

POLITECNICO DI MILANO

Scuola di Ingegneria Civile, Ambientale e Territoriale

Corso di Laurea Specialistica in Ingegneria per l'Ambiente e il Territorio



**DEMOGRAFIA DEL SARAGO MAGGIORE NELL'AREA
MARINA PROTETTA DI TORRE GUACETO (BR):
EFFETTI DELLE MISURE DI PROTEZIONE E
DIPENDENZA DA DENSITA'**

Relatore: prof. Paco Melià

Correlatori: prof. Renato Casagrandi
prof. Marino Gatto

Tesi di laurea di:
Maria Benedetti
Matricola 735431

Anno Accademico 2009/2010

RINGRAZIAMENTI

Vorrei innanzitutto ringraziare il Professor Paco Melià per la sua grande e continua disponibilità nei miei confronti e per la passione che ha dimostrato nel lavoro e che mi ha trasmesso in questi mesi. Un ringraziamento sincero va anche al Professor Renato Casagrandi per l'entusiasmo con cui mi ha aiutato, e al Professor Marino Gatto per la sua preziosa consulenza.

Desidero, inoltre, esprimere la mia gratitudine al Professor Paolo Guidetti e a Antonio Di Franco per la loro collaborazione e per avermi fornito dati indispensabili per la mia tesi.

Vorrei anche ringraziare con affetto tutta la mia famiglia. Mia madre perché mi è stata accanto più di tutti in questi anni di studio, senza mai smettere di ascoltarmi e consigliarmi, mio padre perché mi ha sempre incoraggiata e sostenuta e, infine, mio fratello per il buon umore che mi ha trasmesso nei momenti difficili.

Infine, ringrazio di cuore Marco per essere riuscito a farmi sentire il suo appoggio in ogni occasione, soprattutto quando ne ho avuto più bisogno.

SOMMARIO

Lo sfruttamento delle popolazioni di saraghi nel Mar Mediterraneo è diventato negli ultimi anni un problema di rilevanza via via crescente per due motivi principali: da una parte, la riduzione sostanziale della numerosità delle popolazioni stesse, con le possibili conseguenze sulla conservazione della specie, e, dall'altra gli effetti che questa riduzione ha sull'intero ecosistema. La diminuzione dell'abbondanza di saraghi, infatti, può determinare un incremento dell'abbondanza di ricci di mare (organismi erbivori tra le principali prede dei saraghi) e, attraverso un effetto a cascata lungo tutto la catena trofica, facilitare la formazione di *barren* (distese di alghe incrostanti equiparabili a deserti subacquei) con impatti negativi sulla biodiversità. L'istituzione di Aree Marine Protette, zone all'interno delle quali le attività antropiche sono vietate o strettamente limitate, può contribuire alla conservazione della biodiversità marina attraverso la salvaguardia delle specie che occupano le posizioni superiori della rete trofica. Il presente lavoro ha avuto un duplice obiettivo: da una parte, valutare gli effetti della protezione sulla dinamica demografica del sarago maggiore (*Diplodus sargus*) all'interno dell'area marina protetta di Torre Guaceto, in Puglia; dall'altra, costruire un modello demografico della popolazione locale di sarago. Sulla base di dati raccolti fra il 2004 e il 2009 dall'Università del Salento all'interno e all'esterno dell'area protetta, è stato possibile innanzitutto evidenziare l'effetto positivo delle misure di protezione sulla dinamica demografica del sarago. L'abbondanza della popolazione è, infatti, significativamente maggiore all'interno dell'area protetta e la struttura di taglia della popolazione riflette l'effetto positivo della limitazione della pesca sugli individui di maggiori dimensioni, quelli col maggiore potenziale riproduttivo. I dati raccolti all'interno dell'area sono stati poi utilizzati per lo sviluppo di un modello demografico, strutturato per classi d'età, della popolazione di sarago in condizioni di non sfruttamento. L'argomento è stato finora trascurato in letteratura e riveste quindi un grande interesse.

Possibili modelli candidati sono stati confrontati mediante tecniche di *model selection*. Il modello selezionato come migliore evidenzia la presenza di un rilevante fenomeno di dipendenza da densità che sembra regolare, con la stessa intensità, la sopravvivenza di tutte le classi di età della popolazione. Il modello sviluppato in questo lavoro, oltre a fornire spunti interessanti per la comprensione della demografia di questa specie, fornisce anche un utile strumento di simulazione. In quanto tale rappresenta un primo passo nello sviluppo di un modello più generale, in grado di descrivere le relazioni trofiche tra le diverse specie coinvolte nei processi di formazione dei *barren* e di fornire informazioni per una gestione sostenibile delle risorse marine.

INDICE

SOMMARIO ESTESO	13
1. Descrizione del problema e obiettivi dello studio	13
2. Materiali e metodi	14
3. Risultati.....	17
4. Discussione	23
1. INTRODUZIONE.....	25
1.1 Tema	25
1.2 Finalità del lavoro.....	26
1.3 Metodologia	27
2. IL SARAGO, IL SUO ECOSISTEMA E LE AREE MARINE PROTETTE	30
2.1 Il sarago (genere <i>Diplodus</i>).....	30
2.2 L'ecosistema e le Aree Marine Protette.....	34
2.3 L'Area Marina Protetta di Torre Guaceto.....	40
2.4 Problematiche relative alla gestione di <i>D. sargus</i>	43
3. ANALISI DEI DATI.....	45
3.1 Dati disponibili.....	45
3.2 Analisi preliminari dei dati e curva di accrescimento	46
3.3 Individuazione dei trend	49
3.4 Ricostruzione della struttura d'età.....	54
4. LA DINAMICA DEMOGRAFICA DEL SARAGO NELL'AREA MARINA PROTETTA DI TORRE GUACETO.....	58
4.1 Dinamica della popolazione complessiva e modelli non strutturati.....	60
4.2 Dinamica della popolazione per classi d'età.....	65
4.2.1 Dinamica della popolazione adulta.....	66

4.2.2	Equazione stock-reclutamento.....	69
4.3	Modelli Strutturati per classi d'età	71
5.	SELEZIONE DEI MODELLI MIGLIORI	79
5.1	Criteri di <i>model selection</i>	80
5.1.1	FPE (Akaike's Final Prediction Error)	81
5.1.2	AIC (Akaike's Information Criterion)	81
5.1.3	AICc (Akaike's Information Criterion del secondo ordine)	82
5.1.4.	SIC (Schwartz Information Criterion)	83
5.1.5	SRM (Structural Risk Minimization)	84
5.2	Risultati della <i>model selection</i>	87
5.3	Confronto tra modelli strutturati e non strutturati	94
5.4	Simulazione.....	95
6.	CONCLUSIONI	105
6.1	Principali risultati ottenuti	105
6.2	Sviluppi futuri	110
	BIBLIOGRAFIA	114

INDICE DELLE FIGURE

Figura 2.1	Esemplare di <i>D. sargus</i> (sarago maggiore)	31
Figura 2.2	A sinistra, esemplari di <i>A. lixula</i> ; a destra, esemplare di <i>P. lividus</i>	35
Figura 2.3	A destra, esemplare maschio di donzella (<i>C. julis</i>); a sinistra esemplare femmina di donzella pavoniva (<i>T. pavo</i>)	36
Figura 2.4	Esempi di fondali ad alghe erette	36
Figura 2.5	Esempi di fondali con prevalenza di alghe coralline incrostanti (<i>barren</i>)	36
Figura 2.6	L'Area Marina Protetta di Torre Guaceto	41
Figura 3.1	Distribuzione di taglia media (anni dal 2004 al 2006) dentro e fuori AMP	46
Figura 3.2	Curva di accrescimento di <i>D. sargus</i> all'interno dell'AMP di Torre Guaceto	48
Figura 3.3	Densità media [n° individui/m ²] all'esterno dell'AMP	50
Figura 3.4	Densità media [n° individui/m ²] all'interno dell'AMP	50
Figura 3.5	Densità media in termini di biomassa [g /m ²] all'esterno dell'AMP	51
Figura 3.6	Densità media in termini di biomassa [g /m ²] all'interno dell'AMP	51
Figura 3.7	Struttura di lunghezza della popolazione rilevata nella campagna di ottobre 2007 nella zona sud all'interno e all'esterno dell'AMP	53
Figura 3.8	Curva di accrescimento per <i>D. sargus</i> ricavata per l'AMP di Torre Guaceto. Vengono evidenziate le lunghezze in corrispondenza delle quali sono state definite le 5 classi d'età	56
Figura 4.1	Andamento del logaritmo del tasso di crescita della popolazione totale in funzione del numero di individui al tempo t (anni dal 2004 al 2009)	61
Figura 4.2	Andamento del logaritmo del tasso di crescita della popolazione totale in funzione della biomassa totale al tempo t (anni dal 2004 al 2009)	61
Figura 4.3	Andamento del logaritmo del rapporto $\frac{B_{t+1}}{B_t}$ in funzione della biomassa totale al tempo t (anni dal 2004 al 2009)	64
Figura 4.4	Rette di regressione sui logaritmi delle sopravvivenze per $i = 0, 1, 2, 3, 4$ per i modelli di tipo SNN ricavate tramite analisi ANCOVA	75
Figura 5.1	Andamento del rischio garantito, del rischio empirico e del termine di confidenza in funzione della VC-dimension h	86

Figura 5.2	Andamento della popolazione totale [n° individui ogni 125 m ²] nel tempo in corrispondenza di simulazione deterministica del modello SNN12	96
Figura 5.3	Andamento della popolazione totale [n° individui/125 m ²] per 1000 simulazioni	98
Figura 5.4	Andamento della popolazione totale [n° individui/125 m ²] per simulazione deterministica. Il sistema tende ad un equilibrio costante	99
Figura 5.5	Andamento della popolazione totale [n° individui/125 m ²] per simulazione deterministica. Il sistema tende ad un ciclo di periodo 4	100
Figura 5.6	Andamento della popolazione totale [n° individui/125 m ²] in corrispondenza di una simulazione stocastica	102
Figura 5.7	Andamento della popolazione totale [n° individui/125 m ²] in corrispondenza di 10.000 simulazioni stocastiche	102
Figura 5.8	Andamento dei dati raccolti all'interno dell'AMP e delle traiettorie a regime dei modelli SNN12 ed NS1	104

INDICE DELLE TABELLE

Tabella 3.1	Lunghezza media [cm] in corrispondenza delle diverse età	49
Tabella 3.2	Suddivisione in classi d'età a partire dalle classi di taglia	55
Tabella 3.3	Densità di individui per 125 m ² in corrispondenza delle diverse campagne di campionamento e delle diverse classi d'età	57
Tabella 3.4	Densità di biomassa per 125 m ² in corrispondenza delle diverse campagne di campionamento e delle diverse classi d'età	57
Tabella 4.1	Valori dei parametri (media \pm S.E.) delle equazioni dei modelli NS	64
Tabella 4.2	Valori dei coefficienti (media \pm S.E.) σ_i e β_i e di R ² in corrispondenza delle diverse equazioni dei modelli strutturati	68
Tabella 4.3	Valori dei parametri (media \pm S.E.) delle equazioni dei modelli SNN significativi	77
Tabella 4.4	Valori dei parametri (media \pm S.E.) delle equazioni dei modelli SNB significativi	77
Tabella 4.5	Valori dei parametri (media \pm S.E.) delle equazioni dei modelli SBB significativi	78
Tabella 5.1	Valori degli indicatori di <i>model selection</i> per i modelli della categoria SNN	91
Tabella 5.2	Valori degli indicatori di <i>model selection</i> per i modelli della categoria SNB	91
Tabella 5.3	Valori degli indicatori di <i>model selection</i> per i modelli della categoria SBB	92
Tabella 5.4	Valori dei coefficienti R ² per i modelli NS e i corrispondenti modelli strutturati migliori	94

SOMMARIO ESTESO

1. Descrizione del problema e obiettivi dello studio

Il problema dello sfruttamento delle risorse ittiche da parte dell'uomo, attraverso le attività di pesca, è ormai di grande attualità. Caso emblematico è quello del sarago maggiore (*Diplodus sargus*), specie appartenente alla famiglia *Sparidae* e diffusa nel Mar Mediterraneo e nell'Oceano Atlantico Orientale. Il consistente prelievo di esemplari di tale specie a seguito delle attività antropiche ha due conseguenze principali: la prima riguarda l'effetto diretto di riduzione della numerosità delle popolazioni di saraghi, con successivo rischio per la sopravvivenza delle stesse e danni sia a livello ambientale che a livello economico; la seconda, invece, rappresenta un effetto indiretto che si manifesta lungo la catena trofica di cui il sarago fa parte e che ha conseguenze negative sull'intero ecosistema. Il sarago, infatti, insieme alla donzella (*Coris julis*) e alla donzella pavonina (*Thalassoma pavo*), è il principale predatore dei ricci di mare (*Arbacia lixula* e *Paracentrotus lividus*), i quali a loro volta si nutrono prevalentemente di alghe, preferendo quelle erette per il loro maggiore apporto nutritivo. Pertanto, rimuovendo in parte o totalmente i saraghi, si genera una proliferazione di ricci e si rischia quindi l'estinzione delle popolazioni di alghe erette e la formazione di *barren*, cioè di fondali con prevalenza di alghe incrostanti. Tali habitat costituiscono una forte perdita per l'ecosistema in termini di biodiversità. Alcuni studi (Sala, 1997; Hereu *et. al.*, 2004; Guidetti e Dulčić, 2006) hanno dimostrato proprio il legame esistente tra densità di pesci predatori, densità di ricci e presenza di *barren*.

Per risolvere questo problema e garantire la sopravvivenza delle popolazioni ittiche e la conservazione dell'ecosistema sono state recentemente istituite diverse Aree Marine Protette (AMP), cioè zone in cui le attività antropiche sono vietate o strettamente limitate. L'efficacia e i tempi di risposta di tali misure di protezione sono argomenti già largamente dibattuti in letteratura (Lenfant, 2003; Halpern e Warner, 2005; Guidetti, 2006; Guidetti e Dulčić, 2006; Guidetti *et al.*, 2008; Spedicato *et al.*, 2008); permangono comunque ancora molti dubbi a tal proposito, dal momento che le serie storiche a disposizione sono piuttosto brevi, data la recente istituzione delle AMP. Non si può dire che tali aree siano sempre in grado di ristabilire gli habitat originari, anche perché in alcuni casi i *barren* potrebbero rappresentare una condizione stabile e pertanto non invertibile. Quello che si può, invece, affermare con certezza è che solo all'interno delle AMP, e cioè in assenza di pesca, è possibile in alcuni casi ristabilire l'equilibrio dell'ecosistema e invertire il processo di formazione dei *barren* (Guidetti, 2006).

Il presente lavoro si colloca proprio all'interno di questo quadro generale e si sofferma sul caso specifico dell'Area Marina Protetta di Torre Guaceto, localizzata lungo le coste pugliesi del Mar Mediterraneo. Lo scopo è duplice: in un primo momento si sono analizzati i dati a disposizione per confermare o confutare l'efficacia di questa AMP, in riferimento alla letteratura già citata. In secondo luogo, gli stessi dati sono stati utilizzati per studiare la demografia di *D. sargus* all'interno della zona protetta, quindi in assenza di pesca, al fine di costruire un set di modelli demografici che ne descrivano la dinamica. Se la prima parte del lavoro riprende un percorso già intrapreso in studi precedenti (Guidetti, 2006), la seconda parte è del tutto innovativa, in quanto in letteratura non si trovano riferimenti a modelli demografici per la specie in esame, fatta eccezione per un modello di natura teorica sviluppato da Molloy *et al.* (2007). Il nostro studio, si è pertanto concentrato sul livello più alto della catena trofica con l'obiettivo di costruire dei modelli che siano utili in futuro per una gestione ottimale delle popolazioni di saraghi sia dal punto di vista ambientale che da quello economico.

2. Materiali e metodi

Come già anticipato, il nostro lavoro si riferisce in modo specifico all'AMP di Torre Guaceto. I dati a disposizione, cioè quelli su cui si basano tutte le analisi effettuate, derivano da campagne di *visual census* per la specie *D. sargus* su transetti di 125m² (5×25 m) condotte in due zone interne ed in due zone esterne all'AMP stessa. Per gli anni dal 2004 al 2007 sono state realizzate due campagne (una nei mesi di aprile/maggio/giugno e l'altra nei mesi di agosto/settembre/ottobre), mentre per gli anni 2008 e 2009 si dispone di una sola campagna (rispettivamente nei mesi di maggio e giugno). L'andamento di tali dati, per quanto concerne la popolazione totale espressa in numero di individui/m², è riportato in Fig. 1, sia per quanto riguarda le due zone esterne all'AMP che per quanto riguarda le due interne.

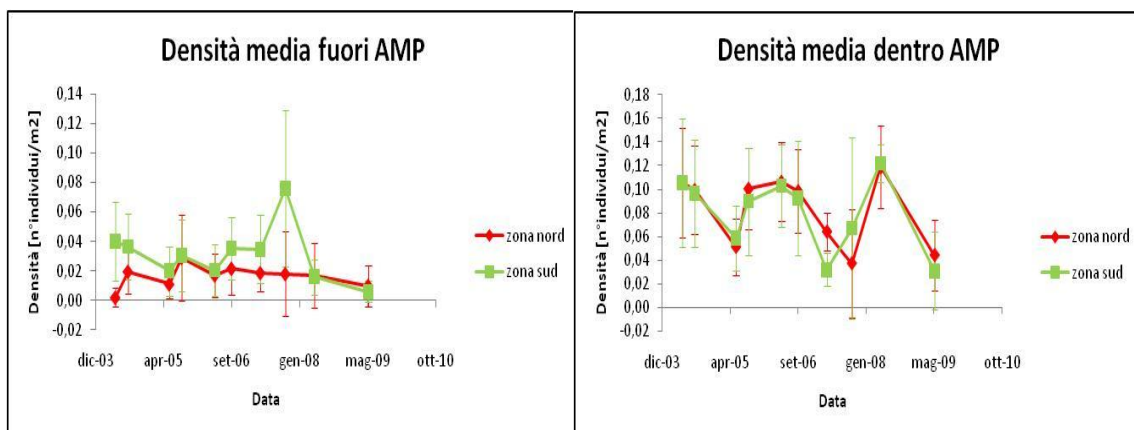


Figura 1 Andamento medio dei dati derivanti dalle campagne di *visual census* effettuate rispettivamente all'esterno ed all'interno dell'AMP. I contributi delle singole zone (nord e sud) sono mantenuti separati; vengono riportate anche le deviazioni standard.

Per le analisi preliminari, volte a confermare l'efficacia delle misure di protezione adottate, sono stati adoperati tutti i dati a disposizione. Al contrario, per la costruzione dei modelli demografici ci si è limitati all'utilizzo dei dati relativi alla prima campagna di ogni anno, cioè quella primaverile, all'interno dell'AMP, al fine di formulare dei modelli a tempo discreto di passo annuale.

Come vedremo, i modelli considerati saranno di due tipi: non strutturati e strutturati in classi d'età. Per ricavare questi ultimi è stato necessario trasformare le classi di taglia di ampiezza 2 cm, secondo cui i dati sono stati raccolti, in classi d'età; è stato possibile effettuare questo passaggio invertendo la curva di accrescimento corporeo, già ricavata da Spedicato *et al.* (2008) in un precedente studio condotto proprio su Torre Guaceto. In questo modo, sono state definite 5 classi d'età in corrispondenza delle quali è stata suddivisa la popolazione e sono stati formulati i modelli strutturati. In Figura 2 viene proprio riportata la curva di crescita e vengono evidenziate le 5 classi d'età ricavate, mentre la Tabella 1 riporta l'abbondanza (numero di individui/m²) delle singole classi in corrispondenza di ogni campagna primaverile. Proprio i dati contenuti in quest'ultima tabella sono quelli che sono stati utilizzati per costruire e tarare i modelli demografici.

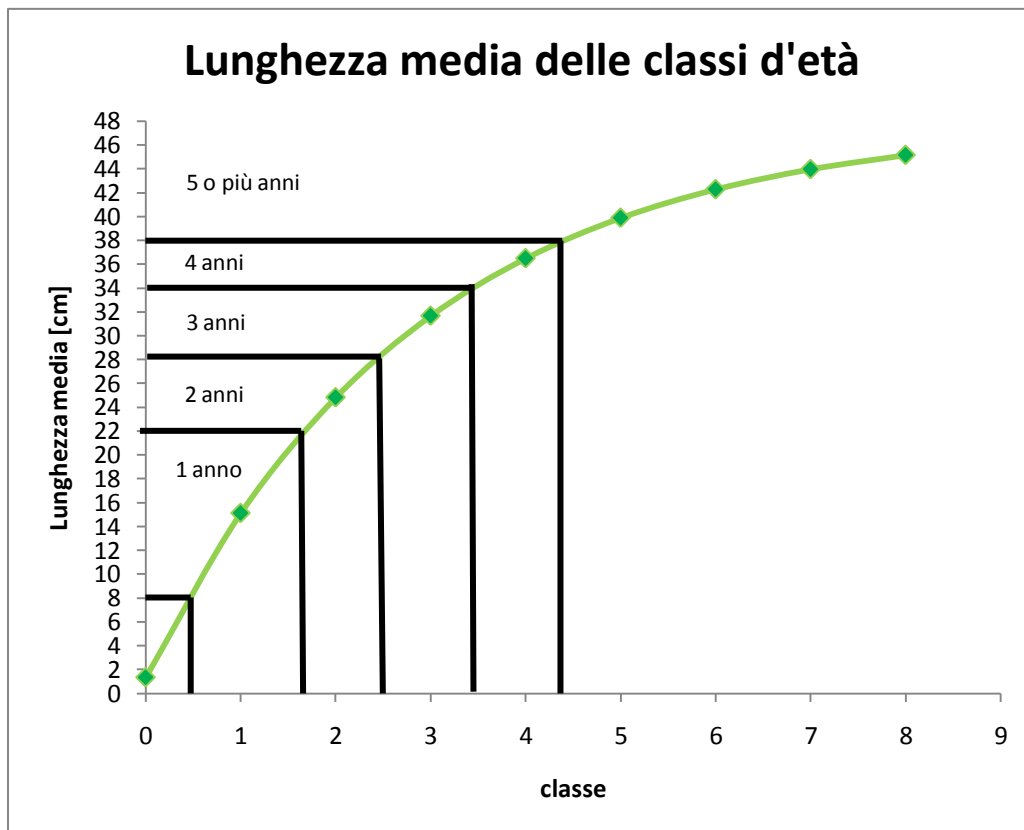


Figura 2 Curva di crescita di *D. sargus* ricavata per l'AMP di Torre Guaceto. Vengono evidenziate le lunghezze in corrispondenza delle quali sono state definite le 5 classi d'età.

