).

Al fine di caratterizzare con variabili climatiche la distribuzione delle specie forestali, sono stati estratti i dati climatici in corrispondenza dei punti di campionamento a terra dell'Inventario Forestale Nazionale.

Questo strumento ha permesso di intersecare la geometria puntuale del dataset IFN con i livelli raster bioclimatici BIO06 (temperatura minima del mese più freddo) e BIO12 (precipitazioni annue). La tabella degli attributi risultante è stata esportata in formato foglio di calcolo per le fasi di aggregazione e sintesi. In particolare, questo processo ha consentito di strutturare una matrice di contingenze nella quale ogni cella individua univocamente una combinazione specie-RDP, restituendo un quadro quantitativo sulla diffusione e sulla rappresentatività ecologica delle diverse specie all'interno delle varie aree.

A partire da questa base dati costituita da un totale di 23.027 punti dell'Inventario Forestale Nazionale, l'analisi è stata supportata da una doppia rappresentazione grafica, evidenziando le frequenze complessive e la diffusione delle specie per le regioni di provenienza. Al fine di garantire una visualizzazione d'insieme del campione, la distribuzione delle frequenze è stata limitata alle specie arboree maggiormente rappresentate e diffuse sul territorio nazionale, selezionando esclusivamente quelle con una soglia minima di 400 punti.

La diffusione delle specie prevalenti sul territorio nazionale rilevate dai punti IFN è evidenziata nelle fig. A4, mentre la distribuzione nelle diverse regioni di provenienza in fig. A5.

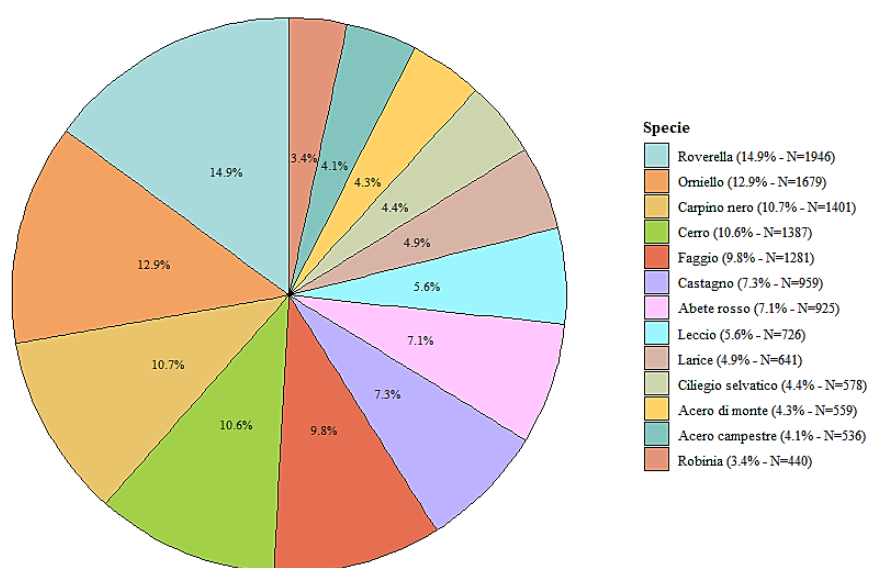


Figura A4. Distribuzione delle frequenze per le specie più rappresentative nei dati IFN.

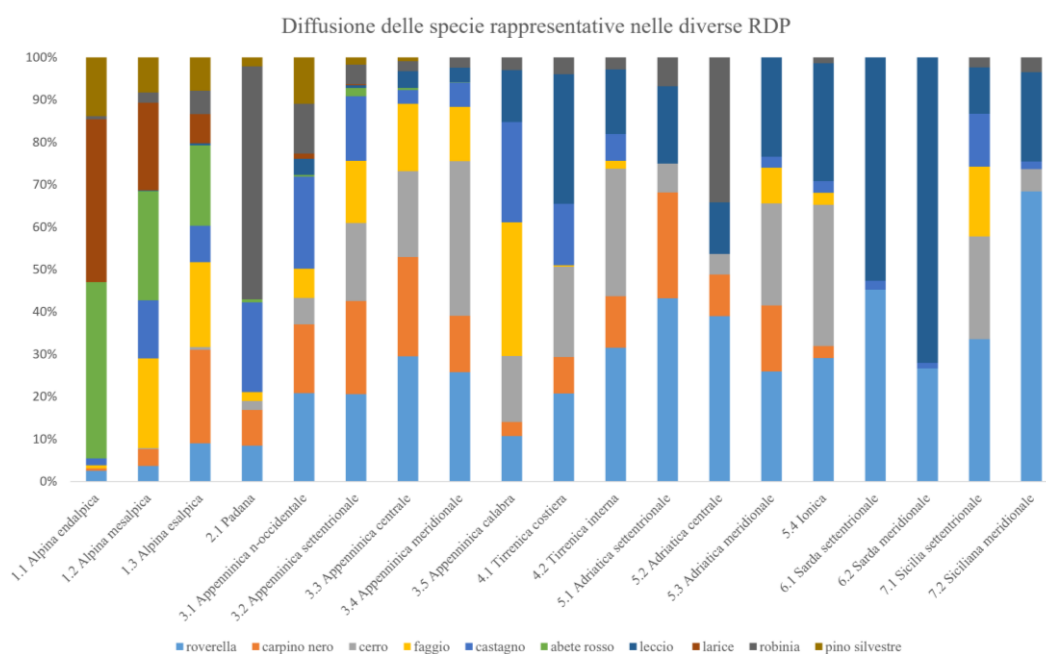


Figura A5. Frequenza delle specie più rappresentative nelle diverse regioni di provenienza.