Tabella 1 Densità della popolazione di *D. sargus* (individui/m²) nelle diverse classi d'età, rilevata nelle campagne primaverili condotte all'interno dell'AMP di Torre Guaceto. Colori diversi rappresentano coorti diverse.

classe età	mag-04	giu-05	mag-06	apr-07	mag-08	giu-09
1	0,0535	0,0248	0,0518	0,0187	0,0535	0,0185
2	0,0238	0,0120	0,0235	0,0080	0,0275	0,0080
3	0,0138	0,0115	0,0138	0,0133	0,0220	0,0070
4	0,0070	0,0045	0,0083	0,0040	0,0090	0,0030
5+	0,0075	0,0020	0,0075	0,0040	0,0080	0,0010

Vediamo ora nel dettaglio come si è arrivati ai vari modelli; da qui in poi indicheremo con N_t la densità di *D. sargus* (individui/m²) all'interno dell'AMP al tempo t e con B_t la loro densità di biomassa, espressa in kg/m². Per quanto concerne i modelli non strutturati, è stato sufficiente calcolare, sulla base dei dati a disposizione, l'andamento del rapporto $\frac{N_{t+1}}{N_t}$ in funzione di N_t e di B_t e l'andamento del rapporto $\frac{B_{t+1}}{B_t}$ in funzione di B_t ; così facendo si è osservato, in tutti e tre i casi, un andamento esponenziale decrescente che è stato possibile descrivere con i seguenti modelli di Ricker (che chiameremo rispettivamente NS1, NS2 ed NS3):

$$N_{t+1} = \lambda N_t e^{-\beta N_t} \quad (1)$$

$$N_{t+1} = \lambda N_t e^{-\beta B_t} \quad (2)$$

$$B_{t+1} = \lambda B_t e^{-\beta B_t} \quad (3)$$

Per quanto riguarda i modelli strutturati il procedimento seguito è analogo a quello precedente, a patto di rappresentare le sopravvivenze delle singole classi d'età in funzione sempre di N_t o B_t ; se indichiamo con $n_{i,t}$ il numero di individui nella classe di età i al tempo t e con $b_{i,t}$ la loro biomassa, i rapporti $\frac{n_{i+1,t+1}}{n_{i,t}}$ e $\frac{b_{i+1,t+1}}{b_{i,t}}$ hanno anch'essi un andamento esponenziale negativo e pertanto è stato possibile scrivere le seguenti equazioni:

$$n_{2,t+1} = \sigma_1 n_{1,t} e^{-\beta_1 N_t} \quad (4)$$

$$n_{3,t+1} = \sigma_2 n_{2,t} e^{-\beta_2 N_t} \quad (5)$$

$$n_{4,t+1} = \sigma_3 n_{3,t} e^{-\beta_3 N_t} \quad (6)$$

$$n_{5+,t+1} = \sigma_4 (n_{4,t} + n_{5+,t}) e^{-\beta_4 N_t} \quad (7)$$

Dove il parametro σ_i rappresenta la sopravvivenza di base (in assenza di competizione) nel passaggio da classe i a $i + 1$, mentre β_i l'intensità della dipendenza da densità sempre per il passaggio da classe i a $i + 1$. Vedremo nel seguito come i parametri σ_i in realtà non siano delle vere e proprie sopravvivenze, poiché tengono conto anche di altri contributi. Indichiamo i modelli descritti dalle equazioni 4,5,6 e 7 con la sigla SNN; con la sigla SNB sono, invece, indicati modelli del tutto analoghi ai precedenti, ma in cui il termine di dipendenza da densità è funzione di B_t anziché di N_t ; infine, ultima categoria di modelli considerati sono i modelli SBB, per ottenere i quali basta sostituire $b_{i,t}$ a $n_{i,t}$ e B_t a N_t nelle 4,5,6 e 7.

Ovviamente per completare tutti questi modelli strutturati è necessario scrivere un'equazione che descriva il reclutamento; nel caso in esame si è ritenuto ragionevole far dipendere il numero/biomassa di individui giovani ($i = 1$) al tempo $t + 1$ dalla biomassa degli adulti al tempo t $B_{A,t}$, poiché in generale il contributo di un individuo al reclutamento è funzione della sua dimensione. In questo modo, con procedimento analogo a quello utilizzato in precedenza, si sono ottenute le seguenti equazioni sempre di tipo Ricker, da inserire rispettivamente nei modelli SNN, SNB ed SBB:

$$n_{1,t+1} = \sigma_0 f B_{A,t} e^{-\alpha N_t} \quad (8)$$

$$n_{1,t+1} = \sigma_0 f B_{A,t} e^{-\alpha B_t} \quad (9)$$

$$b_{1,t+1} = \sigma_0 f B_{A,t} e^{-\alpha B_t} \quad (10)$$

Dove il parametro σ_0 rappresenta la sopravvivenza dei giovani e f la fertilità, espressa in termini di numero medio di uova prodotte da un kg di biomassa adulta.

Mentre i modelli non strutturati sono solo 3, quelli strutturati sono molto numerosi per ognuna delle categorie individuate (SNN, SNB ed SBB): infatti, ogni modello strutturato può essere riscritto in corrispondenza di molteplici combinazioni dei valori assunti dai parametri $\sigma_i e \beta_i$. Tali parametri, infatti, possono essere stimati indipendentemente l'uno dall'altro ed essere quindi diversi tra loro, oppure stimati insieme e risultare quindi tutti uguali. Tra questi due casi estremi ci sono molte altre combinazioni possibili. Il primo passo è stato quindi quello di eliminare i modelli statisticamente non significativi, mediante analisi ANCOVA svolta in `Matlab`. Successivamente i modelli rimasti sono stati sottoposti ad un procedimento di *model selection*, al termine del quale per ogni categoria di modelli strutturati è stato possibile eleggere un modello "vincitore": tale modello rappresenta il miglior compromesso tra aderenza ai dati e numero di parametri da stimare. Non è stato possibile selezionare un unico modello strutturato, poiché i modelli SNN, SNB ed SBB non possono essere confrontati tra loro con i criteri di *model selection* utilizzati (AICc, SRM, SIC) poiché non sono omogenei. Per il medesimo motivo, inoltre, tali criteri non possono essere utilizzati per scegliere tra modelli strutturati e non. L'unica possibilità, che qui è stata seguita, è quella di confrontare i modelli strutturati "vincitori" con i corrispondenti modelli non strutturati, solo però per quanto concerne le prestazioni nel descrivere l'andamento della popolazione totale.

Al termine di questi passaggi, a conclusione del lavoro, uno dei modelli strutturati selezionati è stato utilizzato in simulazione ed è stato sottoposto a una semplice analisi di sensitività, per testare la robustezza dei risultati ottenuti.

3. Risultati

Innanzitutto, confrontando i dati disponibili per l'interno e l'esterno dell'AMP è stato possibile evidenziare una differenza molto significativa: osservando la Fig. 1 si nota, infatti, che all'interno la densità è compresa tra 0,02 e 0,12 individui/m², mentre all'esterno i valori sono molto più bassi, solitamente al di sotto di 0,04 individui/m². Il divario lampante tra interno ed esterno è ancora più evidente se si ragiona in termini di biomassa: fuori dall'AMP i valori sono contenuti entro i 6 g/m², mentre all'interno sono compresi tra 10 e 40 g/m². Vi è quindi un ordine di grandezza di differenza tra i due casi. Questi risultati sembrano quindi confermare l'efficacia dell'AMP di Torre Guaceto nel preservare la specie *D. sargus*, in particolar modo gli

individui più maturi e quindi più grandi e pesanti: proprio da questo deriva la forte differenza in termini di biomassa.

Per quanto concerne la dinamica del sarago maggiore all'interno dell'AMP tutti i modelli ricavati e descritti al paragrafo precedente sono modelli di tipo Ricker: questo significa che la dipendenza da densità, verosimilmente dovuta a fenomeni di competizione intraspecifica, non determina solo l'andamento della popolazione totale, ma anche quello delle singole classi d'età.

Per quanto riguarda i modelli strutturati statisticamente significativi, cioè quelli che sono stati sottoposti a *model selection*, essi vengono descritti in Tabella 2; si riportano anche i valori assunti dagli indici AICc, SIC ed SRM, sulla base dei quali è stata effettuata la *model selection* stessa.

Tabella 2 Descrizione dei modelli sottoposti a *model selection* e corrispondenti valori degli indicatori AICc, SIC ed SRM. In rosso vengono evidenziati gli indicatori che hanno permesso di selezionare i modelli "vincitori". (DD = density dependent; DI = density independent).

MODELLO	DESCRIZIONE	AICc	SIC	SRM
SNN8	Modelli DD su tutte le classi con σ_i e β_i tutti uguali	-18,2097	-15,6959	0,8817
SNB8		-18,1426	-15,6288	0,884
SBB8		7,7709	10,2847	2,4925
SNN11	Modelli DD su tutte le classi con σ_i tutti uguali escluso σ_{of} e β_i tutti uguali (incluso α)	-33,3544	-30,4789	0,523
SNB11		-33,2168	-30,3413	0,5259
SBB11		-17,1615	-14,286	0,9995
SNN12	Modelli DD su tutte le classi con i β_i tutti uguali (incluso α) e $\sigma_1 = \sigma_3 = \sigma_4$	-47,4947	-44,5582	0,315
SNB12		-47,2206	-44,2841	0,3185
SBB12	Modello DD su tutte le classi d'età con i β_i tutti uguali (incluso α) e $\sigma_1 = \sigma_2$	-46,6747	-44,0282	0,3387
SNN_DI2	Modelli DD solo sull'equazione stock-reclutamento e con i σ_i tutti uguali, escluso σ_{of}	2,8545	5,73	2,2259
SNB_DI2		2,8443	5,7198	2,225
SBB_DI2		7,5532	10,4287	2,6861
SNN_DI4	Modelli DI con σ_i tutti uguali	6,0406	7,9329	2,0528
SNB_DI4		6,0406	7,9329	2,0528

E' stato interessante notare come tutti i modelli in Tabella 2 presentino dei coefficienti σ_i maggiori di 1, il che potrebbe sembrare assurdo dal momento che li abbiamo definiti come sopravvivenze. In realtà questi valori dei parametri non rappresentano un problema. Per quanto riguarda i modelli SBB, infatti, in essi i σ_i possono essere tranquillamente maggiori di 1 poiché tengono conto della sopravvivenza da una classe alla successiva ma anche dell'accrescimento in termini di biomassa degli individui sopravvissuti. Per i modelli SNN ed SNB, invece, quello che conta è che sia verificata la seguente disequazione:

$$\sigma_i e^{-\beta_i N_t} < 1$$

in modo che il rapporto $\frac{n_{i+1,t+1}}{n_{i,t}}$ sia minore di 1 e questo è quasi sempre vero per i dati a nostra disposizione. Si potrebbe pertanto supporre che i modelli formulati valgano in un determinato

range di numerosità/biomassa totale che garantisca che $\frac{n_{i+1,t+1}}{n_{i,t}} < 1$, mentre altrove sarà necessario formulare altri modelli. Alternativamente si può dire che laddove tale rapporto superi l'unità significa che $n_{i+1,t+1} > n_{i,t}$ e questo è facilmente spiegabile ricorrendo al termine immigratorio, cioè ipotizzando che tra t e $t + 1$ siano immigrati all'interno dell'AMP più esemplari di quanti ne siano morti. La zona protetta, infatti, non è separata dall'esterno tramite alcuna barriera fisica, pertanto gli individui possono muoversi liberamente attraverso i suoi confini. Infine, bisogna sempre tener presente che i dati raccolti sono affetti da rumore, il quale potrebbe quindi essere la causa, unica o parziale, dei rapporti $\frac{n_{i+1,t+1}}{n_{i,t}} > 1$ osservati.

Detto questo, i modelli strutturati ritenuti migliori in base ai criteri di *model selection* hanno i valori dei parametri $\ln \sigma_i$ e β_i riportati in Tabella 3; si mostra il valore del logaritmo delle sopravvivenze anziché direttamente il valore delle sopravvivenze stesse, poiché solo del loro logaritmo si conosce l'errore standard. Come si può notare, tutti questi modelli sono caratterizzati dallo stesso valore del parametro β per tutte le classi d'età, compresa l'equazione stock-reclutamento. Inoltre i modelli SNN ed SNB hanno $\sigma_1 = \sigma_3 = \sigma_4$, mentre il modello SBB ha $\sigma_1 = \sigma_2$. Perciò, in seguito, nelle equazioni dei modelli SNN ed SNB indichiamo $\sigma_1 = \sigma_3 = \sigma_4$ con σ_{134} , mentre nei modelli SNB $\sigma_1 = \sigma_2$ con σ_{12} . I parametri β_i ed α vengono, invece, indicati semplicemente con β .

Tabella 3 Valori dei parametri (media \pm S.E.) delle equazioni dei modelli strutturati selezionati tramite *model selection*.

Parametri	SNN12	SNB12	SBB12
$\ln \sigma_0 f$	2,7 \pm 0,2	2,9 \pm 0,2	0,4 \pm 0,2
$\ln \sigma_1$	1,4 \pm 0,2	1,6 \pm 0,2	3,0 \pm 0,2
$\ln \sigma_2$	2,2 \pm 0,2	2,4 \pm 0,2	
$\ln \sigma_3$	1,4 \pm 0,2	1,6 \pm 0,2	2,1 \pm 0,2
$\ln \sigma_4$			1,7 \pm 0,2
α	28,5 \pm 2,2	93,9 \pm 7,3	94,2 \pm 7,0
β_1			
β_2			
β_3			
β_4			

Le equazioni dei modelli strutturati selezionati risultano pertanto le seguenti:

- modello SNN:

$$n_{1,t+1} = \sigma_0 f B_{A,t} e^{-\beta N_t} = 14,4 B_{A,t} e^{-28,5 N_t}$$

$$n_{2,t+1} = \sigma_{134} n_{1,t} e^{-\beta N_t} = 4,0 n_{1,t} e^{-28,5 N_t}$$

$$n_{3,t+1} = \sigma_2 n_{2,t} e^{-\beta N_t} = 8,7 n_{2,t} e^{-28,5 N_t}$$

$$n_{4,t+1} = \sigma_{134} n_{3,t} e^{-\beta N_t} = 4,0 n_{3,t} e^{-28,5 N_t}$$

$$n_{5+,t+1} = \sigma_{134} (n_{4,t} + n_{5+,t}) e^{-\beta N_t} = 4,0 (n_{4,t} + n_{5+,t}) e^{-28,5 N_t}$$

- modello SNB:

$$n_{1,t+1} = \sigma_0 f B_{A,t} e^{-\beta B_t} = 18,6 B_{A,t} e^{-93,9 B_t}$$

$$n_{2,t+1} = \sigma_{134} n_{1,t} e^{-\beta B_t} = 5,2 n_{1,t} e^{-93,9 B_t}$$

$$n_{3,t+1} = \sigma_2 n_{2,t} e^{-\beta B_t} = 11,2 n_{2,t} e^{-93,9 B_t}$$

$$n_{4,t+1} = \sigma_{134} n_{3,t} e^{-\beta B_t} = 5,2 n_{3,t} e^{-93,9 B_t}$$

$$n_{5+,t+1} = \sigma_{134} (n_{4,t} + n_{5+,t}) e^{-\beta B_t} = 5,2 (n_{4,t} + n_{5+,t}) e^{-93,9 B_t}$$

- modello SBB:

$$b_{1,t+1} = \sigma_0 f B_{A,t} e^{-\beta B_t} = 1,5 B_{A,t} e^{-94,2 B_t}$$

$$b_{2,t+1} = \sigma_{12} b_{1,t} e^{-\beta B_t} = 20,2 b_{1,t} e^{-94,2 B_t}$$

$$b_{3,t+1} = \sigma_{12} b_{2,t} e^{-\beta B_t} = 20,2 b_{2,t} e^{-94,2 B_t}$$

$$b_{4,t+1} = \sigma_3 b_{3,t} e^{-\beta B_t} = 8,7 b_{3,t} e^{-94,2 B_t}$$

$$b_{5+,t+1} = \sigma_4 (b_{4,t} + b_{5+,t}) e^{-\beta B_t} = 5,4 (b_{4,t} + b_{5+,t}) e^{-94,2 B_t}$$

Graficamente, tutti i modelli ottenuti (strutturati e non) si possono rappresentare con regressioni lineari nei logaritmi dei tassi di crescita per i NS o delle sopravvivenze per gli strutturati. A titolo esemplificativo, in Figura 3 si mostra la regressione lineare sui dati per quanto concerne il modello NS1; in Figura 4, invece, si mostrano le 3 regressioni lineari per il modello SNN selezionato come migliore: una per la classe di età 0, una per le classi 1, 3 e 4 e una per la classe 2. Ovviamente in quest'ultimo caso le rette sono tutte parallele poiché i coefficienti β_i sono tutti uguali.

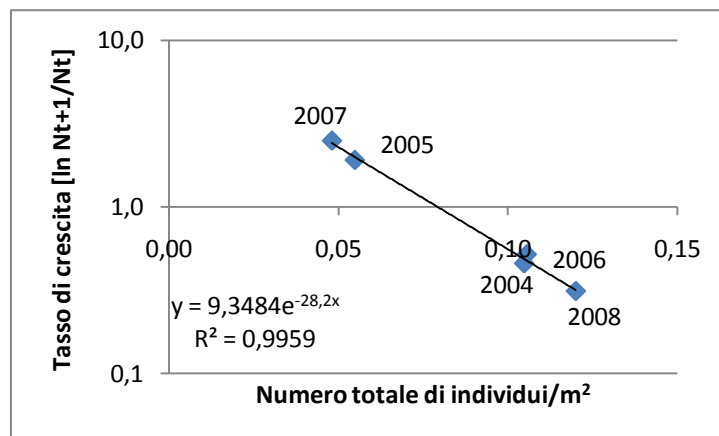


Figura 3 Andamento del logaritmo del tasso di crescita della popolazione totale in funzione del numero di individui al tempo t (anni dal 2004 al 2009). Vengono riportati anche l'equazione della regressione lineare e il valore di R^2 . Le etichette sui dati fanno riferimento all'anno rispetto a cui viene calcolato il rapporto.

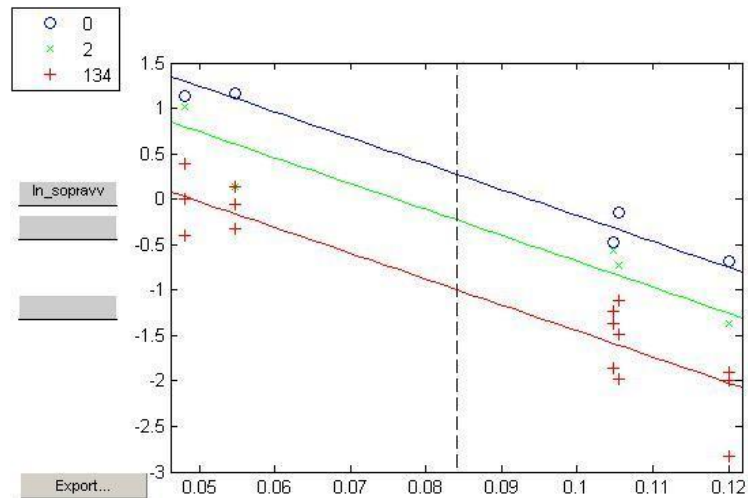


Figura 4 Regressioni lineari dei logaritmi delle sopravvivenze in funzione del numero totale N_t di individui al tempo t .

Le prestazioni dei modelli strutturati e di quelli non strutturati possono essere confrontate solo per quanto concerne la loro capacità di riprodurre l'andamento della popolazione nel suo complesso. In questo senso le prestazioni delle due tipologie di modello risultano del tutto paragonabili: per rendersene conto basta osservare la Tabella 4, in cui vengono mostrati i valori del coefficiente R^2 calcolato sulla numerosità totale della popolazione, in corrispondenza dei diversi modelli. Pertanto la scelta del modello è condizionata all'uso che se ne vuole fare. In generale, sembra comunque ragionevole preferire i modelli strutturati, dal momento che sono in grado di fornire una quantità di informazioni maggiore (poiché descrivono le singole classi) a parità di prestazioni sulla descrizione della popolazione totale.

Tabella 4 Valori dei coefficienti R^2 per i modelli non strutturati e i corrispondenti modelli strutturati migliori.

Modello	R^2
NS1	0,9959
SNN12	0,9933
NS2	0,9752
SNB12	0,983
NS3	0,9883
SBB12	0,9789

Per concludere, come già accennato al paragrafo precedente, si è proceduto con la simulazione della dinamica demografica di *D. sargus* nell'AMP di Torre Guaceto mediante uno dei tre modelli strutturati migliori, in particolare del modello SNN12. Si è eseguita dapprima una simulazione deterministica: in questo caso la dinamica della popolazione totale, dopo un breve transitorio, si assesta su un ciclo di periodo 2. Questo risultato è piuttosto interessante, dal momento che osservando i dati iniziali, essi sembrano sposarsi molto bene con questa traiettoria, come è evidente osservando la Figura 5 in cui, per completezza, viene riportata anche la traiettoria a regime del modello NS1, che risulta completamente sovrapposta con quella del modello SNN12.

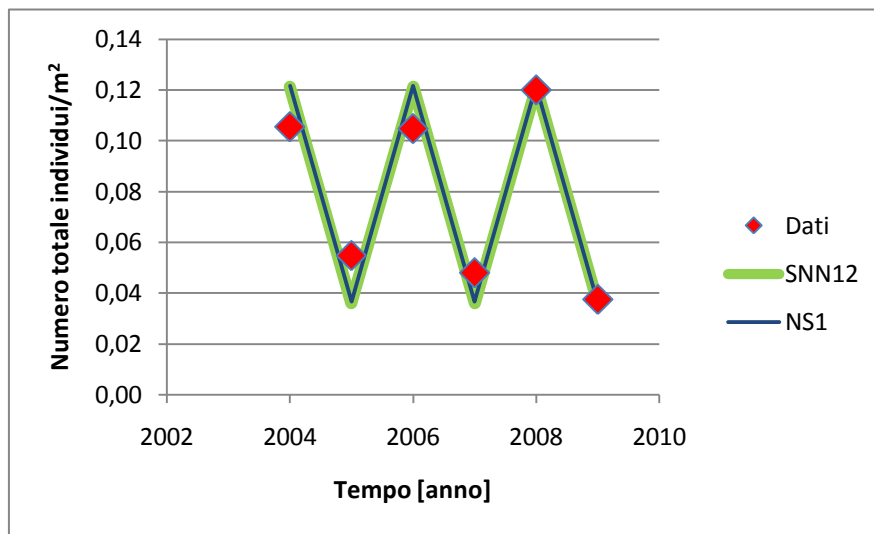


Figura 5 Confronto tra i dati raccolti all'interno dell'AMP e le traiettorie a regime dei modelli SNN12 ed NS1.

Successivamente è stata effettuata una semplice analisi di sensitività, allo scopo di valutare la robustezza dei risultati ottenuti. Anche un semplice modello di Ricker non strutturato, infatti, può presentare comportamenti differenti in funzione dei valori assunti dai suoi parametri. In particolare, l'abbondanza della popolazione può convergere, nel lungo periodo, verso un punto di equilibrio stabile, oppure fluttuare periodicamente seguendo dei cicli, o ancora mostrare una dinamica di tipo caotico. L'analisi di sensitività è stata svolta effettuando un elevato numero di simulazioni, ogni volta estraendo, in modo casuale, un set di parametri dalle rispettive distribuzioni di probabilità (ottenute in fase di calibrazione del modello). In questo modo è stato possibile osservare che la maggior parte delle traiettorie (circa il 95% delle simulazioni) segue una dinamica ciclica di periodo pari a 2 anni. Per contro, in circa il 5% delle simulazioni, la popolazione tende, dopo un breve transitorio, ad un equilibrio stabile (Figura 6), mentre in un numero molto più limitato di casi si osservano a regime delle traiettorie cicliche di periodo 4 anni (Figura 6).

Questo ci permette di dire che il vettore dei parametri del modello considerato si trova in un punto, nello spazio dei parametri, relativamente vicino alle biforcazioni tra comportamento ciclico di periodo 2 ed equilibrio e tra ciclo di periodo 2 e ciclo di periodo 4.

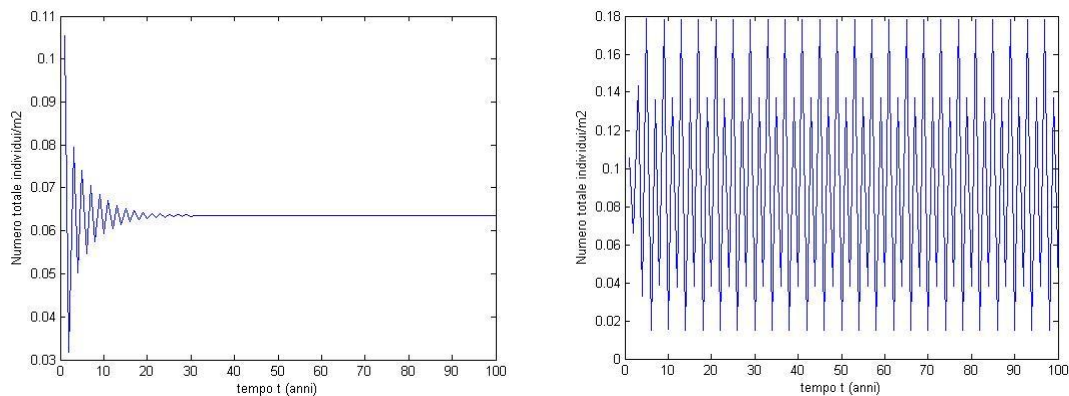


Figura 6 Andamento della popolazione totale [n° individui/m²] in corrispondenza di due simulazioni con differenti set di parametri. Nel primo caso la popolazione tende ad un equilibrio, mentre nel secondo tende ad un ciclo di periodo 4.

4. Discussione

Per quanto riguarda l'efficacia delle misure di protezione adottate a Torre Guaceto, i risultati sono in linea con quanto ci si aspettava, sulla base della letteratura esistente. Le proposte di modelli demografici per la popolazione di sarago maggiore rappresentano invece un passo in più, poiché trattano un argomento finora scarsamente approfondito in letteratura. Ovviamente un limite potenziale dei modelli demografici riguarda il loro campo di applicabilità: essendo i modelli, infatti, calibrati su dati provenienti da un determinato sito, essi potrebbero essere validi per il contesto specifico e quindi difficilmente applicabili ad altre località, vista anche la forte variabilità dei tratti vitali della specie *Diplodus*. Nonostante ciò, i risultati ottenuti sono di notevole importanza per lo studio e la gestione dell'AMP di Torre Guaceto e forniscono comunque spunti molto interessanti sui possibili meccanismi che regolano la demografia di questa specie.

Per prima cosa si osservi come i modelli strutturati selezionati come migliori siano caratterizzati dallo stesso esponente β in tutte le equazioni, uguale a sua volta anche all'esponente α dell'equazione di reclutamento. Ad un primo esame, questo sembra significare che i fenomeni di dipendenza da densità agiscono con la stessa intensità lungo tutte le fasi del ciclo di vita della popolazione. Alternativamente, però, il fenomeno può essere interpretato come l'effetto di una variabile ambientale, al momento non identificata, che negli anni influenza i tassi di mortalità naturale della popolazione in modo omogeneo lungo tutte le classi d'età. Per propendere a favore di un'ipotesi piuttosto che dell'altra sono evidentemente necessari studi più approfonditi per individuare questa eventuale variabile ambientale che influisce sulla popolazione.

Un altro risultato interessante riguarda i valori dei parametri σ_i dei modelli strutturati; abbiamo già detto come tali parametri contengano con buone probabilità informazioni relative non solo alla sopravvivenza degli individui, ma anche ai movimenti migratori tra esterno ed interno dell'AMP. Pertanto in futuro sarà opportuno combinare gli studi demografici con gli studi delle correnti presenti nell'area, in modo da verificare la presenza e la direzione dei movimenti dei saraghi.

Un'ulteriore riflessione interessante riguarda i modelli strutturati SNN ed SNB; in essi $\sigma_1 = \sigma_3 = \sigma_4$ mentre σ_0 e σ_2 sono significativamente diversi. Mentre, per quanto concerne la prima equazione, è ragionevole che il parametro sia differente dagli altri poiché, come già detto, esso comprende sia la sopravvivenza dei giovani che la fertilità, il discorso per σ_2 risulta, invece, più complesso. Tale parametro, infatti, è più grande di quelli delle altre equazioni e questo fa supporre che nel passaggio da classe 2 a classe 3 gli individui soffrano di una mortalità minore e/o che immigrino in misura maggiore verso l'AMP. Per chiarire meglio questo aspetto saranno necessari studi sulla sopravvivenza del sarago durante il suo ciclo di vita e sui movimenti migratori da cui è interessato.

Infine, per completare il presente studio sarà necessario in futuro approfondire l'analisi di sensitività svolta in modo da poter individuare quali, tra tutti i parametri del modello, sono quelli che provocano il cambio di comportamento da ciclo di periodo 2 ad equilibrio e da ciclo di periodo 2 a ciclo di periodo 4. Finora, infatti, i parametri sono stati fatti variare tutti contemporaneamente per questioni di semplicità: il risultato ottenuto pertanto consente solo di evidenziare la vicinanza alle biforcazioni, ma nulla di più. Sarebbe interessante, pertanto, far variare solo alcuni parametri mantenendone fissi altri, in modo da condurre un'analisi sistematica e più approfondita.

Una volta che i modelli da noi proposti siano stati migliorati attraverso tutti gli studi e le analisi appena elencate, essi potranno fornire un valido strumento di supporto per la gestione della popolazione di saraghi nell'AMP di Torre Guaceto. Sarà inoltre possibile integrarli con la dinamica dei livelli inferiori della catena trofica (ricci e alghe) per studiare il comportamento dell'ecosistema nel suo complesso, nell'ottica di riduzione e contenimento dei *barren*, problema da cui ha preso spunto l'intero lavoro.

INTRODUZIONE

1.1 Tema

Attualmente, le attività antropiche e la pesca in particolar modo, sottopongono a forte pressione molte specie ittiche, con conseguenti rischi sia per quanto concerne la sopravvivenza delle specie stesse, sia per quanto riguarda la biodiversità dell'intero ecosistema a cui esse appartengono. Inoltre, al di là dell'aspetto ambientale, risulta ormai evidente come uno sfruttamento illimitato e non regolato delle risorse ittiche possa avere conseguenze disastrose anche sull'economia, poiché in molti casi un'attività di pesca completamente non regolamentata porta ad un sovrasfruttamento delle risorse stesse che, nel lungo periodo, si rivelerà con buone probabilità non sostenibile. In pratica, questo significa che l'uomo attinge a tal punto ad una certa risorsa ambientale da non permettere la sopravvivenza della stessa sul lungo periodo, precludendosi quindi la possibilità di trarne vantaggio anche in futuro. Da queste considerazioni risulta lampante la necessità di una gestione pianificata delle risorse ittiche e delle attività di pesca, in modo da conciliare gli obiettivi ambientali ed ecologici con quelli economici. Proprio in questo ambito si colloca il presente lavoro che analizza la situazione del sarago maggiore o sarago reale (*Diplodus sargus*) nel Mar Mediterraneo, soprattutto in relazione alla recente istituzione di Aree Marine Protette (AMP), cioè di aree in cui le attività antropiche sono vietate o strettamente limitate con lo scopo di garantire la

sopravvivenza e la conservazione delle singole specie e dell'ecosistema nel suo complesso. Come si vedrà in seguito, lo studio della specie *D. sargus* è di fondamentale importanza dal punto di vista ecologico - ambientale, oltre che dal quello economico; infatti, lo sfruttamento eccessivo degli esemplari di questa specie porta verosimilmente ad una diminuzione della loro densità e pertanto ad un incremento della presenza di ricci (*Arbacia lixula* e *Paracentrotus lividus*), di cui i saraghi sono i principali predatori. I ricci sono considerati ad oggi i maggiori responsabili della formazione di *barren*, cioè di intere distese di fondali marini coperti da alghe incrostanti: tali habitat rappresentano una grande perdita per l'ecosistema in termini di biodiversità, in quanto molto meno ricchi a causa della totale o quasi totale assenza di alghe erette e, conseguentemente, di altre specie animali e vegetali. Molti studi (Sala, 1997; Hereu *et al.*, 2004; Guidetti, 2006; Guidetti *et al.*, 2008) hanno posto l'attenzione proprio sulla correlazione esistente tra densità di pesci predatori, quali *D. sargus*, e presenza di *barren*, evidenziando le conseguenze della pesca e delle attività umane lungo la catena trofica composta da alghe - ricci - saraghi (e altri pesci predatori) e sottolineando come una diminuzione di questi pesci predatori possa portare più facilmente alla formazione dei suddetti *barren*. Il presente lavoro nasce proprio dall'analisi di queste problematiche a scala ecosistemica, ma si focalizza sul livello più alto della catena trofica e cioè sulla modellizzazione e lo studio della demografia di *D. sargus*.

1.2 Finalità del lavoro

In base a quanto detto finora, risulta evidente come l'analisi della dinamica di popolazione di *D. sargus* sia importante per due motivi: per prima cosa, per studiare la specie in sé e la sua demografia, per poi in futuro dedurre come essa possa reagire ai continui sforzi di pesca cui è sottoposta; in secondo luogo per rapportarla ai livelli trofici inferiori (ricci e alghe) e studiare il fenomeno di formazione dei *barren*. Prima di poter effettuare studi e analisi di questo tipo, però, è necessario possedere un modello che descriva la dinamica di *D. sargus* in condizioni naturali; attualmente, in letteratura, non ve ne sono molti a disposizione, fatta eccezione per un modello teorico ricavato da Molloy *et al.* (2007).

Il presente lavoro si propone pertanto come finalità principale proprio lo studio della dinamica di *D. sargus*, ma non in via teorica, bensì in relazione alla realtà specifica dell'Area Marina Protetta di Torre Guaceto, in Puglia (Provincia di Brindisi).

Primo obiettivo, perciò, è stato quello di confermare o confutare le principali considerazioni già disponibili in letteratura in riferimento all'efficacia delle zone protette, sulla base dei dati a nostra disposizione per l'AMP di Torre Guaceto. Come vedremo, la situazione in esame ha permesso di osservare i risultati positivi che ci si aspettava, in relazione alle misure di protezione adottate: dal confronto tra dati raccolti nella zona protetta e in quella non protetta, si sono potute evidenziare differenze forti e significative a favore dell'AMP (si veda a questo proposito il capitolo 3).

In secondo luogo, lo scopo è stato quello di costruire, a partire dai dati a disposizione, un modello che descriva la dinamica della popolazione di saraghi presente all'interno dell'AMP oggetto di studio. Tale modello demografico, come vedremo, descrive l'andamento nel tempo del numero di individui o della loro biomassa, in riferimento alle condizioni naturali, cioè in totale assenza di pesca.

Vogliamo ribadire che la costruzione di questo modello è l'oggetto centrale del presente lavoro ma, come già anticipato, rappresenta anche un passo verso la futura comprensione dell'ecosistema di *D. sargus*: unendo, infatti, questo modello con altri che descrivano i restanti livelli della catena trofica sarà possibile valutare diversi aspetti, dalla formazione di *barren*, di cui si è parlato in precedenza, allo studio degli effetti della pesca e quindi alla definizione di una corretta politica di gestione della stessa.

1.3 Metodologia

Dopo aver passato in rassegna la letteratura disponibile per quanto concerne *D. sargus*, il suo ecosistema e le Aree Marine Protette (capitolo 2), siamo passati all'analisi dei dati raccolti in corrispondenza dell'AMP di Torre Guaceto. Nel capitolo 3 si trova una descrizione dettagliata di questi dati, delle modalità con cui sono stati acquisiti e dei principali risultati già ottenuti dal loro trattamento da Spedicato *et. al.* (2008), in

particolar modo per quanto riguarda la costruzione della curva di crescita. Tale curva si è rivelata, infatti, di fondamentale importanza per il nostro lavoro, poiché dalla sua inversione è stato possibile passare dalle classi di taglia, secondo cui i dati sono stati raccolti, alle classi d'età su cui saranno formulati i modelli demografici. Oltre a questi risultati già noti, nel medesimo capitolo vengono riportate altre analisi svolte al fine di confrontare la situazione dell'AMP con quella della zona esterna ad essa per verificare l'efficacia delle misure di protezione adottate. Infine, viene analizzato l'andamento della popolazione nel tempo sia in termini di numero di individui che di biomassa, ottenendo all'interno dell'area protetta, un andamento oscillatorio di anno in anno che si rivela, nei capitoli successivi, spiegabile con dinamiche legate a fenomeni di dipendenza da densità.

Nel capitolo 4, sulla base dei dati trattati al capitolo 3, è stata ricavata una serie di modelli demografici, che si distinguono principalmente in due categorie:

- modelli non strutturati, che descrivono l'andamento nel tempo della popolazione nel suo complesso
- modelli strutturati in classi d'età, che descrivono l'andamento nel tempo di ogni singola classe

E' interessante notare come i modelli ottenuti, seppur aventi strutture diverse, siano tutti di tipo Ricker, cioè facenti riferimento ad una dinamica con dipendenza da densità, come anticipato dall'andamento oscillatorio dei dati riportato nel capitolo 3.

Nel capitolo 5, infine, sono stati applicati i criteri di *model selection* per selezionare i modelli migliori tra quelli strutturati; successivamente le prestazioni dei modelli scelti sono state confrontate con quelle dei corrispondenti modelli non strutturati, ovviamente solo per quanto concerne la descrizione della popolazione totale. Come si spiega in dettaglio nel capitolo 5, alla fine di questo procedimento non è stato possibile comunque eleggere un unico modello migliore tra quelli candidati a descrivere la dinamica di *D. sargus* nell'AMP e ricavati al capitolo 4; questo perché i criteri di *model selection* non permettono di confrontare tra loro modelli non omogenei: risulta pertanto impossibile raffrontare modelli strutturati e non, oppure modelli che descrivono l'andamento del numero di individui con quelli che descrivono l'andamento della biomassa. Quindi ciò a cui siamo arrivati, in conclusione, è un set di modelli più performanti: tra questi,

ovviamente, quelli strutturati per età saranno in grado di fornire una quantità di informazioni di molto superiore rispetto a quelli non strutturati, a fronte ovviamente di un maggior numero di parametri da stimare.

IL SARAGO, IL SUO ECOSISTEMA E LE AREE MARINE PROTETTE

2.1 Il sarago (genere *Diplodus*)

Il sarago (genere *Diplodus*) appartiene alla famiglia *Sparidae* e comprende diverse specie e sottospecie diffuse nel Mar Mediterraneo e nell'Oceano Atlantico orientale; tali specie si differenziano molto tra loro per varie caratteristiche, quali il periodo riproduttivo, le dimensioni, le abitudini alimentari, ecc. Per esempio, nelle acque italiane esistono ben 5 specie appartenenti al genere *Diplodus*: il sarago maggiore (*D. sargus*), il sarago fasciato (*D. vulgaris*), il sarago pizzuto (*D. puntazzo*), il sarago faraone (*D. cervinus cervinus*) e lo sparaglione (*D. annularis*). In letteratura sono disponibili molti studi relativamente alle varie specie di *Diplodus*, a cui si farà riferimento in seguito, ponendo attenzione soprattutto al sarago maggiore, in quanto oggetto del presente lavoro.

Da un punto di vista visivo (Fig. 2.1), *D. sargus* si riconosce perché presenta un corpo argenteo con varie linee verticali, in genere 5 nere e 4 grigio scuro alternate tra loro, e in più una macchia nera appena prima della pinna caudale. Questa specie raggiunge, a seconda delle zone, una lunghezza massima di circa 40-45 cm (Gordoa & Moli, 1997; Molloy *et al.*, 2007).



Figura 2.1 Esemplare di *D. sargus* (sarago maggiore)

Per quanto riguarda le abitudini comportamentali di questa specie, diversi studi condotti nel Mar Mediterraneo sia sulle coste della Francia che su quelle della Puglia (Lloret & Planes, 2003; Guidetti *et al.*, 2008) hanno evidenziato come *Diplodus sargus* occupi soprattutto zone superficiali rocciose (scogliere) e fondali marini fino ad una profondità che raggiunge al massimo i 70 m. Il sarago è una specie bentonica, caratterizzata da scarsi movimenti verticali e, probabilmente, da più ampi movimenti orizzontali; l'entità di questi ultimi non è stata ancora precisamente quantificata. Dai dati raccolti sulle coste francesi e da altri studi (Planes *et al.* 1998), pare, inoltre, che gli esemplari giovani e i post riproduttori siano localizzati solamente lungo le coste in zone poco profonde (fino a 10 m), mentre i riproduttori si distribuiscono da 0 a 70 m di profondità. Sempre secondo alcuni studi (Planes *et al.*, 1998; Loy *et al.*, 1998) il sarago, così come altre specie di pesci costieri, presenta due fasi nel suo ciclo di vita: la prima è la fase pelagica larvale e la seconda è la fase giovanile bentonica. La conseguenza di questo ciclo di vita così complesso è che gli esemplari devono confrontarsi con due ambienti totalmente diversi e questo incrementa il numero dei potenziali fattori che possono limitare la loro

abbondanza. Ne deriva che nei primi tre mesi di vita la popolazione è soggetta ad un tasso di mortalità molto elevato (Planes *et al.*, 1998).

Una caratteristica fondamentale di *D. sargus* è che esso è un pesce protandro ermafrodita, cioè soggetto ad inversione sessuale da maschio a femmina. Questa specie, infatti, possiede i tipici *ovotestis* della famiglia degli Sparidi, cioè gonadi in cui sono presenti sia le ovaie che i testicoli in zone diverse. Perciò tutti gli esemplari hanno gonadi eterosessuali, in cui il rapporto tra quelle maschili e quelle femminili varia provocando spesso inversione sessuale (Micale & Perdichizzi, 1994). Esistono anche specie di pesci protogini, cioè in grado di cambiare sesso da femmina a maschio. Il fatto che una specie sia protogina o protandra dipende dal suo potenziale di poligamia (Ross, 1990); la protoginia, infatti, si manifesta se sono possibili accoppiamenti multipli contemporaneamente, mentre se questi non sono possibili è più probabile che la specie sia protandra poiché i membri di una coppia monogama producono più zigoti se l'individuo più grosso è femmina. Il fatto che *D. sargus* sia una specie protandra fa presumere che, in una qualunque popolazione, gli esemplari più grandi siano prevalentemente femmine, mentre quelli più piccoli prevalentemente maschi. Di questo aspetto è importante tener conto perché una specie protandra è più vulnerabile alla pesca dal momento che questa tende a rimuovere gli individui più grandi e quindi le grandi femmine riproduttrici, con conseguenze spesso disastrose per la dinamica della popolazione. Esistono anche casi in cui la popolazione di pesci si adatta alla pesca riducendo la dimensione media a cui l'inversione sessuale si verifica: in questa circostanza ci sarà minore vulnerabilità alla pesca rispetto al caso di popolazione non flessibile (Lenfant, 2003; Molloy *et al.*, 2007).

In generale, la sessualità della famiglia degli Sparidi è molto complessa e si manifesta in modi diversi a seconda della specie e delle condizioni ambientali (Buxton & Garrat, 1990; Mann & Buxton, 1998; Morato *et al.*, 2003):

- ermafroditismo successivo o protandro: gli individui maturano tutti come maschi e successivamente alcuni di loro vanno incontro ad inversione sessuale diventando femmine. In questo caso, considerando una qualunque popolazione, i

maschi risultano in media più piccoli poiché oltre una certa età, e quindi oltre una certa lunghezza, quasi tutti gli esemplari osservati sono femmine.

- ermafroditismo rudimentale: gli individui immaturi presentano gonadi eterosessuali, cioè dotate sia di ovaie che di testicoli, però tali individui maturano o come femmine o come maschi. Ovviamente per queste specie la distribuzione di taglia è più o meno la stessa per maschi e femmine.
- Specie diginiche: gli individui maturano come maschi o come femmine; in seguito alcuni maschi possono andare incontro ad inversione sessuale trasformandosi in femmine “secondarie”. Le femmine perciò predominano oltre una certa classe d'età, poiché oltre agli individui maturati come femmine, man mano si aggiungono le femmine “secondarie”.