Per analizzare e confrontare la distribuzione delle temperature minime (°C) e delle precipitazioni annue (mm) associate alle principali specie forestali, è stata elaborata una visualizzazione grafica tramite *Ridgeline Plot* (grafici a densità raggruppati e parzialmente sovrapposti) mediante il software R (fig. A6 e A7).

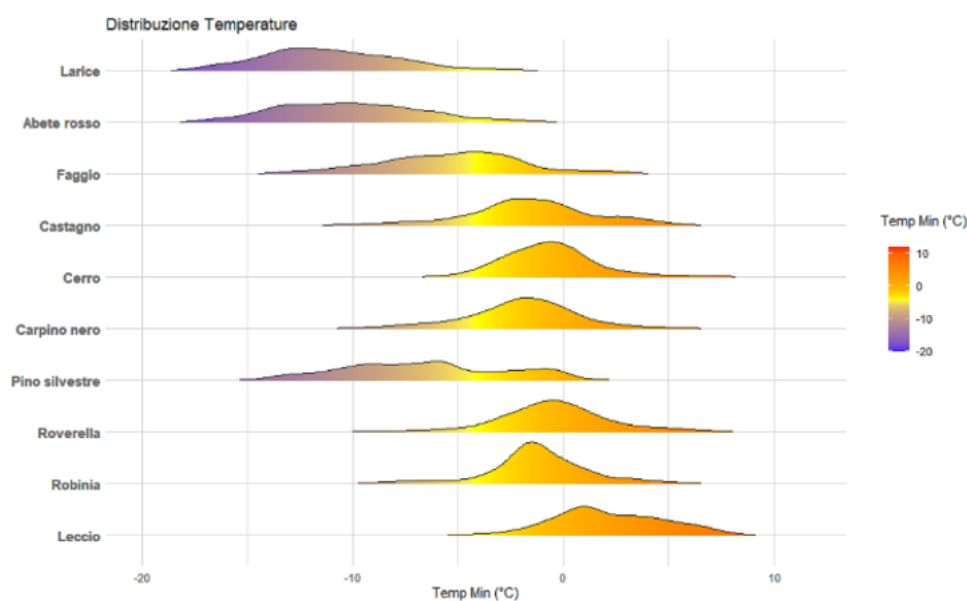


Figura A6. Rappresentazione grafica dell'andamento della temperatura minima del mese più freddo nei punti di presenza IFN delle specie forestali. L'asse delle ascisse riporta i valori della temperatura minima del mese più freddo, associati a una rampa di colore a gradiente continuo, dal blu al rosso all'aumentare dei valori termici.

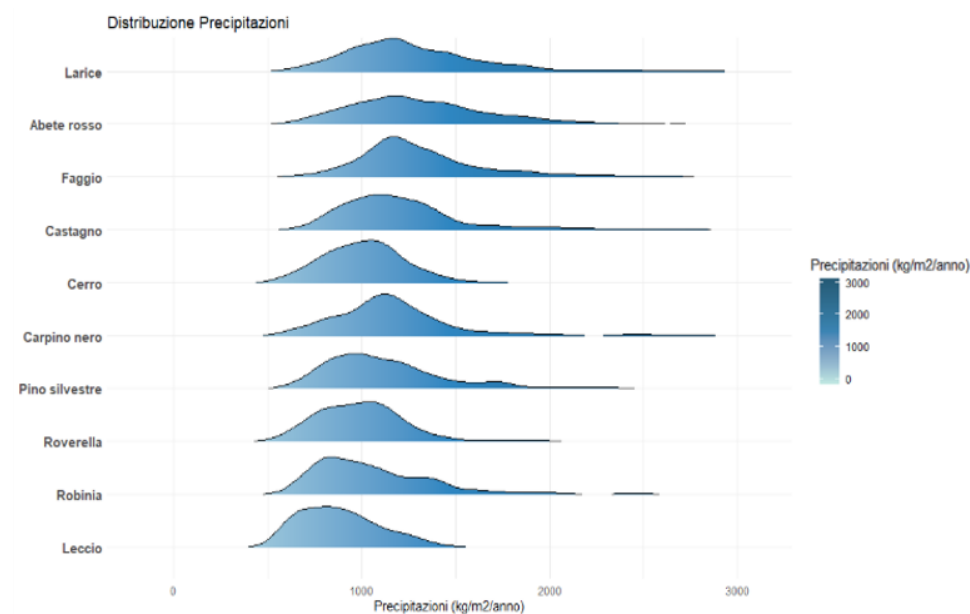


Figura A7. Rappresentazione grafica dell'andamento della precipitazione media annua nei punti di presenza IFN delle specie forestali. L'asse delle ascisse riporta i valori di precipitazione annua, associati a un gradiente cromatico che va dal celeste chiaro al blu intenso all'aumentare delle precipitazioni.