In ogni caso, comunque, la riproduzione avviene attraverso la deposizione delle uova nelle cosiddette aree di *nursery*, cioè in zone dai fondali poco profondi, dove la crescita e la sopravvivenza dei giovani sono possibili. Uno studio di Lloret & Planes (2003) ha dimostrato come il potenziale riproduttivo sia maggiore nelle aree rocciose rispetto a quelle sabbiose e nelle zone superficiali rispetto a quelle profonde; sempre secondo lo stesso studio sembra esserci un effetto positivo sul potenziale riproduttivo delle aree marine protette, anche se mancano ancora serie storiche abbastanza lunghe per affermarlo con certezza. Il periodo in cui la deposizione delle uova avviene è influenzato dalla temperatura e quindi è estremamente variabile a seconda della zona: man mano che la latitudine decresce tale periodo inizia prima e si estende per più tempo (Morato *et al.*, 2003). Le uova durano in media 2/3 giorni, mentre la fase larvale 14/18 giorni. Nel caso del Mar Mediterraneo e quindi dell'AMP di Torre Guaceto la riproduzione avviene tra aprile e maggio per *D. sargus*; per osservare i giovani a terra bisogna aspettare la fine di maggio o l'inizio di giugno. Le tempistiche variano sensibilmente se si considerano altre specie: per *D. puntazzo* il periodo riproduttivo è ad ottobre, per *D. vulgaris* a novembre.

Gli esemplari restano nelle aree di *nursery* per un periodo variabile tra i 2 e i 5 mesi, pertanto tra la fine di luglio e il mese di settembre essi emigrano verso l'esterno per unirsi agli altri individui.

Per quanto concerne la dieta di *D. sargus*, uno studio molto approfondito è quello di Figueiredo *et al.* (2005), condotto su esemplari localizzati nell'Oceano Atlantico nelle immediate vicinanze delle Azzorre. Dall'analisi del contenuto degli stomaci di vari esemplari si è potuto dedurre come i saraghi si nutrano principalmente di:

- alghe
- echinodermi: invertebrati dotati di gusci con aculei; a questa famiglia appartengono i ricci
- cirripedi, specialmente della famiglia *Verrucidae* (crostacei)
- vermi
- gasteropodi (molluschi)
- uova di pesce, anfipodi e decapodi (crostacei), pesci, organismi bivalve e altri invertebrati

La dieta del sarago, inoltre varia molto durante l'anno: in estate, oltre alle alghe, il sarago preda soprattutto vermi e anfipodi, mentre in autunno e inverno echinodermi e gasteropodi e in primavera alghe. La dieta varia significativamente anche in funzione della classe dimensionale degli esemplari: pesci medio - piccoli seguono più o meno la stessa dieta, mentre i grandi esemplari sono più orientati verso i ricci e gli echinodermi in generale; in pratica, all'aumentare della taglia i pesci predano organismi più "duri": tale correlazione tra la taglia delle prede, in particolare dei ricci, e la taglia dei predatori è riconosciuta da molti studi (Sala, 1997; Hereu *et al.*, 2004; Guidetti & Dulcic, 2006). Infine, bisogna ricordare che il sarago è un predatore diurno, che fa affidamento sulla vista ed è quindi influenzato dall'intensità luminosa.

2.2 L'ecosistema e le Aree Marine Protette

L'importanza dell'analisi della dinamica e della situazione attuale delle popolazioni di saraghi nel Mar Mediterraneo risulta essere fondamentale se rapportata alle condizioni dell'intero ecosistema di cui questa specie fa parte. I saraghi, rappresentano infatti i principali predatori dei ricci di mare (*Paracentrotus lividus* e *Arbacia lixula*) (Fig. 2.2), insieme ad altri predatori minori appartenenti alla famiglia *Labridae*, quali la donzella

(*Coris julis*) e la donzella pavonina (*Thalassoma pavo*) (Fig. 2.3). A loro volta i ricci si nutrono principalmente di alghe, preferendo le alghe erette a quelle incrostanti, dato il loro maggior apporto nutritivo. Risulta pertanto evidente come i saraghi possano, attraverso le interazioni lungo la catena trofica, influenzare le condizioni dell'intero ecosistema a cui appartengono. La presenza di saraghi e donzelle, infatti, garantisce una densità contenuta di ricci e quindi preserva le macroalghe erette; al contrario, in assenza di tali predatori, la densità di *A. lixula* e *P. lividus* cresce: poiché quest'ultimi si nutrono principalmente di alghe erette, un aumento della loro densità provoca una forte diminuzione di tali alghe con la conseguente possibile formazione di *barren* (Sala, 1997; Hereu *et al.*, 2004; Guidetti, 2006; Guidetti *et al.*, 2008). I *barren* (Fig. 2.5) non sono altro che fondali con prevalenza di alghe coralline incrostanti; il passaggio da letti di macroalghe erette (Fig. 2.4) a *barren* può avere conseguenze disastrose per la biodiversità e per il funzionamento degli ecosistemi, poiché i *barren* rappresentano un habitat molto meno ricco dal punto di vista biologico.



Figura 2.2 A sinistra, esemplari di *A. lixula*; a destra, esemplare di *P. lividus*.



Figura 2.3 A destra, esemplare maschio di donzella (*C. julis*); a sinistra esemplare femmine di donzella pavonina (*T. pavo*).



Figura 2.4 Esempi di fondali ad alghe erette.

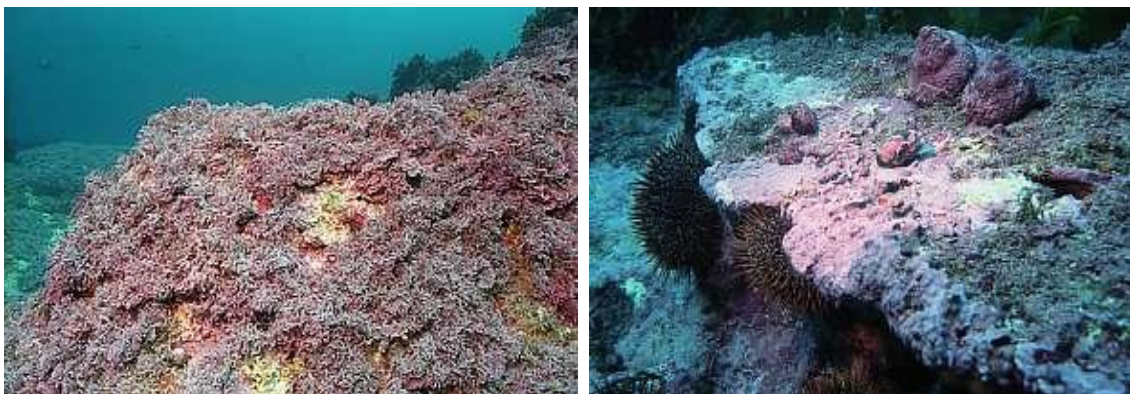


Figura 2.5 Esempi di fondali con prevalenza di alghe coralline incrostanti (*barren*).

Se è vero quanto detto finora in linea generale, è vero anche che l'interazione tra pesci predatori e ricci e il fenomeno di formazione dei *barren* non sono così semplici e lineari e pertanto vale la pena spendere qualche parola in più a questo proposito.

Innanzitutto è necessario ricordare che i principali predatori dei ricci di mare sono sicuramente *D. sargus*, *D. vulgaris*, *C. julis* e *T. pavo* (Sala, 1997; Hereu *et al.*, 2004; Guidetti & Dulcic, 2006); d'altra parte esiste una serie di ulteriori specie animali che si cibano degli stessi ricci (Sala, 1997), ma che in genere vengono trascurate dal momento che non sono in grado di rompere la corazza delle loro prede e quindi si nutrono solo delle carcasse lasciate dalle specie prima citate. Pertanto è corretto, in via semplificativa, tralasciare questi predatori "secondari", poiché essi non inducono una mortalità significativa sul livello trofico dei ricci e non appaiono quindi in grado di influenzare in alcun modo la formazione di *barren*, ma solo di ripulire il fondale marino dalle carcasse lasciate da altre specie. Detto questo, i pesci predatori principali hanno target diversi: i saraghi si nutrono principalmente di ricci adulti (da 1 a 4-5 cm), mentre le donzelle di ricci giovani (meno di 1 cm), poiché queste ultime sono più piccole e più deboli e non sono pertanto in grado di rompere la corazza dura degli esemplari più grandi. Oltre i 5 cm i ricci vengono difficilmente predati: questa dimensione viene considerata come un'*escaping - size*, oltre la quale i ricci non sono più influenzati in alcun modo dalla presenza di saraghi o donzelle.

I primi studi svolti (Sala, 1997; Hereu *et al.*, 2004) si sono concentrati soprattutto sul rapporto tra pesci predatori e la specie di riccio *Paracentrotus lividus*, evidenziando come la presenza di quest'ultima sia fortemente influenzata dalla densità di saraghi e donzelle e portando in primo piano la necessità di istituire zone protette per contrastare il fenomeno di formazione dei *barren*. Ovviamente la mortalità che determina l'andamento della popolazione di ricci non è unicamente legata alla densità di predatori presenti, ma anche all'eterogeneità dell'habitat che si sta analizzando (Hereu *et al.*, 2004): i ricci, soprattutto se giovani e più piccoli, sono in grado di nascondersi dietro scudi naturali, laddove l'ambiente ne fornisca, ed eventualmente rimanere in tale posizione fino al raggiungimento dell'*escaping - size*. Pertanto per studiare e prevedere l'andamento dei ricci di mare è necessario considerare contemporaneamente questi due fattori: presenza di pesci predatori ed eterogeneità dell'habitat.

Uno studio più dettagliato e ampio è stato invece svolto da Guidetti & Dulcic (2006), prendendo in considerazione le distribuzioni di pesci predatori, ricci e barren lungo il mare Adriatico. La novità di questo studio è stata quella di analizzare anche la specie di ricco *Arbacia lixula*, oltre a quella di *P. lividus*, che fino ad allora era stata l'unica considerata. Tra i risultati più interessanti, è stata ricavata una relazione lineare tra estensione dei barren e densità dei ricci; tale relazione risulta molto più forte e significativa per *A. lixula* che per *P. lividus*, suggerendo così che la prima specie giochi un ruolo maggiormente determinante nella formazione di barren rispetto alla seconda. Questa considerazione potrebbe anche spiegare come mai l'estensione di barren osservata sia maggiore al Sud, rispetto al Nord, poiché *A. lixula* è una specie termofila presente soprattutto dove la temperatura dell'acqua è più alta. Pertanto questo studio ha anche messo in evidenza come il cambiamento climatico degli ultimi anni e il conseguente riscaldamento delle acque siano fenomeni utili a spiegare l'estensione dei barren sia in termini di superfici ma soprattutto in termini di colonizzazione di nuove aree geografiche più settentrionali. Altra caratteristica importante, che conferma in qualche modo il ruolo predominante di *A. lixula* nella formazione dei barren, è la sua maggiore resistenza alla predazione rispetto alla specie *P. lividus*; ne deriva che, data una certa area, più alto è il rapporto *A. lixula* : *P. lividus* minore sarà la capacità dei pesci predatori di influenzare la catena trofica e quindi di giocare un ruolo significativo nella prevenzione della formazione di barren. Facendo sempre riferimento all'influenza che le popolazioni di saraghi e donzelle possono avere sulla catena alimentare, e quindi sulla presenza di ricci, questo studio afferma che tale influenza inizia ad essere davvero significativa solo laddove la densità di pesci predatori superi una certa soglia, di circa 15/20 esemplari ogni 100 m². Tale valore non viene normalmente raggiunto in aree dove la pesca è consentita, mentre viene mantenuto solo all'interno delle Aree Marine Protette.

Da tutte le considerazioni svolte finora risulta evidente la complessità del problema dei barren in ambienti marini ed emerge la necessità di considerare diversi fattori nella loro analisi: temperatura, tipi di pesci predatori presenti e loro densità, presenza di *A. lixula* o *P. lividus* o di entrambi contemporaneamente, ecc.

Fatta questa premessa, si passa nel seguito a descrivere la situazione attuale e l'importanza che le Aree Marine Protette stanno via via assumendo.

Come già ripetuto più volte, le popolazioni di saraghi sono attualmente soggette ad un forte sfruttamento antropico: la pesca sta quindi rimuovendo dall'ecosistema i principali predatori dei ricci di mare e pertanto, in base a quanto affermato in precedenza, la formazione di *barren* sembra essere uno scenario molto verosimile e, in alcuni casi, già attuale. Per contrastarlo una soluzione potrebbe essere l'istituzione di Aree Marine Protette (AMP), cioè di porzioni di linea costiera o di mare dove le attività umane, specialmente la pesca, sono vietate o soggette a restrizioni. In Italia al giorno d'oggi esistono formalmente 25 AMP, ma ce ne sono più di 20 in via di definizione e applicazione (Guidetti *et al.*, 2008). Tali AMP comprendono una o più zone di non accesso (*no-take*), chiamate zone A, in cui la pesca è completamente vietata, circondate da zone di buffer (B e C) dove le attività umane sono consentite ma soggette ad alcune limitazioni via via più lasche. Alcuni studi (Guidetti, 2006; Lenfant, 2003), mostrano come la distribuzione di pesci predatori, ricci e alghe all'interno e all'esterno di tali AMP sia completamente diversificata e quindi come queste aree possano effettivamente rappresentare un passo importante verso la diminuzione dei *barren*. Questo discorso, ovviamente, è valido unicamente se l'istituzione dell'AMP è accompagnata da una effettiva messa in opera della stessa; molti sostengono l'inefficacia di tali aree ai fini del mantenimento dell'ecosistema, ma uno studio recente (Guidetti *et al.*, 2008) ha dimostrato che spesso tale inefficacia è dovuta semplicemente alla mancata applicazione delle AMP stesse. In Italia, infatti, ci sono molte AMP formalmente esistenti ma il cui grado di protezione effettivo è medio - basso: è ovvio che in queste aree non si potranno evidenziare risultati apprezzabili in termini di presenza di saraghi, dal momento che nella pratica la pesca degli stessi è ancora consentita. In generale comunque, l'istituzione e l'effettiva applicazione delle AMP non garantiscono sempre i risultati auspicati poiché possono subentrare fattori diversi o può essere necessario un arco di tempo molto lungo per osservare dei miglioramenti (e purtroppo lo studio delle AMP è relativamente recente, per cui le serie a disposizione sono piuttosto brevi). In alcuni casi, addirittura, i *barren* possono rappresentare una condizione stabile e pertanto difficilmente invertibile. Quello che è certo è che solo all'interno delle AMP, in assenza di pesca, è possibile ristabilire l'equilibrio dell'ecosistema e invertire il processo di

formazione dei *barren* (Guidetti, 2006). Le AMP, infine, possono comportare anche vantaggi per la pesca e quindi per l'aspetto economico: uno studio recente (García – Charton *et al.*, 2008) analizza proprio il fenomeno dello *spillover*, cioè della migrazione dei pesci dall'interno all'esterno delle AMP, a seguito di processi di competizione dipendenti da densità, da migrazioni stagionali o da movimenti casuali. Ovviamente c'è ancora molta strada da fare in questo ambito, perché le varie situazioni locali sono molto differenti tra loro. Si può concludere comunque che le AMP sembrano essere strumenti utili sia per la protezione di specie sfruttate e del loro ecosistema sia per il rilancio delle attività di pesca in alcune zone. Affinché questo sia possibile, comunque, non basta istituire una o più AMP, ma è necessario configurarle e gestirle in modo corretto; l'efficacia di queste misure di protezione, infatti, dipende non solo dal loro grado di applicazione, come spiegato in precedenza, ma anche dalla loro dimensione, dal loro numero, dalle interazioni specifiche lungo la catena trofica e dalla connettività delle AMP stesse. L'ideale per il futuro sarebbe, infatti, la creazione di una *rete* di AMP, connesse tra loro; se da una parte le singole aree protette sono già state oggetto di diversi studi (Sala 1997, Lenfant, 2003; Lloret & Planes, 2003; Guidetti, 2006; Guidetti *et al.*, 2008; García - Charton *et al.*, 2008), dall'altra non si può dire ancora molto riguardo alla loro configurazione e alla loro connettività, poiché non esistono studi avviati e approfonditi a tal proposito.

2.3 L'Area Marina Protetta di Torre Guaceto

L'Area Marina Protetta a cui si farà riferimento nel presente studio è quella di Torre Guaceto; vale la pena soffermarsi un minimo sulla descrizione di quest'ultima perché, come abbiamo detto in precedenza, i tratti vitali degli esemplari di *D. sargus* variano significativamente a livello locale ed è opportuno quindi avere sempre presente la realtà specifica che si sta analizzando.

L'AMP di Torre Guaceto si trova nel Mar Adriatico (Fig. 2.6), in corrispondenza delle coste della Puglia ed è stata istituita nel 1991; ha un'area totale di 2227 ha, mentre la zona A copre una superficie di 179 ha (Guidetti *et al.*, 2008). Torre Guaceto è una di quelle AMP il cui livello di applicazione della protezione dalle attività umane è alto

(non è solo istituita formalmente, ma anche praticamente); per cui i dati relativi a questa area possono essere utilizzati per valutare l'effettiva validità delle AMP, come già studiato da Guidetti (2006). In più, i dati relativi alla zona A dell'AMP possono essere impiegati per osservare la dinamica della popolazione di *D. sargus* in condizioni naturali, cioè in assenza di pesca, e per stimarne i relativi parametri demografici, come si vedrà nel presente lavoro.

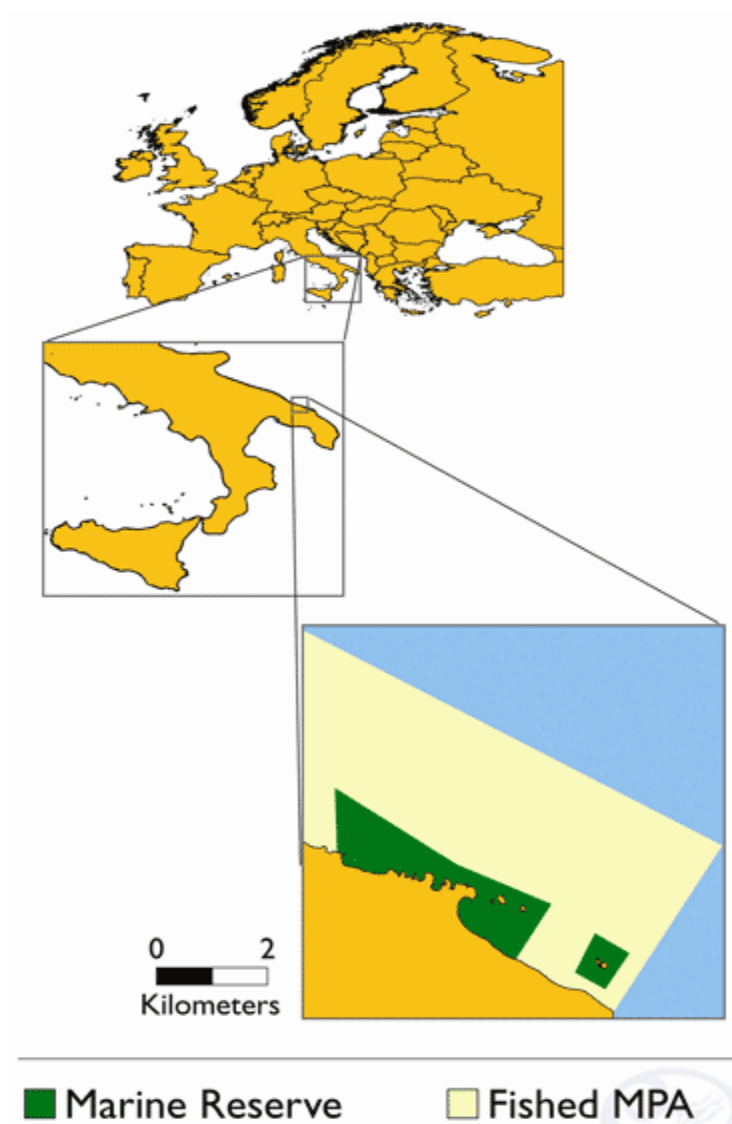


Figura 2.6 L'Area Marina Protetta di Torre Guaceto

Per quanto riguarda l'area esterna all'AMP di Torre Guaceto, la pesca è consentita e viene abitualmente effettuata tramite reti da posta (tremagli e reti a imbocco), palangari e, in misura minore, nasse. Le reti da posta sono reti fisse mantenute verticali grazie a galleggianti e piombi; in particolare, i tremagli sono costituiti da 3 strati di rete: i più esterni (pezze o pareti) a maglie larghe e il più interno (mappa) a maglie strettissime e più esteso degli altri. Con questa struttura il pesce attraversa le maglie più larghe ma non riesce ad attraversare quelle più strette e rimane avviluppato formando una specie di "sacchetto" all'esterno della parete del lato opposto a quello di entrata. In genere le dimensioni delle maglie esterne sono di circa 160-180 mm e quelle delle maglie interne di 60-70 mm. Le reti a imbocco, invece, sono reti di nylon trasparente formate da un solo panno. Hanno una cattura monotaglia che dipende dalle dimensioni delle maglie: il pesce, infatti, infila la testa nella maglia, ma non riesce né a proseguire perché il corpo è troppo grande né a tornare indietro perché si incastra con le branchie e non riesce più a liberarsi. Se l'esemplare è troppo piccolo riuscirà a passare indenne attraverso la rete, se invece è troppo grande non riuscirà nemmeno ad infilare la testa nella maglia. Altro strumento di pesca nella zona di Torre Guaceto sono i palangari, formati da una serie di lenze (braccioli) di cui un'estremità termina con un amo e l'altra è collegata ad un cavo (trave) lungo anche diversi km. Infine, le nasse sono strumenti con strozzatura all'entrata che costringe il pesce, attratto dall'esca all'interno, ad entrare forzando le maglie; in questo modo la preda non è più in grado di lasciare la trappola. I dispositivi più moderni sono caratterizzati da un ingresso a cancelletto la cui apertura è consentita solo verso l'interno della nassa. La caratteristica importante da considerare quando si parla di strumenti di pesca, anche al fine di modellizzare la mortalità indotta sulla popolazione di *D. sargus*, è la selettività; un attrezzo da pesca è selettivo quando produce una cattura "monotaglia" e "monospecifica" riuscendo a pescare quasi esclusivamente le specie e le classi di taglia bersaglio a cui è destinato. Gli strumenti che abbiamo citato sono tutti abbastanza selettivi, mentre molto meno selettive sono, per esempio, le reti a strascico. Come risulta evidente dalla descrizione delle metodologie di pesca adottate, gli esemplari più colpiti sono esemplari di dimensioni medio - grandi, che nel caso di *D. sargus* sono prevalentemente grandi femmine riproduttrici.

L'AMP di Torre Guaceto ospita diverse specie di pesci, tra cui i più importanti sono *D. sargus*, *D. vulgaris* e la donzella o *Coris julis*. Come già detto in precedenza, i dati a disposizione e che verranno analizzati sono relativi al solo sarago maggiore (*D. sargus*); nel caso specifico di Torre Guaceto, esso si riproduce nei mesi di aprile/maggio, deponendo uova la cui durata varia tra i 2 e i 3 giorni. La fase larvale, invece, dura mediamente tra 16 e 18 giorni, per cui per osservare i giovani a terra è necessario, di solito, aspettare il mese di giugno.

E' molto importante ricordare anche che l'AMP di Torre Guaceto non è separata dall'esterno tramite alcuna barriera fisica e pertanto la popolazione di saraghi osservata al suo interno non è una popolazione chiusa: gli esemplari sono infatti in grado di muoversi liberamente entrando ed uscendo dall'AMP.

2.4 Problematiche relative alla gestione di *D. sargus*

A conclusione di quanto detto finora le problematiche relative alla gestione del sarago e del suo sfruttamento si possono riassumere in due aspetti principali; il primo è un aspetto diretto: la pesca "per dimensione" a cui è soggetto potrebbe verosimilmente condurre al declino molte popolazioni di questa specie poiché colpisce proprio le grandi femmine riproduttrici. Il secondo aspetto è invece indiretto e deriva dal fatto che gli esemplari più grandi sono proprio quelli che si cibano maggiormente di *A. lixula* e *P. lividus*; pertanto la pesca, attraverso un effetto a cascata lungo tutta la catena trofica, potrebbe essere la causa principale della formazione dei *barren* con conseguenze disastrose per l'ecosistema e la biodiversità. Ne risulta evidente come l'eventuale estinzione delle popolazioni di *D. sargus* possa portare a situazioni critiche sia da un punto di vista ambientale che economico.

In base a queste considerazioni è possibile comprendere quanto sia fondamentale prevedere misure per la gestione di questa specie e per la regolazione delle attività di pesca, quali ad esempio le AMP, per evitare in ogni modo il collasso delle popolazioni di *D. sargus*. Affinché tale gestione sia programmata in modo efficace è necessario studiare la dinamica di *D. sargus* per conoscere i vari fattori che ne influenzano la

crescita demografica e la localizzazione e per prevedere come le singole popolazioni reagiscano alla pesca e/o alle misure di protezione. Solo successivamente sarà quindi possibile integrare tale dinamica con la dinamica delle altre specie della catena trofica (in particolar modo ricci ed alghe) così da potere evidenziare gli effetti sull'intero ecosistema e sulla formazione di *barren*.

ANALISI DEI DATI

3.1 Dati disponibili

Come detto in precedenza il presente lavoro fa riferimento a dati raccolti nell'ambito dell'Area Marina Protetta di Torre Guaceto; in particolare i dati disponibili sono stati raccolti attraverso *visual census* lungo transetti di 25×5 metri (125 m²) e riguardano la specie *D. sargus*. Le campagne sono state condotte in due aree interne all'AMP (zona nord e zona sud) e in due aree esterne all'AMP, sempre una a nord ed una a sud rispetto all'area protetta e distanti qualche miglio nautico dalla stessa. Le zone interne all'AMP sono due zone A, in cui qualunque tipo di pesca e attività umana è vietata. Ogni anno sono state eseguite due raccolte dati: una nel mese di maggio/giugno e l'altra nel mese di agosto/settembre. I *visual census* sono stati ripetuti su 16 transetti in ogni zona, per un totale di 32 repliche per ogni occasione di campionamento. I dati che sono stati raccolti sono dati di abbondanza suddivisi in classi di taglia di 2 cm di ampiezza (fino ad un massimo di 44 cm). Questi dati sono disponibili per gli anni dal 2004 al 2006. Altri dati dello stesso tipo sono disponibili anche per gli anni 2007/2008/2009, ma con alcune differenze. Nel 2007 sono state sempre effettuate due campagne, la prima ad aprile e la seconda ad ottobre. Per la prima campagna sono disponibili i dati relativi a 3 transetti per ogni zona, mentre per la seconda a 8 transetti. Per quanto concerne il 2008 e il 2009, invece, è disponibile una sola campagna per ogni anno: una a maggio 2008 e una a giugno 2009, entrambe effettuate su 8 transetti per ogni zona. Queste considerazioni sono utili e vanno tenute presente, in quanto i campioni relativi agli

ultimi anni potrebbero rivelarsi meno significativi rispetto ai precedenti, poiché caratterizzati da un numero minore di repliche.

3.2 Analisi preliminari dei dati e curva di accrescimento

Di seguito si riportano i risultati principali ottenuti da Spedicato *et al.* (2008) relativamente all'analisi dei dati raccolti tra il 2004 e il 2006. Queste elaborazioni sono di fondamentale importanza per il presente lavoro perché permettono di ricavare la curva di accrescimento di *D. sargus*, cioè il rapporto esistente tra l'età di un individuo e la sua lunghezza corporea: tale curva è indispensabile per trasformare le classi di taglia, in corrispondenza delle quali sono stati raccolti i dati, in classi di età, necessarie per la costruzione del modello demografico.

Un primo grafico (Fig. 3.1) che si può ottenere direttamente dai dati riporta in ascissa la lunghezza [cm] e in ordinata il numero medio (nel tempo e nello spazio) di individui di quella lunghezza avvistati lungo un transetto; tale grafico è ottenuto aggregando sia le due campagne per ogni anno sia le due zone per ogni campagna. Si ottengono in questo modo le distribuzioni di taglia della popolazione dentro e fuori l'AMP.

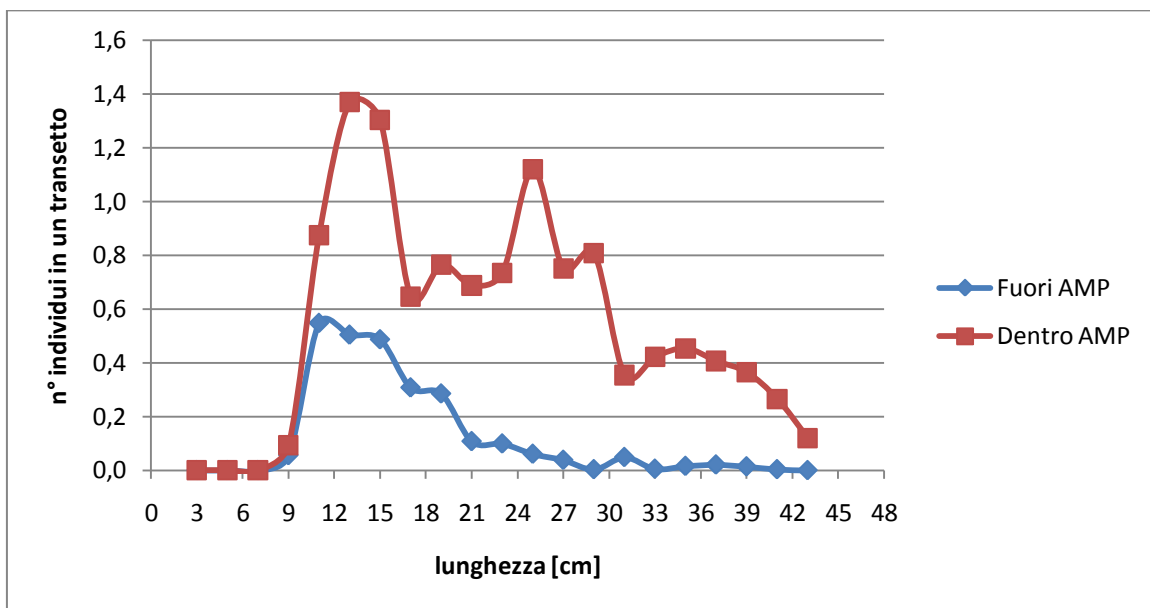


Figura 3.1 Distribuzione di taglia media (anni dal 2004 al 2006) dentro e fuori AMP.

Questo grafico aggrega dati di stagioni e zone diverse e comporta quindi la perdita di alcune informazioni. Tuttavia esso consente di ricavare alcune indicazioni interessanti. Innanzitutto si osserva una fortissima differenza in termini di numero di individui, e conseguentemente anche di densità, dentro e fuori l'AMP: come è ragionevole aspettarsi, all'interno della zona protetta, laddove la pesca è proibita, il numero di esemplari di *D. sargus* è molto maggiore. In secondo luogo la situazione fuori dall'AMP risulta particolarmente critica per le classi di taglia più grandi e ciò è intuitivamente logico se si pensa come le attività di pesca si concentrino proprio sugli individui di taglia maggiore. Pertanto le condizioni osservabili all'interno dell'AMP di Torre Guaceto sembrano, a prima vista e su questa breve serie di dati, rispettare le considerazioni generali fatte sulle aree protette nel capitolo introduttivo.

Sulla base di questi dati, Spedicato *et al.* (2008) hanno calibrato un modello di Von Bertalanffy del tipo:

$$L(x) = L_{inf}(1 - e^{-k(x-x_0)}) \quad (3.1)$$

Dove $L(x)$ è la lunghezza di un individuo di età x , L_{inf} è la lunghezza asintotica, k è il tasso di crescita e x_0 è un parametro che rappresenta l'età teorica in corrispondenza della quale la lunghezza è nulla.

I valori dei parametri stimati nel lavoro di Spedicato *et al.* (2008), sono i seguenti:

$$L_{inf} = 48,0 \text{ cm}$$

$$k = 0,35 \text{ anni}^{-1}$$

$$x_0 = -0,08 \text{ anni}$$

Quest'ultimo parametro è molto importante perché ci da informazioni circa la validità del modello di Von Bertalanffy anche per le prime classi di età; infatti, se tale modello fosse sempre adeguato x_0 dovrebbe essere molto prossimo al valore nullo. Se, invece, tale parametro si discosta molto da 0 significa che la crescita nei primi stadi di vita è diversa da quella negli stadi successivi, probabilmente a causa dei diversi habitat occupati dagli esemplari. Questa ipotesi è supportata da vari studi che analizzano diverse specie di *Diplodus*. In particolare uno studio di Gordo & Molè (1997) analizza

3 diverse specie di *Diplodus* nel Mediterraneo Nord - Occidentale; per *D. sargus* e *D. vulgaris* il parametro x_0 risulta significativamente diverso da 0 e infatti nella maggior parte dei casi queste specie nei primi mesi di vita occupano habitat del tutto diversi da quelli che occuperanno per il resto della loro vita. Al contrario, per *D. annularis* il parametro x_0 è molto prossimo a 0, il che è spiegabile considerando il fatto che gli esemplari di questa specie non cambiano habitat durante il loro ciclo di vita. Nel caso in esame, probabilmente per condizioni diverse rispetto a quelle dello studio di Gordo & Moli (1997), nonostante si tratti della specie *D. sargus*, il valore del parametro x_0 è comunque molto prossimo allo 0 e pertanto il modello di Von Bertalanffy sembra essere adeguato per descrivere la crescita degli esemplari in tutte le fasi del ciclo di vita. È importante, comunque, tener presente che questo discorso non è sempre valido: infatti, se la taglia alla nascita non è molto piccola (come nel caso di pesci grandi) e il tasso di accrescimento non molto elevato, allora x_0 può essere abbastanza minore di 0.

Di seguito si riporta il grafico della funzione di crescita con i parametri già specificati (Fig. 3.2): in ascissa si osserva l'età dell'individuo e in ordinata la corrispondente lunghezza. Nella tabella successiva (Tabella 3.1) sono riportate le lunghezze medie alle diverse età stimate mediante il modello.

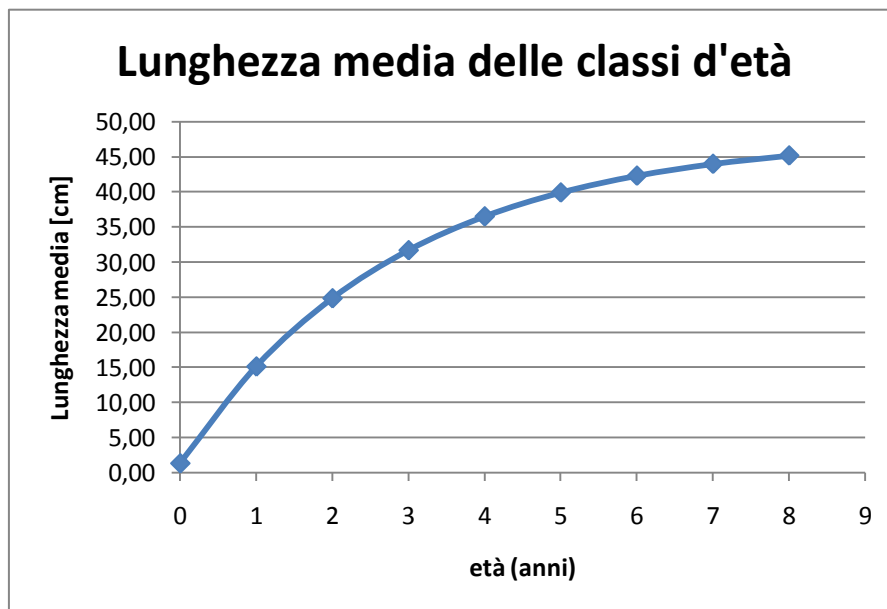


Figura 3.2 Curva di accrescimento di *D. sargus* all'interno dell'AMP di Torre Guaceto.

Tabella 3.1 Lunghezza media [cm] in corrispondenza delle diverse età.

Età [anni]	Lunghezza media [cm]
0	1,32
1	15,11
2	24,82
3	31,67
4	36,49
5	39,89
6	42,28
7	43,97
8	45,16

3.3 Individuazione dei trend

Finora sono stati riportati i risultati ottenuti da Spedicato *et al.* (2008); in seguito si riportano invece i risultati delle elaborazioni preliminari da noi effettuate, che sono utili per comprendere la situazione della popolazione di *D. sargus* all'interno e all'esterno dell'AMP e per formulare il modello.

Innanzitutto è necessario rappresentare l'andamento della densità di *D. sargus* nel tempo per verificare la presenza di eventuali trend o andamenti periodici. I grafici seguenti (Fig. 3.3, 3.4, 3.5, 3.6) riportano la densità sia in termini di numero di individui al m² sia in termini di biomassa cioè di grammi al m², mantenendo separate la zona nord e la zona sud in corrispondenza delle quali sono stati effettuati i visual census. Per ricavare i grafici in termini di biomassa, si è dovuti passare da lunghezza a peso dell'individuo utilizzando la relazione allometrica riportata nello studio di Molloy *et al.* (2007), a sua volta ripresa da un altro studio precedente di Pajuelo & Lorenzo (2004):

$$W = gL^h \tag{3.2}$$

Dove W è il peso in grammi, L la lunghezza in mm e g ed h sono due costanti i cui valori sono pari a:

$$g = 0,000023$$

$$h = 2,96$$

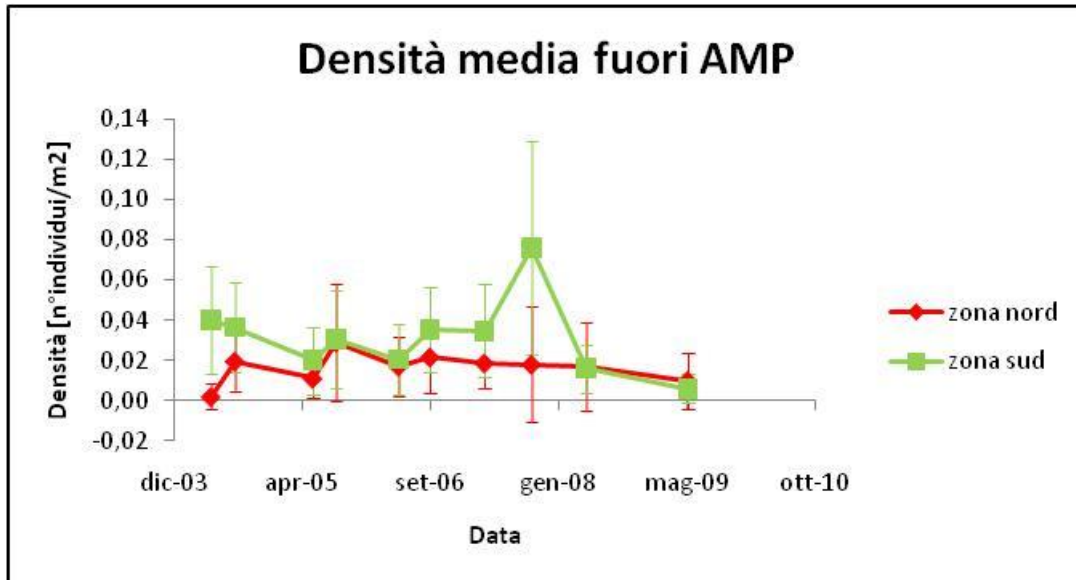


Figura 3.3 Densità media [n° individui/m²] all'esterno dell'AMP.

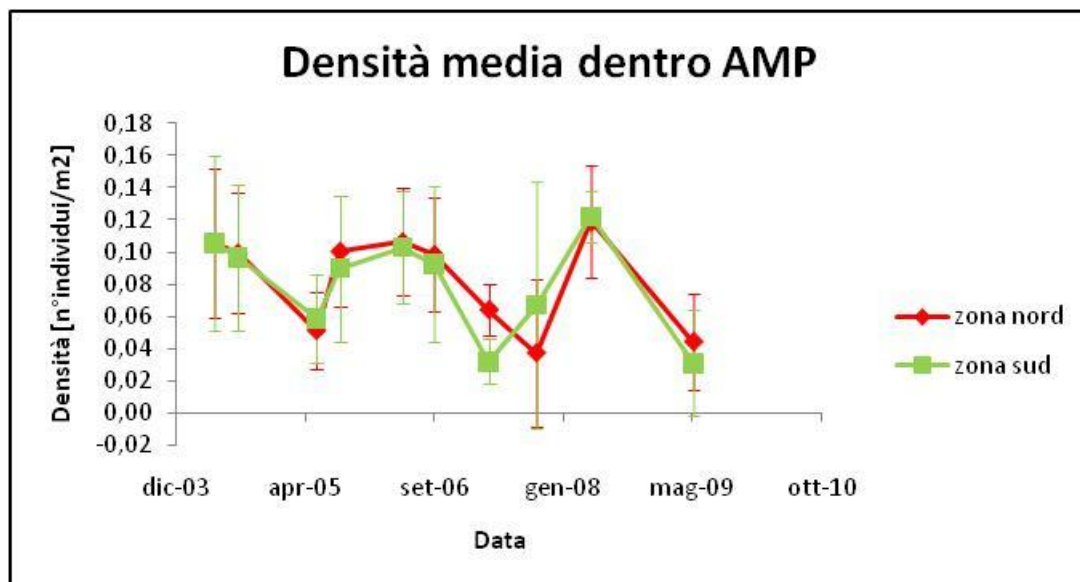


Figura 3.4 Densità media [n° individui/m²] all'interno dell'AMP.

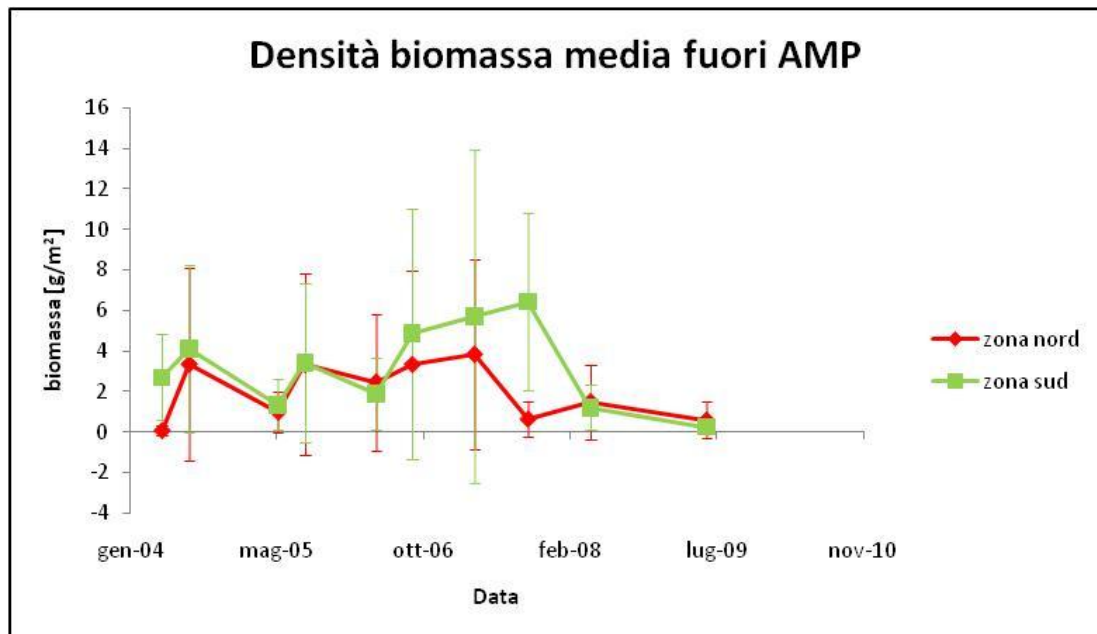


Figura 3.5 Densità media in termini di biomassa [g/m²] all'esterno dell'AMP.

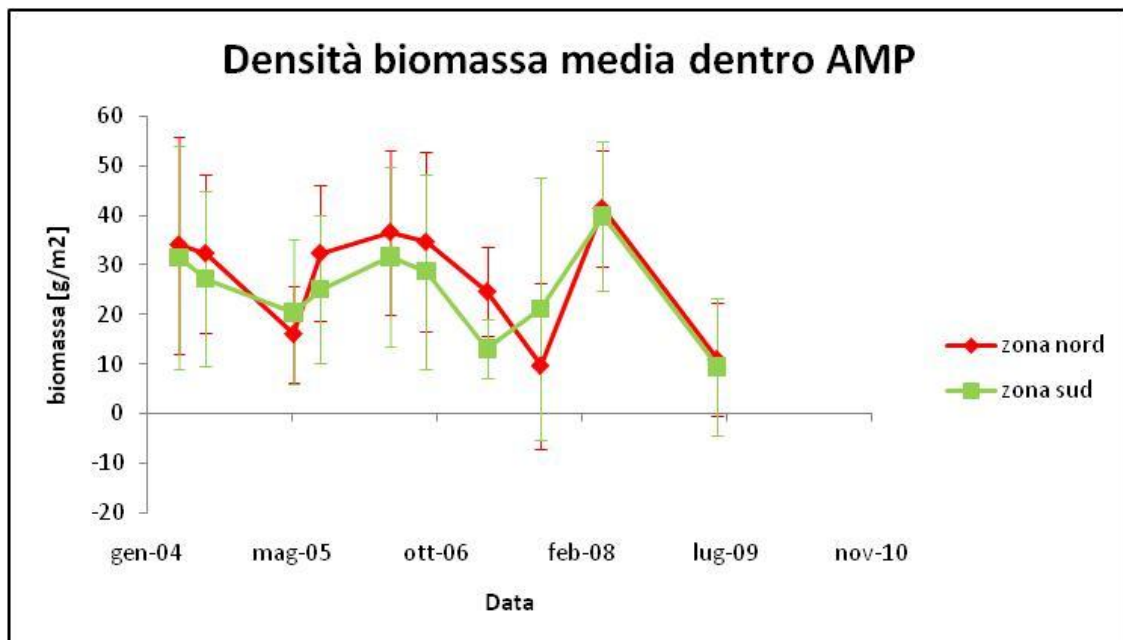


Figura 3.6 Densità media in termini di biomassa [g/m²] all'interno dell'AMP.