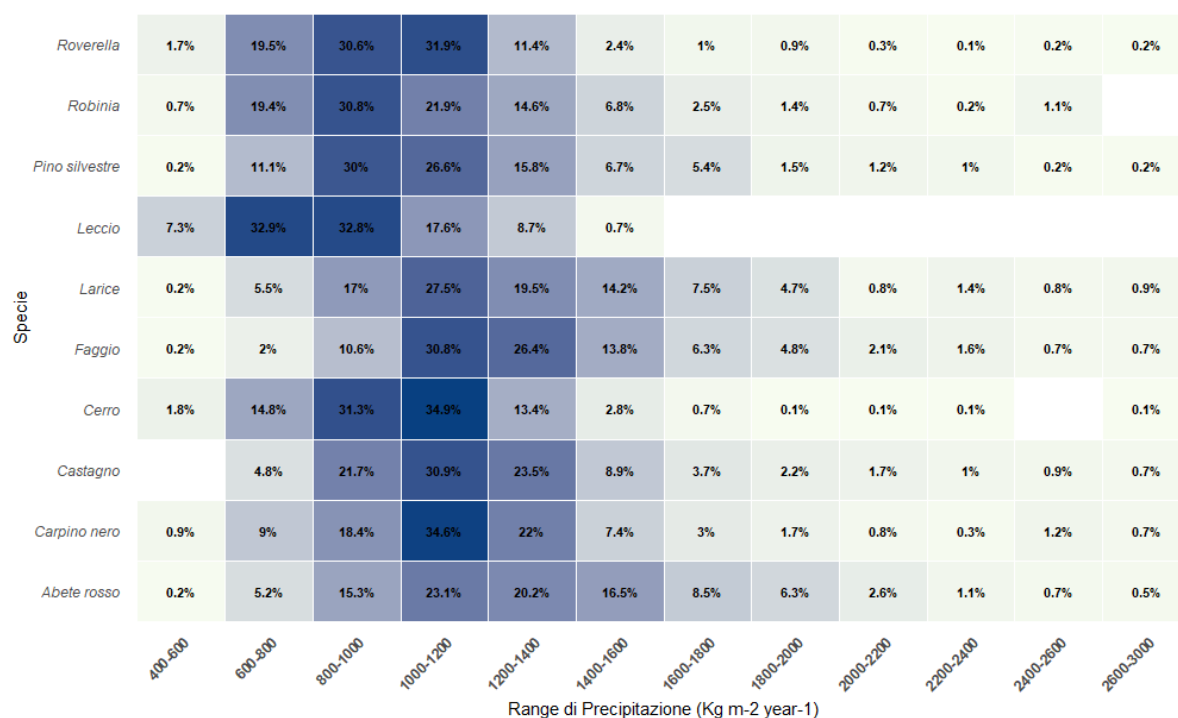


Figura A8. Mappa della distribuzione percentuale delle specie forestali in relazione alle classi di precipitazione media annua.

I dati presentati in fig. A8 descrivono la distribuzione percentuale delle 10 specie più rappresentative all'interno di una gradazione di precipitazioni espresse in mm/anno, evidenziando la differenziazione delle nicchie climatiche e il gradiente idrico delle specie. La maggior parte delle specie si concentra nell'intervallo compreso tra i 600 e i 1400 mm/anno (condizioni sub-xerofile del clima submediterraneo), con un picco marcato nella fascia 800–1000 e 1000–1200 mm/anno (condizioni mesofile delle aree temperate).

Il leccio (*Quercus ilex*) manifesta un baricentro distributivo nettamente spostato verso i regimi xerofili, con oltre il 65% della sua presenza localizzato tra 600 e 1000 mm/anno, e una contrazione drastica al di sopra dei 1400 mm/anno, a conferma del ruolo di specie guida degli ecosistemi mediterranei e termo-mediterranei. Al contrario, una specie più esigente in termini di umidità come il faggio (*Fagus sylvatica*) mostra una distribuzione sensibilmente più simmetrica ed estesa verso le fasce ad alta piovosità, registrando il suo massimo (30.8%) tra 1000 e 1200 mm/anno. L'abete rosso (*Picea abies*) e il larice (*Larix decidua*) mantengono una coda distributiva rilevante fino ai 2000 mm/anno, coerentemente con la loro collocazione prevalente nelle fasce montane e alpine a maggiore piovosità, ma evidenziano anche una notevole plasticità lungo tutto il gradiente di precipitazione. Tra le querce caducifoglie la roverella (*Quercus pubescens*) e il cerro (*Quercus cerris*) presentano un comportamento intermedio (mesofilo-xerofilo), con picchi accentuati nella fascia 800–1200 mm/anno. In particolare, il cerro mostra la massima concentrazione nella classe 1000–1200 mm/anno (34.9%), evidenziando esigenze idriche leggermente superiori rispetto alla roverella.