Per quanto concerne la presenza o meno di trend, all'esterno dell'AMP non sembrano esserci andamenti chiaramente individuabili; al contrario, all'interno della zona protetta l'andamento della popolazione sembra essere soggetto a oscillazioni piuttosto regolari, in particolare se si focalizza l'attenzione solo sulle campagne primaverili, trascurando le campagne autunnali (settembre/ottobre). Questo fenomeno fa pensare a dinamiche demografiche dipendenti da densità, ipotesi che verrà presa in considerazione nel seguito.

Oltre a queste osservazioni, è possibile farne altre a partire da questi grafici; innanzitutto, a conferma di quanto già detto in precedenza, la prima cosa che si può notare è la forte differenza tra interno ed esterno dell'AMP: all'interno, infatti, la densità è compresa tra 0,02 e 0,12 individui/m², mentre all'esterno i valori sono molto più bassi, solitamente al di sotto di 0,04 individui/m², se si esclude il picco di ottobre 2007 nella zona sud. La forte differenza tra interno ed esterno è ancora più evidente se si osservano i grafici relativi alla biomassa: fuori dall'AMP i valori sono contenuti entro i 6 g/m², mentre all'interno sono compresi tra 10 e 40 g/m². Vi è quindi un ordine di grandezza di differenza tra i due casi. Queste considerazioni confermano l'efficacia dell'area marina protetta nel preservare la specie *D. sargus*, in particolar modo gli individui più maturi e quindi più grandi e pesanti: proprio da questo deriva la forte differenza in termini di biomassa.

In secondo luogo, osservando le barre di errore che riportano le deviazioni standard, si può notare come queste siano piuttosto ampie; dal momento che il dato rappresentato è una media delle densità osservate su ogni transetto (data la campagna e la zona), se ne deduce come i *visual census* siano affetti da una forte variabilità spaziale tra un transetto e l'altro. Capita, infatti, che all'interno di una stessa campagna e per una stessa zona i valori registrati siano estremamente diversi da un sito di campionamento ad un altro. Questo porta ad una notevole incertezza di cui bisogna ovviamente tener conto.

Inoltre si può osservare come la zona (nord o sud) sia un fattore apparentemente significativo per quanto riguarda l'esterno dell'AMP, mentre non lo sia altrettanto per l'interno. Si può pensare pertanto che le densità siano più o meno omogenee nella zona A dell'area protetta, mentre non lo siano all'esterno di essa. Tale fenomeno potrebbe

essere legato all'andamento delle correnti nella zona in esame e/o ad eventuali episodi di *spillover*.

Un'ultima osservazione può essere fatta riguardo il picco registrato all'esterno dell'AMP nella zona sud in corrispondenza della campagna dell'ottobre 2007. Tale picco risulta molto evidente se si ragiona in termini di numero di individui al m², mentre è sicuramente meno marcato se si osserva la biomassa: questo può fare pensare che l'"esplosione" nel numero di individui sia dovuta più che altro ad un aumento di individui di piccola taglia, ipotesi che sarebbe confermata dal grafico riportato in seguito (Fig. 3.7). Tale aumento di individui giovani potrebbe essere dovuto ad un episodio di grande reclutamento ad aprile/maggio del 2007.

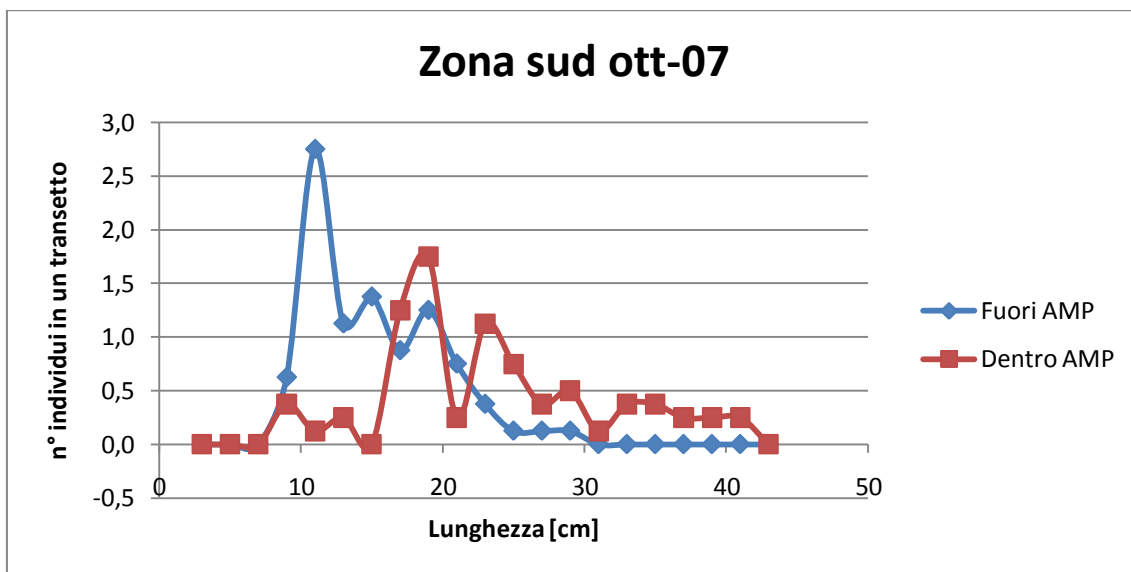


Figura 3.7 Struttura di lunghezza della popolazione rilevata nella campagna di ottobre 2007 nella zona sud all'interno e all'esterno dell'AMP.

In conclusione l'analisi dei dati disponibili sulla popolazione locale di *D. sargus* dentro e fuori l'AMP sembra evidenziare:

- una forte differenza tra esterno ed interno dell'AMP
- una differenza poco significativa tra zona nord e sud interne all'AMP
- una differenza significativa tra zona nord e sud esterne all'AMP

Per testare queste affermazioni si è proceduto a un'analisi della covarianza (ANCOVA) con la densità di *D. sargus* come variabile dipendente, il tempo come covariata e la zona (dentro o fuori AMP, oppure nord o sud) come variabile categorica. In particolare sono state condotte 3 analisi che permettono di affermare che: la differenza tra dentro e fuori AMP è significativa ($p\text{-value} = 0$), così come la differenza tra zona nord e zona sud esternamente all'AMP ($p\text{-value} = 0$). Al contrario, la differenza tra le due zone interne all'AMP non è significativa ($p\text{-value} = 0,797$).

3.4 Ricostruzione della struttura d'età

Prima di proseguire con l'analisi dei dati è doveroso fare una premessa; è infatti necessario ricordare sempre la forte differenza esistente tra popolazioni stazionarie e non stazionarie. Nel primo caso, infatti, la popolazione è caratterizzata da un tasso di crescita nullo e per effettuare considerazioni relative alla mortalità e alla probabilità di sopravvivenza della stessa si possono utilizzare due metodi diversi: seguire nel tempo una singola coorte oppure fotografare la situazione in un determinato istante di tempo e considerare così diverse coorti, ognuna corrispondente ad una determinata classe di età. Se invece la popolazione non è stazionaria, quest'ultima strada non può essere percorsa, a meno di non avere informazioni relative al tasso di crescita della popolazione stessa: infatti, i contributi degli anni passati dovranno essere corretti proprio in base a questo tasso, perché di anno in anno il reclutamento varia. Nel caso di studio sono disponibili "fotografie" della popolazione in anni diversi, ma non si hanno informazioni a priori sul suo tasso di crescita. Pertanto per effettuare considerazioni sulla sopravvivenza si devono seguire le coorti nel tempo: questo è possibile tenendo presente che gli individui di età i in un certo istante di tempo t saranno gli individui di età $i+1$ all'istante $t+1$, di età $i+2$ all'istante $t+2$ e così via, dove t si misura in anni.

Per seguire le coorti è necessario innanzitutto dividere la popolazione in classi di età a partire dalle classi di taglia con cui i dati sono stati raccolti. Questo è possibile invertendo la curva di Von Bertalanffy, passando cioè dalla lunghezza di un individuo alla sua età. Tale operazione è stata effettuata definendo degli intervalli di ampiezza

variabile intorno alla lunghezza media di ogni classe d'età, già individuata in precedenza (Tabella 3.1). Sono state individuate così 5 classi (Tabella 3.2): gli individui di 1 anno, 2 anni, 3 anni, 4 anni e 5 o più anni. Le classi d'età più avanzate sono state raggruppate per comodità, dal momento che le loro lunghezze medie sono molto simili soprattutto in rapporto al metodo di raccolta dei dati tramite *visual census*. Questo raggruppamento implicherà, in fase di formulazione del modello, che la sopravvivenza e gli altri parametri demografici, siano gli stessi per le classi di 5 anni, 6 anni e così via.

Di seguito (Tabella 3.2 e Figura 3.8) viene riportata la suddivisione in classi d'età in funzione della lunghezza degli individui.

Tabella 3.2 Suddivisione in classi di età a partire dalle classi di taglia.

classi di visual census [lunghezza media cm]	età	classe
3	meno di 1 anno	
5		
7		
9	1 anno	1
11		
13		
15		
17		
19		
21		
23	2 anni	2
25		
27		
29	3 anni	3
31		
33		
35	4 anni	4
37		
39	5 anni o più	5+
41		
43		

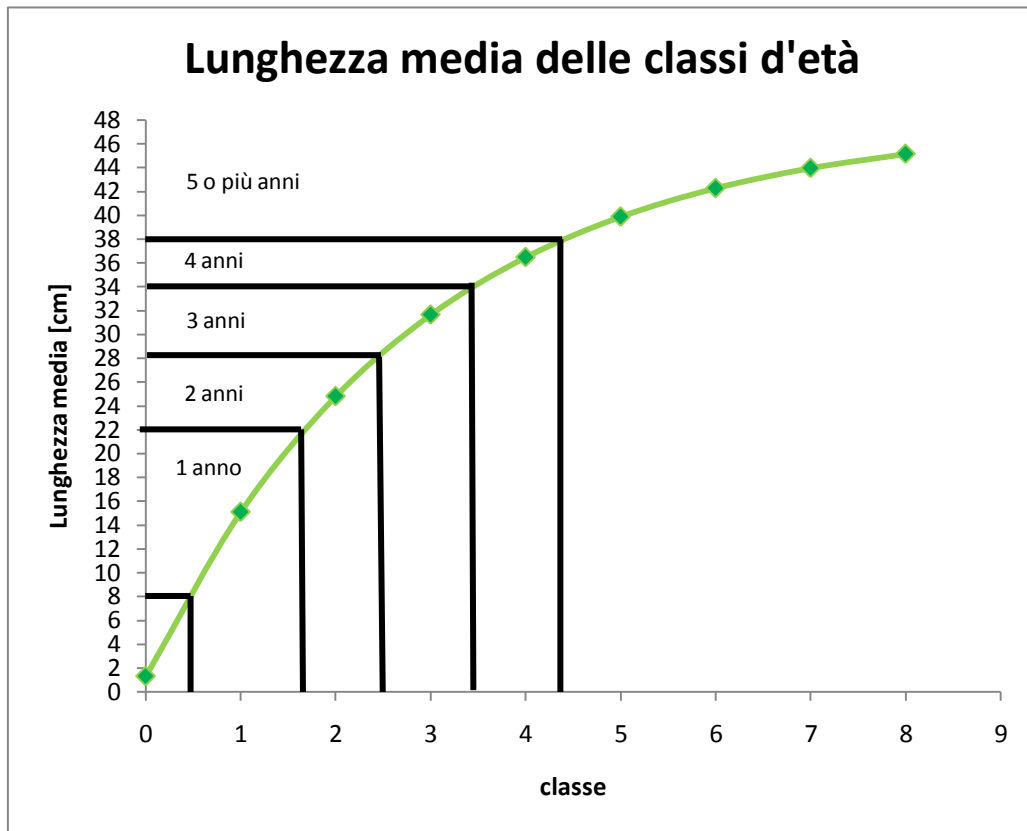


Figura 3.8 Curva di accrescimento di *D. sargus* ricavata per l'AMP di Torre Guaceto. Vengono evidenziate le lunghezze in corrispondenza delle quali sono state definite le 5 classi d'età.

Successivamente alla divisione in classi, è stato possibile raggruppare i dati in modo da ottenere il numero di individui appartenenti ad ogni classe in ciascuna occasione di campionamento (Tabella 3.3 e Tabella 3.4). Le tabelle riportate in seguito fanno riferimento alla media dei *visual census* sulle due zone interne all'AMP, poiché, come si vedrà in seguito, saranno proprio questi i dati su cui ci si baserà per la costruzione del modello. Per semplicità, da qui in poi, i dati vengono riportati in termini di individui o biomassa ogni 125 m², con riferimento alle dimensioni di un transetto.

Tabella 3.3 Densità di individui per 125 m² in corrispondenza delle diverse campagne di campionamento e delle diverse classi d'età. I colori evidenziano le varie coorti che è possibile seguire (sono evidenziate solo le campagne primaverili).

classe età	mag-04	ago-04	giu-05	set-05	mag-06	set-06	apr-07	ott-07	mag-08	giu-09
1	6,6875	6,2813	3,0938	6,1875	6,4688	5,7188	2,3333	3,1875	6,6875	2,3125
2	2,9688	2,8125	1,5000	2,6250	2,9375	2,7813	1,0000	1,6250	3,4375	1,0000
3	1,7188	1,5000	1,4375	1,5313	1,7188	1,5938	1,6667	1,0000	2,7500	0,8750
4	0,8750	0,9063	0,5625	0,8750	1,0313	0,9063	0,5000	0,4375	1,1250	0,3750
5+	0,9375	0,7500	0,2500	0,6875	0,9375	0,9375	0,5000	0,2500	1,0000	0,1250

Tabella 3.4 Densità di biomassa per 125 m² in corrispondenza delle diverse campagne di campionamento e delle diverse classi d'età. I colori evidenziano le varie coorti che è possibile seguire (sono evidenziate solo le campagne primaverili).

classe età	mag-04	ago-04	giu-05	set-05	mag-06	set-06	apr-07	ott-07	mag-08	giu-09
1	495,43	463,92	274,84	457,28	501,84	439,36	216,36	286,16	512,98	142,53
2	857,92	819,14	459,25	765,11	847,28	807,83	302,23	444,70	948,03	266,53
3	884,02	776,24	763,13	806,29	915,34	837,28	847,17	537,44	1517,18	429,47
4	734,92	768,02	482,41	743,64	865,54	768,02	390,07	367,46	921,24	301,27
5+	1123,26	893,35	301,36	815,47	1129,16	1105,57	594,49	290,10	1173,28	134,33

Nelle tabelle i colori evidenziano le diverse coorti. Come si può osservare, la coorte del 2004 è l'unica che si può seguire lungo tutte le classi d'età, mentre le altre risultano incomplete; sono tutte comunque utili per ricavare informazioni sulla sopravvivenza da una classe alla successiva, come si vedrà nel capitolo seguente.

LA DINAMICA DEMOGRAFICA DEL SARAGO NELL'AREA MARINA PROTETTA DI TORRE GUACETO

Le tabelle delle coorti riportate alla fine del capitolo precedente (Tab. 3.3 e 3.4) sono state utilizzate come punto di partenza per la ricerca di un modello adatto a descrivere la dinamica della specie *D. sargus* nell'ambito specifico dell'AMP di Torre Guaceto. A questo proposito è necessario fare alcune considerazioni preliminari.

Per prima cosa bisogna sottolineare come si sia scelto di concentrarsi sui dati relativi all'interno della zona protetta, in modo da poter considerare la dinamica naturale della popolazione, e cioè in assenza di pesca; in questo modo la mortalità degli individui resta legata solamente a fenomeni naturali di invecchiamento o competizione. Sarà possibile in futuro, una volta costruito il modello su queste basi, aggiungere una mortalità extra dovuta alle attività umane, così da poter valutare anche l'effetto specifico di queste ultime sulla popolazione di saraghi.

In secondo luogo, nel leggere le analisi che seguono e i modelli che ne derivano, è necessario tener presente che i dati che utilizzati non si riferiscono ad una popolazione chiusa il cui andamento nel tempo è determinato solo dalla riproduzione e dalla mortalità; al contrario nel caso specifico la popolazione analizzata è aperta, perché l'AMP non è separata dall'esterno tramite alcuna barriera fisica. Pertanto i pesci

possono muoversi liberamente, generando fenomeni di immigrazione ed emigrazione che influenzano il numero di individui presenti nell'AMP stessa. Può essere, allora, che la popolazione totale cresca da un anno all'altro non solo a causa del reclutamento ma anche sotto l'azione dell'immigrazione dall'esterno. Viceversa, la popolazione può diminuire o perché la mortalità supera la natalità, o a causa di un flusso migratorio in uscita. Questo aspetto è interessante da valutare in quanto l'AMP potrebbe da una parte rappresentare un *fishing refugia*, cioè attrarre individui dall'esterno, e dall'altra generare fenomeni di *spillover*, cioè di migrazione dalla zona protetta a quella non protetta.

Fatte queste premesse, sono state svolte una serie di analisi riguardanti, inizialmente, la popolazione nel suo complesso e, successivamente, la popolazione suddivisa nelle diverse classi d'età già individuate in precedenza. Lo scopo ultimo di queste analisi è quello di ricavare una serie di modelli demografici candidati a descrivere la dinamica della popolazione in esame. Tali modelli, in generale, rappresentano l'andamento nel tempo del numero di individui o della biomassa in funzione di un vettore di parametri θ e di un vettore di variabili indipendenti x . Nel seguito si vedrà come, a causa della scarsità di dati nel caso in esame, saranno considerate come variabili indipendenti solamente il numero/biomassa degli individui nell'anno precedente. Volendo considerare, infatti, altre variabili (relative, per esempio, a condizioni ambientali quali temperatura, habitat, ecc.) sarebbero necessarie serie storiche relative ad esse, di cui però al momento non disponiamo.

Pertanto, in generale, le equazioni che si andranno inizialmente a determinare per la popolazione nel suo complesso avranno una delle seguenti forme:

$$N_{t+1} = f(N_t, \theta) \quad (4.1)$$

$$B_{t+1} = f(B_t, \theta) \quad (4.2)$$

$$N_{t+1} = f(N_t, B_t, \theta) \quad (4.3)$$

Dove N_t e B_t rappresentano rispettivamente il numero e la biomassa totale della popolazione al tempo t , mentre θ è il vettore dei parametri. Per quanto concerne invece le equazioni relative alle singole classi d'età si rimanda ai paragrafi successivi per maggiori informazioni, in quanto la trattazione risulta più complessa.

Ricordiamo, come già accennato in precedenza, che le elaborazioni che seguono, sia per quanto riguarda la popolazione totale sia per quanto riguarda le diverse classi d'età, sono tutte svolte considerando il numero di individui e la biomassa espressi rispettivamente in:

- numero di individui ogni 125 m²
- biomassa [kg] ogni 125 m²

La scelta di riferire le variabili ad un'area di 125 m² è legata alle dimensioni del transetto con cui i dati sono stati raccolti ed è stata mantenuta per questioni di comodità e di aderenza al caso empirico in esame.

4.1 Dinamica della popolazione complessiva e modelli non strutturati

Per prima cosa si è andati a calcolare il tasso finito di crescita Λ della popolazione totale in corrispondenza dei diversi anni di campionamento, definito come:

$$\Lambda = \frac{N_{t+1}}{N_t}$$

Il dato relativo al tasso di crescita permette di evidenziare o meno la presenza di fenomeni di dipendenza da densità; infatti, se fenomeni di questo tipo sono presenti, cioè se si verifica una qualsiasi sorta di competizione intraspecifica per la popolazione in esame, allora ci aspettiamo che tale tasso dipenda in qualche modo dal numero di individui presenti all'istante t : più individui ci sono inizialmente, infatti, maggiore sarà la competizione e minore il tasso di crescita. Al contrario, se non c'è dipendenza da densità il tasso di crescita sarà pressoché costante di anno in anno. Di seguito si mostra l'andamento del logaritmo del tasso di crescita in funzione del numero di individui totali al tempo t (N_t) e della biomassa totale al tempo t (B_t) ottenuto per i dati a disposizione (Fig. 4.1 e 4.2).

Dai grafici si nota come il tasso di crescita dipenda fortemente dal numero o dalla biomassa della popolazione al tempo t : più individui ci sono al tempo t , infatti, minore è Λ e, viceversa, meno individui ci sono al tempo t , maggiore è Λ .

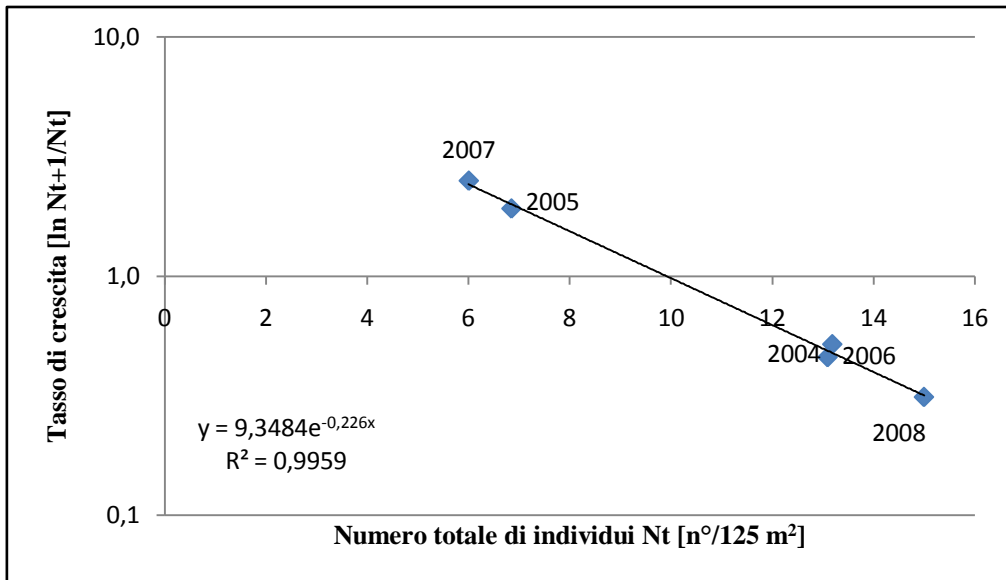


Figura 4.1 Andamento del logaritmo del tasso di crescita della popolazione totale in funzione del numero di individui al tempo t (anni dal 2004 al 2009). Vengono riportati anche l'equazione della regressione lineare e il valore di R^2 . Le etichette sui dati fanno riferimento al tempo iniziale t .

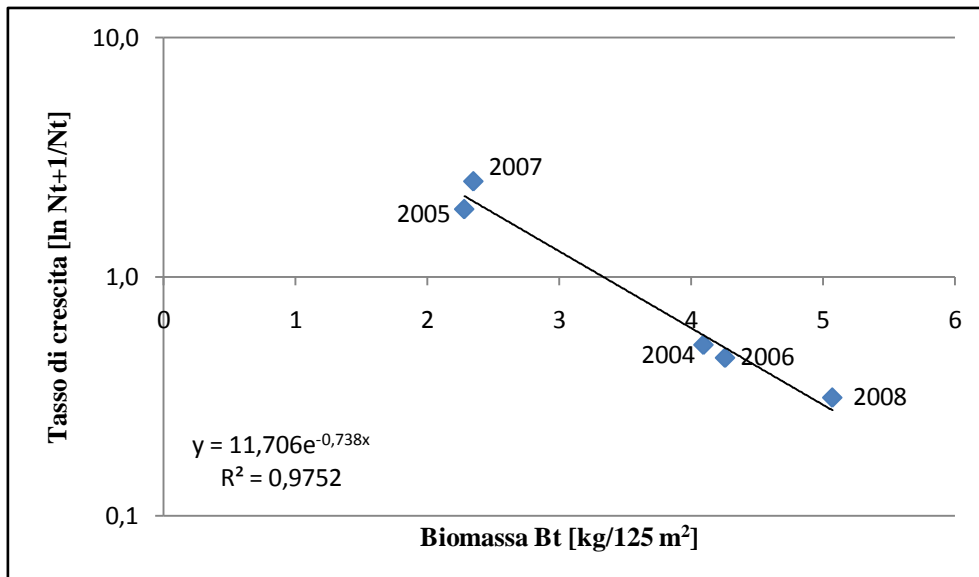


Figura 4.2 Andamento del logaritmo del tasso di crescita della popolazione totale in funzione della biomassa totale al tempo t (anni dal 2004 al 2009). Vengono riportati anche l'equazione della regressione lineare e il valore di R^2 . Le etichette sui dati fanno riferimento al tempo iniziale t .

Eseguendo un'interpolazione lineare nei logaritmi (ovvero supponendo una dipendenza di tipo esponenziale del tasso di crescita rispetto alle densità N_t o B_t) si ottengono le seguenti equazioni:

$$N_{t+1} = \lambda N_t e^{-\beta N_t} \quad (4.4)$$

$$N_{t+1} = \lambda N_t e^{-\beta B_t} \quad (4.5)$$

Dove λ rappresenta il tasso finito intrinseco di crescita della popolazione in assenza di competizione, cioè il tasso che si osserverebbe per $N_t \rightarrow 0$ oppure $B_t \rightarrow 0$, mentre β misura l'intensità della competizione stessa. I modelli ottenuti sono evidentemente due modelli di Ricker; nel modello classico, Ricker ipotizza che la sopravvivenza delle uova di una specie possa essere espressa in funzione della densità degli adulti proprio secondo una relazione esponenziale negativa del tipo:

$$\sigma_E = \sigma_0 e^{-\beta N_t} \quad (4.6)$$

dove σ_E rappresenta la sopravvivenza delle uova, σ_0 la stessa sopravvivenza in condizioni di non affollamento degli adulti, N_t il numero degli adulti e β è un parametro che misura l'intensità della dipendenza da densità. Nel caso più semplice, in cui gli adulti muoiono tutti subito dopo la riproduzione, risulta pertanto:

$$N_{t+1} = \sigma_Y Y_t = \sigma_Y \sigma_E E_t = \sigma_Y \sigma_0 e^{-\beta N_t} f N_t = \lambda N_t e^{-\beta N_t} \quad (4.7)$$

dove σ_Y rappresenta la sopravvivenza dei giovani, Y_t il numero di giovani al tempo t , E_t il numero di uova deposte al tempo t ed f la fertilità degli adulti. Nel nostro caso specifico, gli adulti non muoiono subito dopo la riproduzione, ma la forma del modello rimane la stessa di quello di Ricker: il parametro λ terrà conto sia del reclutamento (cioè dei nuovi giovani) sia degli adulti sopravvissuti dall'istante precedente; inoltre la dipendenza da densità si manifesta non solo per la sopravvivenza delle uova, ma anche per la sopravvivenza degli individui adulti.

In particolare, sostituendo i valori ottenuti si ottengono i due modelli:

$$N_{t+1} = 9,35 N_t e^{-0,226 N_t} \quad (4.8)$$

$$N_{t+1} = 11,71 N_t e^{-0,74B_t} \quad (4.9)$$

Nel seguito, per semplicità, tali modelli verranno indicati rispettivamente con le sigle NS1 e NS2, dove NS sta per “Non Strutturato”, dal momento che si tratta di modelli non strutturati in classi d'età.

In entrambi i modelli NS1 ed NS2 il tasso intrinseco di crescita λ è maggiore di 1: se così non fosse, la popolazione sarebbe destinata all'estinzione, in quanto diminuirebbe in dimensione anche in condizioni di assenza di competizione. La forte differenza concettuale che esiste tra i due modelli ricavati riguarda la competizione: nel modello NS1 si suppone che gli individui partecipino alla competizione allo stesso modo, indipendentemente dalla loro dimensione; nel NS2, invece, l'intensità della competizione dipende dalla biomassa, pertanto pesci più grandi avranno un impatto maggiore nei processi di competizione stessa. In questa fase non è possibile propendere a favore di una di queste due ipotesi piuttosto che dell'altra poiché non esistono studi specifici sulla competizione di *D. sargus*, pertanto nel seguito verranno tenuti in considerazione entrambi questi modelli.

Sempre per quanto concerne la popolazione nel suo complesso, si può scrivere un altro modello simile ai precedenti, che però descrive non più l'andamento del numero di individui nel tempo, bensì l'andamento della biomassa.

Il modello che si ottiene e che chiameremo NS3, è del tutto analogo ai precedenti:

$$B_{t+1} = 11,05 B_t e^{-0,73B_t} \quad (4.10)$$

In Figura 4.3 viene rappresentato l'andamento del logaritmo del rapporto $\frac{B_{t+1}}{B_t}$, che, a differenza dei casi precedenti, tiene conto non solo del reclutamento e della sopravvivenza degli individui, ma anche della crescita corporea degli stessi. Infatti, da un istante di tempo al successivo la popolazione aumenta numericamente per il reclutamento e diminuisce per la mortalità, ma contemporaneamente gli individui che sopravvivono crescono e quindi aumentano la loro biomassa.

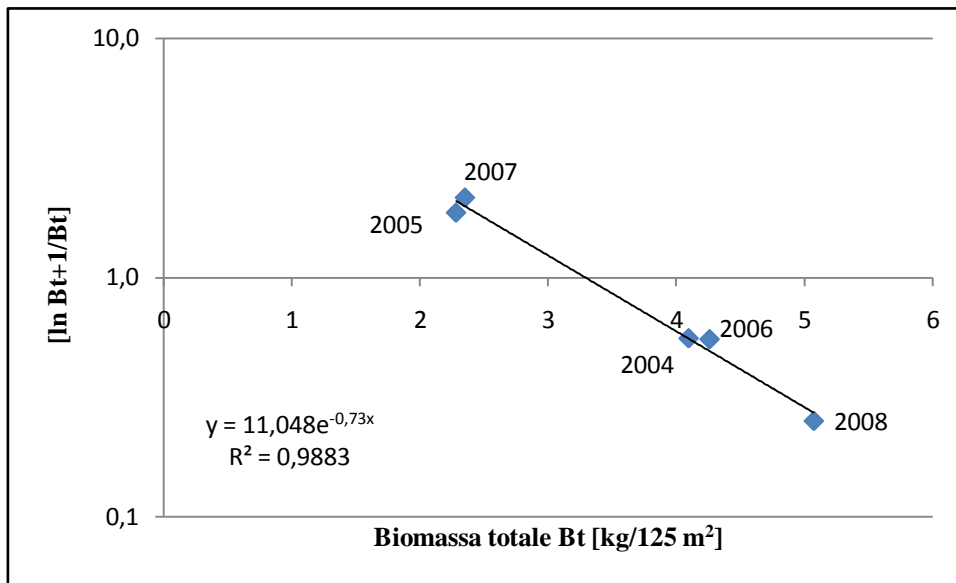


Figura 4.3 Andamento del logaritmo del rapporto B_{t+1}/B_t in funzione della biomassa al tempo t (anni dal 2004 al 2009). Vengono riportati anche l'equazione della regressione lineare e il valore di R^2 . Le etichette sui dati fanno riferimento al tempo iniziale t .

In conclusione la Tabella 4.1 riassume i valori dei coefficienti per i modelli non strutturati; anziché mostrare i tassi di crescita intrinseci utilizzati nei modelli, si mostrano i loro logaritmi, poiché solo di questi ultimi si conosce l'errore standard, dal momento che le regressioni sono state effettuate in scala semilogaritmica.

Tabella 4. 1 Valori dei parametri (media \pm S.E.) delle equazioni dei modelli non strutturati.

	NS1	NS2	NS3
$Ln(\lambda)$	$2,23 \pm 0,09$	$2,5 \pm 0,3$	$2,4 \pm 0,2$
β	$0,226 \pm 0,008$	$0,74 \pm 0,07$	$0,73 \pm 0,05$

Tutto quello che abbiamo detto finora, riguarda la popolazione complessiva di *D. sargus* nell'AMP di Torre Guaceto. Prima di procedere con la trattazione dei modelli strutturati per età, è bene soffermarsi sul parametro R^2 che è stato riportato in tutti i grafici precedenti e che verrà abbondantemente usato nel seguito. R^2 rappresenta il coefficiente di determinazione della regressione lineare, cioè del modello ottenuto, ed è così calcolato:

$$R^2 = 1 - \frac{SS_E}{SS_T} \quad (4.11)$$

Dove SS_E rappresenta la varianza residua o varianza dovuta agli errori, mentre SS_T la varianza totale di Y . Y è la variabile dipendente sui cui si esegue la regressione, quindi nel caso specifico il $\ln(N_{t+1}/N_t)$ oppure il $\ln(B_{t+1}/B_t)$. SS_E ed S_{YY} si calcolano come segue:

$$SS_E = \sum_{i=1}^q (Y_i - \hat{Y}_i)^2 \quad (4.12)$$

$$S_{YY} = \sum_{i=1}^q (Y_i - \bar{Y}_i)^2 \quad (4.13)$$

Dove Y_i è l'osservazione i -esima, \hat{Y}_i è il corrispondente valore stimato dal modello, q è il numero di osservazioni disponibili e \bar{Y}_i è la media delle q osservazioni.

Pertanto R^2 assume valori compresi tra 0 e 1; più esso è prossimo a 1, migliore sarà la bontà del modello nel descrivere la realtà, poiché la varianza residua SS_E (non spiegata dal modello) sarà piccola rispetto alla varianza totale: questo significa che il modello riesce a spiegare quasi tutta la realtà. Viceversa, più R^2 è prossimo a 0, minore sarà la bontà del modello e la sua capacità di spiegare la realtà, poiché elevata è la varianza residua rispetto a quella totale.

Nel caso in esame si può notare dai grafici precedenti come i valori di R^2 siano molto elevati: non bisogna tuttavia farsi trarre in inganno da questi risultati, in quanto la serie di dati a disposizione è molto breve ed è pertanto facile che essi si allineino lungo una retta. Per confermare questi valori di R^2 e verificare la bontà dei modelli ottenuti sarebbe necessario un numero maggiore di dati, di cui non si dispone al momento, ma di cui si potrà verosimilmente disporre in futuro.

4.2 Dinamica della popolazione per classi d'età

Visti i risultati ottenuti per la popolazione nel suo complesso, ci siamo immediatamente chiesti se lo stesso tipo di dipendenza da densità fosse osservabile o meno anche per le singole classi d'età. La trattazione che segue distingue tra le equazioni che descrivono la

dinamica della popolazione adulta da quella che descrive la dinamica dei giovani (equazione di reclutamento), poiché esse sono strutturalmente differenti.

4.2.1 Dinamica della popolazione adulta

La popolazione adulta comprende le classi dai 2 anni in poi; a partire da tale età gli individui possono ragionevolmente essere considerati adulti a tutti gli effetti, in quanto anche maturi sessualmente. Questa ipotesi è supportata da diversi studi (Pajuelo & Lorenzo, 2004; Morato *et. al.*, 2003) secondo i quali dopo i 20 cm di lunghezza circa quasi tutti gli individui risultano aver raggiunto la maturità sessuale.

Per ricavare la dinamica delle singole classi, il procedimento che abbiamo seguito è lo stesso utilizzato per analizzare la popolazione nel suo complesso, pertanto analogamente a prima sono stati analizzati i rapporti:

$$\sigma_i = \frac{n_{i+1,t+1}}{n_{i,t}}$$

Dove $n_{i,t}$ rappresenta il numero di individui appartenenti alla classe i al tempo t . Tale rapporto assume ovviamente una forma diversa per l'ultima classe d'età, in quanto gli individui di classe 5+, cioè con 5 o più anni d'età, al tempo $t+1$ sono gli individui che erano in classe 4 al tempo t e che sono sopravvissuti, ma anche quelli già di classe 5+ al tempo t e che sono anch'essi sopravvissuti. Pertanto la sopravvivenza sarà espressa come:

$$\sigma_4 = \frac{n_{5+,t+1}}{n_{4,t} + n_{5+,t}}$$

Nel caso di popolazione adulta strutturata per età, parliamo di sopravvivenza nelle singole classi e non di tasso di crescita, come avevamo fatto per la popolazione nel suo complesso. Questo perché tra una classe adulta e la successiva non intervengono fenomeni di reclutamento ma solo di mortalità: pertanto possiamo parlare di sopravvivenza degli individui. In seguito capiremo come il termine sopravvivenza sia, nel caso specifico in esame, non del tutto corretto poiché oltre alla mortalità si verificano probabilmente anche fenomeni di immigrazione/emigrazione dall'esterno; una spiegazione più approfondita a questo proposito si trova in seguito.

Alternativamente ai rapporti in termini di numero di individui si possono analizzare anche i rapporti in termini di biomassa delle singole classi $\frac{b_{i+1,t+1}}{b_{i,t}}$, al fine di ottenere un modello che descriva proprio l'andamento della biomassa nel tempo. Pertanto, sono stati ricavati grafici analoghi alle Figure 4.1, 4.2 e 4.3, però non più per la popolazione totale, bensì per il passaggio da ogni singola classe alla successiva; tali grafici vengono qui omessi: per semplicità i risultati sono riassunti in Tabella 4.2.

In questo modo sono state ricavate le seguenti famiglie di equazioni per $i=1,2,3,4$:

$$n_{i+1,t+1} = \sigma_i n_{i,t} e^{-\beta_i N t} \quad i=1,2,3; \quad (4.14)$$

$$n_{5+,t+1} = \sigma_4 (n_{4,t} + n_{5+,t}) e^{-\beta_4 N t} \quad (4.15)$$

$$b_{i+1,t+1} = \sigma_i b_{i,t} e^{-\beta_i B t} \quad i=1,2,3; \quad (4.16)$$

$$b_{5+,t+1} = \sigma_4 (b_{4,t} + b_{5+,t}) e^{-\beta_4 B t} \quad (4.17)$$

$$b_{i+1,t+1} = \sigma_i b_{i,t} e^{-\beta_i B t} \quad i=1,2,3; \quad (4.18)$$

$$b_{5+,t+1} = \sigma_4 (b_{4,t} + b_{5+,t}) e^{-\beta_4 B t} \quad (4.19)$$

dove σ_i rappresenta la sopravvivenza dalla classe i alla classe $i+1$, mentre β_i misura l'effetto della competizione sempre nel passaggio da classe i a $i+1$. Ne risulta, perciò, che la dipendenza da densità di tipo Ricker è osservabile anche per le singole classi d'età, con ottima approssimazione, dati i valori di R^2 in Tabella 4.2. Ricordiamo però che, mentre nel caso dei modelli NS il valore di R^2 era un buon indicatore della prestazione del modello, nel caso dei modelli strutturati i valori di R^2 rappresentano la bontà delle singole regressioni: per valutare le prestazioni del modello nel suo complesso sarà necessario utilizzare altri indicatori, come vedremo nel capitolo 5.

Tabella 4.2 Valori dei coefficienti (media \pm S.E.) $\ln(\sigma_i)$ e β_i e di R^2 in corrispondenza delle diverse equazioni, ricavati tramite regressione lineare sui logaritmi delle sopravvivenze osservate tra il 2004 e il 2009 sulle singole classi d'età.

Equazioni	i	$\ln(\sigma_i)$	β_i	R^2
$n_{i+1,t+1} = \sigma_i n_{i,t} e^{-\beta_i N_t} \quad i=1,2,3$ $n_{5+,t+1} = \sigma_4 (n_{4,t} + n_{5+,t}) e^{-\beta_4 N_t}$	1	1,8 \pm 0,4	0,26 \pm 0,03	0,97
	2	2,0 \pm 0,4	0,21 \pm 0,03	0,90
	3	0,7 \pm 0,4	0,16 \pm 0,03	0,88
	4	2,0 \pm 0,4	0,30 \pm 0,03	0,92
$n_{i+1,t+1} = \sigma_i n_{i,t} e^{-\beta_i B_t} \quad i=1,2,3$ $n_{5+,t+1} = \sigma_4 (n_{4,t} + n_{5+,t}) e^{-\beta_4 B_t}$	1	2,0 \pm 0,4	0,8 \pm 0,1	0,92
	2	2,1 \pm 0,4	0,7 \pm 0,1	0,86
	3	0,9 \pm 0,4	0,5 \pm 0,1	0,96
	4	2,4 \pm 0,4	1,0 \pm 0,1	0,95
$b_{i+1,t+1} = \sigma_i b_{i,t} e^{-\beta_i B_t} \quad i=1,2,3$ $b_{5+,t+1} = \sigma_4 (b_{4,t} + b_{5+,t}) e^{-\beta_4 B_t}$	1	3,0 \pm 0,4	0,8 \pm 0,1	0,95
	2	2,7 \pm 0,4	0,7 \pm 0,1	0,85
	3	1,5 \pm 0,4	0,6 \pm 0,1	0,94
	4	2,7 \pm 0,4	1,0 \pm 0,1	0,95

A questo punto è necessario però spendere qualche parola in più per quanto concerne il significato del parametro σ_i nelle diverse equazioni; infatti, se β_i rappresenta sempre l'intensità della dipendenza da densità, σ_i cambia, invece, significato a seconda del modello considerato. Nei primi due modelli, cioè quelli che descrivono l'andamento del numero di individui nel tempo, teoricamente σ_i rappresenta la sopravvivenza da una classe alla successiva in assenza di competizione; in quanto sopravvivenza dovrebbe per definizione essere minore di 1, mentre osservando i risultati ottenuti essa è sempre maggiore di 1. Questo si spiega ricordando che la popolazione in esame non è una popolazione chiusa, bensì aperta, come già sottolineato più volte in precedenza: in pratica, gli individui nuovi in classe $i+1$ al tempo $t+1$ che non erano presenti nell'AMP al tempo t in classe i , provengono dall'esterno. Dai dati a disposizione è stato possibile evidenziare come in corrispondenza di quegli anni con densità particolarmente basse all'interno dell'AMP si sia osservata una sopravvivenza fortemente maggiore di 1 (il valore massimo osservato è pari a 2,75) per quasi tutte le classi d'età: pare, quindi, che l'area protetta attiri individui dall'esterno quando al suo interno ce ne sono pochi. Al contrario, quando la densità interna è più elevata, la sopravvivenza osservata è minore

di 1: in questi casi gli individui sembrano morire per fenomeni di dipendenza da densità e/o di migrazione verso l'esterno. Teoricamente si potrebbero anche separare i contributi di migrazione e sopravvivenza, per ottenere delle sopravvivenze reali e quindi minori di 1, ma così facendo il modello ottenuto non sarebbe più lineare in scala semilogaritmica e le cose si complicherebbero non di poco. Inoltre, in base alle ricerche e ai dati in nostro possesso, allo stato attuale questi due contributi non sono distinguibili. Perciò si è dovuto proseguire tenendo uniti questi contributi e usando quindi i valori di σ_i maggiori di 1 ottenuti dalle stime. Bisogna però tenere sempre presente che, nonostante in precedenza e in seguito si faccia riferimento a questi parametri usando il termine sopravvivenze, esse non sono delle sopravvivenze in senso stretto, in quanto incorporano anche l'effetto della migrazione di individui attraverso i confini dell'AMP.

Per quanto riguarda, invece, il significato di σ_i nei modelli che descrivono l'andamento della biomassa nel tempo, tale parametro comprende sia la sopravvivenza degli individui che la loro crescita in termini di dimensioni corporee: infatti nel passaggio da una classe all'altra alcuni individui muoiono, ma quelli che sopravvivono aumentano la loro biomassa. Pertanto in questo caso valori di σ_i maggiori di 1 risultano accettabili anche a prescindere dal possibile spostamento di saraghi tra dentro e fuori l'area protetta.

In ogni caso appare molto probabile, in base ai risultati ottenuti, che gli individui di *D. sargus* analizzati si spostino tra la zona protetta e quella non protetta a seconda delle densità presenti all'interno, e forse anche all'esterno, dell'AMP. Questo discorso verrà comunque ripreso e approfondito nel capitolo conclusivo.

4.2.2 Equazione stock-reclutamento

Nel paragrafo precedente ci siamo occupati delle equazioni che descrivono la dinamica degli adulti; a questo punto è indispensabile ricavare un'equazione che descriva la dinamica dei giovani, cioè il numero/biomassa di individui di classe 1 presenti al tempo $t+1$. Solo in questo modo sarà possibile aggregare le diverse equazioni per costruire dei modelli strutturati, oggetto del paragrafo 4.3.

E' logico supporre che il numero/biomassa di individui di classe 1 al tempo $t+1$ dipenda dagli adulti presenti al tempo t ; in particolare, nel nostro caso, è parso ragionevole da un

punto di vista biologico ritenere che $n_{1,t+1}$ e $b_{1,t+1}$ dipendessero dalla biomassa degli adulti $B_{A,t}$; pertanto, con un procedimento analogo a quello utilizzato per ricavare le equazioni degli adulti, sono stati analizzati i logaritmi dei rapporti:

- $\frac{n_{1,t+1}}{B_{A,t}}$ in funzione sia del numero totale di individui sia della biomassa totale al tempo t
- $\frac{b_{1,t+1}}{B_{A,t}}$ in funzione della biomassa totale al tempo t

Tramite regressioni lineari sui logaritmi di questi rapporti, sono state ricavate le seguenti equazioni, sempre riconducibili ad un modello di tipo Ricker:

$$n_{1,t+1} = \sigma_0 f B_{A,t} e^{-\alpha N_t} = 12,49 * B_{A,t} e^{-0,21N_t} \quad (4.20)$$

$$n_{1,t+1} = \sigma_0 f B_{A,t} e^{-\alpha B_t} = 15,95 * B_{A,t} e^{-0,71B_t} \quad (4.21)$$

$$b_{1,t+1} = \sigma_0 f B_{A,t} e^{-\alpha B_t} = 1,36 * B_{A,t} e^{-0,73B_t} \quad (4.22)$$

dove il parametro α misura la dipendenza da densità nel reclutamento, il parametro σ_0 la sopravvivenza dei giovani e il parametro f la fertilità. Quest'ultima risulta quindi espressa come numero medio di uova prodotte per unità di biomassa adulta. Poiché al momento non si dispone di dati relativi a tale fertilità per i saraghi di Torre Guaceto, non è possibile separare nel nostro modello il contributo di σ_0 da quello di f .

Alternativamente sarebbe stato possibile far dipendere il numero/biomassa di nuovi giovani dal numero di adulti all'istante precedente, anziché dalla loro biomassa; così facendo f sarebbe stata, invece, espressa come numero medio di uova prodotte da un individuo adulto e pertanto si sarebbe dovuto differenziare da classe a classe, poiché le uova e gli spermatozoi prodotti in media da un individuo, femmina e maschio rispettivamente, dipendono dalla sua dimensione e quindi dalla sua età. Per il presente lavoro si è abbandonata questa strada in favore della precedente, ritenendo anche che, verosimilmente, in futuro potranno essere disponibili dati sulla fertilità in funzione della biomassa di un individuo.

C'è un'altra precisazione da fare; si potrebbe, infatti, dire che il numero di giovani $n_{1,t+1}$ dipende dalla biomassa delle sole femmine al tempo t , poiché sono proprio le femmine a determinare il numero di uova deposte; in questo caso il parametro f dovrebbe anche tener conto della percentuale di uova deposte che vengono effettivamente fecondate dagli individui maschi. Per seguire questa strada, però, sarebbe necessario conoscere il rapporto sessi della popolazione in corrispondenza delle diverse classi d'età, in modo da poter calcolare in ogni istante il numero di femmine a partire dalla numerosità totale. Questa opzione non è stata qui di seguito considerata, per la totale assenza di dati relativi al rapporto sessi nella popolazione di Torre Guaceto; tali informazioni sono, infatti, in fase di elaborazione, in quanto raccolte per la prima volta in una campagna svolta nel 2010. Si potrebbe ricavare questo dato da letteratura, ma gli unici studi disponibili (Morato *et al.*, 2003; Pajuelo & Lorenzo, 2004) riguardano popolazioni di *D. sargus cadenati* nell'arcipelago delle Canarie oppure di *D. sargus* dell'arcipelago delle Azzorre. Pertanto, data la forte variabilità spaziale che interessa i tassi vitali di queste specie, i valori riportati in tali studi potrebbero differire di molto da quelli che si osserveranno per l'AMP di Torre Guaceto.

4.3 Modelli Strutturati per classi d'età

Come già anticipato, le equazioni ricavate nei paragrafi 4.2.1 e 4.2.2 descrivono rispettivamente la dinamica degli adulti e quella dei giovani; per costruire dei modelli che descrivano la dinamica della popolazione nel suo complesso è necessario aggregare queste equazioni e analizzarle nel loro complesso.

Seguendo questo procedimento, sono state costruite tre famiglie di modelli:

- modelli SNN (Modelli Strutturati Numero - Numero): tali modelli descrivono l'andamento nel tempo del numero di individui appartenenti alle diverse classi, con competizione dipendente dalla densità totale (in numeri) della popolazione. Le equazioni che li compongono saranno pertanto:

$$n_{1,t+1} = \sigma_o f B_{A,t} e^{-\alpha N_t} \quad (4.23)$$

$$n_{2,t+1} = \sigma_1 n_{1,t} e^{-\beta_1 N_t} \quad (4.24)$$

$$n_{3,t+1} = \sigma_2 n_{2,t} e^{-\beta_2 N_t} \quad (4.25)$$

$$n_{4,t+1} = \sigma_3 n_{3,t} e^{-\beta_3 N_t} \quad (4.26)$$

$$n_{5+,t+1} = \sigma_4 (n_{4,t} + n_{5+,t}) e^{-\beta_4 N_t} \quad (4.27)$$

- modelli SNB (Modelli Strutturati Numero - Biomassa): tali modelli sono del tutto analoghi agli SNN, ma in essi l'intensità della competizione dipende dalla densità di biomassa totale della popolazione. Pertanto le equazioni che li compongono si ottengono sostituendo B_t al posto di N_t nelle 4.23, 4.24, 4.25, 4.26, 4.27.
- modelli SBB (Modelli Strutturati Biomassa - Biomassa): tali modelli descrivono l'andamento nel tempo della densità di biomassa delle singole classi, con competizione dipendente dalla densità di biomassa totale della popolazione. Pertanto le equazioni che li caratterizzano sono:

$$b_{1,t+1} = \sigma_0 f B_{A,t} e^{-\alpha B_t} \quad (4.28)$$

$$b_{2,t+1} = \sigma_1 b_{1,t} e^{-\beta_1 B_t} \quad (4.29)$$

$$b_{3,t+1} = \sigma_2 b_{2,t} e^{-\beta_2 B_t} \quad (4.30)$$

$$b_{4,t+1} = \sigma_3 b_{3,t} e^{-\beta_3 B_t} \quad (4.31)$$

$$b_{5+,t+1} = \sigma_4 (b_{4,t} + b_{5+,t}) e^{-\beta_4 B_t} \quad (4.32)$$

Finora le singole equazioni dei modelli sono state tarate indipendentemente le une dalle altre (tramite regressioni lineari sui logaritmi delle sopravvivenze) e i coefficienti delle equazioni sono pertanto tutti diversi tra loro: in questo modo i modelli delle 3 famiglie avranno un numero di parametri pari a 10.

E' noto come un modello contenente molti parametri sia in generale più preciso nel descrivere i dati rispetto ad un altro che ne contiene meno, ma è anche vero che più parametri ci sono maggiore sarà l'incertezza nella stima dei parametri stessi e maggiore

la probabilità di descrivere, oltre ai fenomeni che caratterizzano la dinamica della popolazione, anche gli errori da cui i dati sono affetti. Questo discorso, che verrà illustrato meglio nel capitolo 5 quando si parlerà di *model selection*, viene qui anticipato per far capire come mai, oltre ai modelli appena descritti (contenenti 10 parametri) ne abbiamo considerati anche altri, contenenti un numero minore di parametri. Questi ultimi avranno verosimilmente prestazioni minori per quanto concerne la loro capacità di riprodurre i dati, ma conterranno un'incertezza più contenuta relativamente alla stima dei parametri.

Per individuare questi modelli con un numero minore di parametri è stato utilizzato il software Matlab, svolgendo analisi di covarianza (ANCOVA) con $\ln(\sigma_i)$ come variabile dipendente, N_t o B_t come covariata e la classe d'età i come fattore categorico. Tali analisi hanno permesso di testare se i parametri σ_i e β_i sono significativamente diversi da una classe all'altra o se è possibile individuare dei modelli ridotti ($\sigma_i=\sigma_j$ o $\beta_i=\beta_j$ per alcune coppie i,j) che siano in grado di descrivere in modo più semplice, ma altrettanto soddisfacente, la dinamica della popolazione. Dato l'elevato numero di equazioni e, quindi, di parametri che caratterizzano i nostri modelli, le combinazioni di σ_i e β_i teoricamente ottenibili sono molto numerose: le analisi ANCOVA effettuate ci hanno permesso proprio di sfoltire la rosa dei modelli, escludendo dalla fase successiva di *model selection* quelli statisticamente non significativi. Conseguentemente a questo processo di esclusione, sono rimasti da considerare i seguenti modelli, ciascuno caratterizzato da una diversa combinazione dei parametri, da un codice identificativo e analizzato per tutte e tre le tipologie (SNN, SNB, SBB):

- Modelli **8** (2 parametri): tutte le equazioni (compresa quella di stock-reclutamento) vengono tarate contemporaneamente tramite un'unica regressione lineare, ricavando pertanto un'unica coppia σ e β per l'intera popolazione.
- Modelli **11** (3 parametri): sono del tutto analoghi ai modelli **8**, ma l'intercetta della prima equazione stock-reclutamento (σ_{0f}) viene mantenuta diversa dalle altre.

- Modelli **12**: sono modelli caratterizzati dallo stesso valore della pendenza β per tutte le classi d'età, mentre per quanto riguarda le intercette è necessario distinguere tra i modelli SNN12 ed SNB12 ed il modello SBB12. Nei primi due, infatti, σ_i sono uguali per $i=1,3,4$, mentre sono stimati a parte per $i=2$ e per l'equazione stock-reclutamento, che rimane pertanto analoga alla 4.23. Pertanto i modelli SNN12 e SNB12 avranno 4 parametri. Al contrario, nel modello SBB12 σ_i sono uguali solo per $i=1,2$, perciò il numero di parametri di questo modello è pari a 5. La ragione per cui sono stati considerati questi modelli particolari è la seguente: eseguendo l'analisi ANCOVA solo per $i = 1, 3, 4$ nel primo caso (e per $i = 1, 2$ nel secondo) è stato possibile osservare come l'effetto del fattore categorico i non sia statisticamente significativo e quindi concludere che questi parametri possano essere ragionevolmente stimati come un unico parametro senza considerare la differenza tra le classi. In pratica, per i modelli SNN12 e SNB12, il software considera tutte le sopravvivenze osservate (in scala logaritmica) nel passaggio tra classe 1 e 2, tra classe 3 e 4 e tra classe 4 e 5+ ed esegue un'unica regressione lineare, ricavando quindi un unico parametro σ_i che vale quindi per $i = 1, 3, 4$.

Per comprendere meglio come si è arrivati a questi modelli è sufficiente osservare la Fig. 4.4, in cui vengono rappresentate le rette di regressione ricavate tramite ANCOVA nel caso dei modelli SNN. Come si può notare per $i = 1, 3, 4$ le rette sono tutte "vicine" tra loro, mentre per $i = 2$ e $i = 0$ le rette risultano piuttosto diverse. Da qui l'idea di aggregare le regressioni per $i = 1, 3, 4$ e lasciare separate quelle per $i = 2$ e per $i = 0$ (evidenziate con le frecce rosse in Fig. 4.4). Nel caso specifico dei modelli **12** le rette considerate non sono più indipendenti (come in Fig. 4.4), ma parallele tra loro; tuttavia il discorso per quanto concerne la significatività del fattore categorico i non cambia.

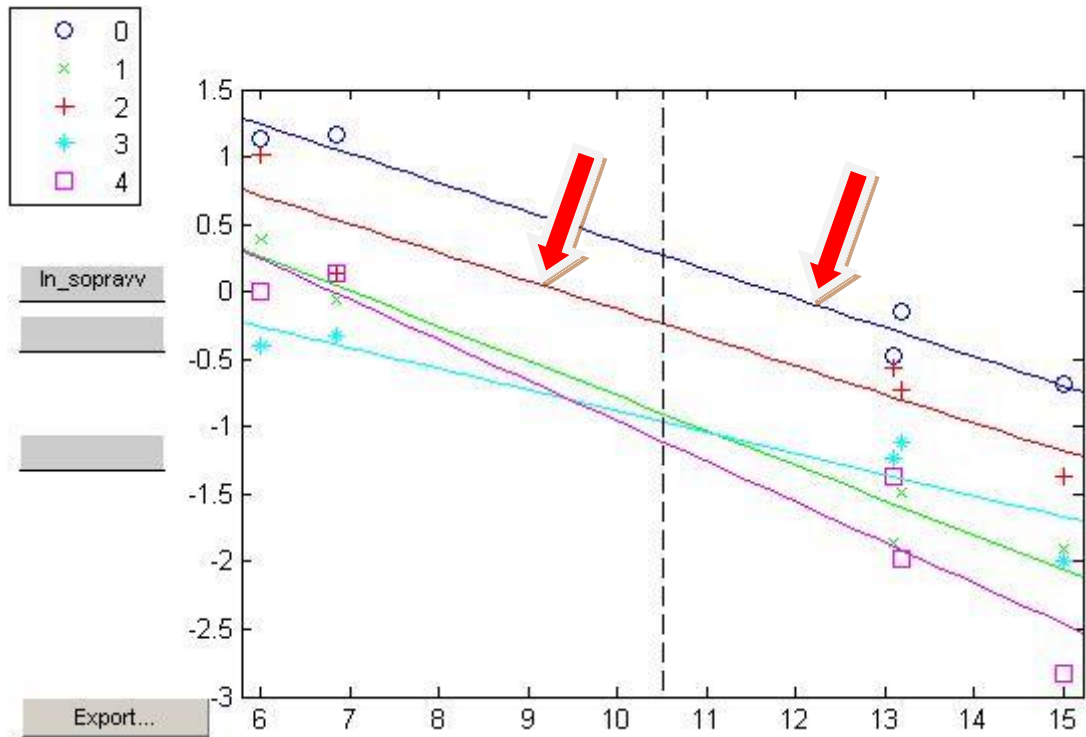


Figura 4.4 Rette di regressione sui logaritmi delle sopravvivenze per $i = 0, 1, 2, 3, 4$ per i modelli di tipo SNN ricavate tramite analisi ANCOVA.

- Modelli **DI** (Density Independent): per completezza sono stati considerati due modelli senza dipendenza da densità, cioè con i coefficienti β_i nulli. Il primo (**DI2**) conserva la dipendenza da densità solo per quanto riguarda l'equazione stock-reclutamento, mentre per le classi adulte non ipotizza alcun effetto di dipendenza da densità ($\beta_i = 0$ per $i = 1, 2, 3, 4$). Per quanto concerne, invece, i parametri σ_i essi sono uguali per $i = 1, 2, 3, 4$, mentre σ_{of} risulta diverso. L'altro modello (**DI4**) non prevede dipendenza da densità nemmeno per la prima classe e i parametri σ_i sono tutti uguali tra loro (compreso σ_{of}). Questi modelli sono statisticamente significativi per tutte le famiglie, escluso il modello **DI2** che risulta non significativo per la categoria SBB: pertanto, il modello SBB_DI2 non verrà considerato in fase di *model selection*.

Nell'elenco riportato i codici assegnati a ciascun tipo di modello non sono in ordine progressivo a partire dal numero 1 dal momento che alcuni modelli sono stati esclusi tramite le analisi ANCOVA (per esempio, i modelli dall'1 al 7 non compaiono poiché non sono statisticamente significativi).

Da tutte le considerazioni fatte finora, risulta evidente la molteplicità di modelli strutturati per età che si possono scrivere per la popolazione in esame. Ogni modello, come anticipato, è caratterizzato da una diversa combinazione di parametri e avrà pertanto un significato a sé stante. Per esempio, quei modelli in cui i coefficienti β_i sono tutti uguali descrivono una dinamica con dipendenza da densità uguale per tutte le classi d'età, mentre laddove sono i coefficienti σ_i ad essere uguali tra loro, le classi avranno tutte la stessa sopravvivenza di base. Finora i modelli sono stati ricavati in modo empirico a partire dai dati a disposizione e non da considerazioni di tipo qualitativo o biologico; nel capitolo successivo si andrà a individuare il modello migliore per la popolazione in esame tra quelli appena elencati. Solo analizzando questo modello sarà possibile ricavare informazioni quantitative sulla dinamica di *D. sargus* nell'AMP di Torre Guaceto: si potrà, per esempio, andare a vedere se le classi d'età hanno tutte la stessa dipendenza da densità e/o la stessa sopravvivenza di base.

Per semplicità nel visualizzare i diversi modelli e i loro coefficienti le Tabelle 4.3, 4.4 e 4.5 riportano i valori dei parametri per tutti i modelli significativi, che saranno oggetto della *model selection* nel capitolo successivo.

Tabella 4.3 Valori dei parametri (media \pm S.E) delle equazioni dei modelli SNN significativi.

	SNN8	SNN11	SNN12	SNN_DI2	SNN_DI4
$\ln(\sigma_f)$	$1,8 \pm 0,4$	$2,7 \pm 0,3$	$2,7 \pm 0,2$	$2,5 \pm 0,4$	$-0,7 \pm 0,2$
$\ln(\sigma_1)$		$1,6 \pm 0,3$	$1,4 \pm 0,2$	$-0,9 \pm 0,2$	
$\ln(\sigma_2)$			$2,2 \pm 0,2$		
$\ln(\sigma_3)$			$1,4 \pm 0,2$		
$\ln(\sigma_4)$					
α	$0,23 \pm 0,03$	$0,23 \pm 0,02$	$0,23 \pm 0,02$	$0,21 \pm 0,03$	/
β_1					
β_2					
β_3					
β_4					

Tabella 4.4 Valori dei parametri (media \pm S.E.) delle equazioni dei modelli SNB significativi.

	SNB8	SNB11	SNB12	SNB_DI2	SNB_DI4
$\ln(\sigma_f)$	$2,1 \pm 0,4$	$2,9 \pm 0,3$	$2,9 \pm 0,2$	$2,8 \pm 0,4$	$-0,7 \pm 0,2$
$\ln(\sigma_1)$		$1,8 \pm 0,3$	$1,6 \pm 0,2$	$-0,9 \pm 0,2$	
$\ln(\sigma_2)$			$2,4 \pm 0,2$		
$\ln(\sigma_3)$			$1,6 \pm 0,2$		
$\ln(\sigma_4)$					
α	$0,7 \pm 0,1$	$0,75 \pm 0,08$	$0,75 \pm 0,05$	$0,8 \pm 0,1$	/
β_1					
β_2					
β_3					
β_4					

Tabella 4.5 Valori dei parametri (media \pm S.E.) delle equazioni dei modelli SBB significativi.

	SBB8	SBB11	SBB12	SBB_DI4	
ln(σ_f)	2,0 \pm 0,7	0,4 \pm 0,5	0,4 \pm 0,2	-0,7 \pm 0,3	
ln(σ_1)		2,5 \pm 0,5	3,0 \pm 0,2		
ln(σ_2)					
ln(σ_3)					2,1 \pm 0,2
ln(σ_4)					1,7 \pm 0,2
α	0,7 \pm 0,2	0,7 \pm 0,1	0,75 \pm 0,06	/	
β_1					
β_2					
β_3					
β_4					

SELEZIONE DEI MODELLI MIGLIORI

Abbiamo concluso il capitolo precedente con una serie di modelli candidati a descrivere la dinamica di *D. sargus* nell'AMP di Torre Guaceto; è necessario a questo punto selezionare, tra essi, quelli più performanti. Per fare ciò esistono diversi metodi di *model selection*, che verranno elencati e descritti in dettaglio nel paragrafo 5.1. Tutti questi metodi, seppur diversi, si basano sul medesimo principio: trovare un compromesso tra la massimizzazione della capacità descrittiva del modello e la minimizzazione dell'incertezza nella stima dei parametri. Quando si adotta un modello, infatti, più parametri si utilizzano maggiore sarà l'incertezza legata alla stima dei parametri stessi; contemporaneamente però aumenterà la capacità descrittiva del modello poiché avendo scelto una struttura complessa essa descriverà meglio la dinamica reale. Al contrario, modelli con meno parametri sono affetti da minor incertezza nella stima degli stessi, ma poiché hanno una struttura decisamente più semplice descrivono in modo meno accurato la dinamica reale. Pertanto, vale la pena costruire modelli più complessi, e cioè con un maggior numero di parametri, solo se l'aumento della capacità descrittiva del modello che si ottiene supera l'aumento della varianza nella stima dei parametri. Perciò, in tutti i criteri di *model selection* che vedremo, vi è una parte degli indicatori calcolati che tiene conto del numero di parametri ed un'altra che tiene conto della capacità descrittiva del modello in funzione dei residui.

5.1 Criteri di *model selection*

In questo paragrafo descriviamo in via del tutto generale i criteri e gli indicatori che si usano per selezionare i modelli più performanti tra un set di modelli candidati. Nel paragrafo 5.2 vedremo, invece, nel dettaglio come questi criteri siano stati adattati e applicati nel caso di studio.

In generale, i metodi che vedremo si applicano a modelli lineari del tipo:

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 x_{1,i} + \beta_2 x_{2,i} + \dots + \beta_{d-1} x_{d-1,i} + \varepsilon_i \quad i=1, \dots, q \quad (5.1)$$

dove Y_i è la variabile dipendente in corrispondenza dell'osservazione i -esima, $x_{j,i}$ è la variabile indipendente j -esima in corrispondenza sempre dell'osservazione i -esima, d è il numero di parametri del modello, ε_i rappresenta il residuo, cioè un rumore bianco normalmente distribuito di media 0 e varianza costante σ^2 e q è il numero di osservazioni. L'equazione 5.1 descrive il processo reale ed è a noi pertanto sconosciuta.

Quello che possiamo fare è stimare i parametri β del modello a partire dalle osservazioni, per esempio con il metodo dei minimi quadrati, ed ottenere un set di parametri $\hat{\beta}$. A questo punto, i residui si possono calcolare come segue:

$$\hat{\varepsilon}_i = Y_i - \hat{Y}_i = Y_i - (\hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 x_{1,i} + \hat{\beta}_2 x_{2,i} + \dots + \hat{\beta}_{d-1} x_{d-1,i}) \quad (5.2)$$

Dove Y_i è sempre la variabile dipendente in corrispondenza dell'osservazione i -esima, mentre \hat{Y}_i è la corrispondente variabile stimata a partire dalle osservazioni delle variabili indipendenti $x_{j,i}$ e dai parametri $\hat{\beta}$.

Si definisce poi la somma dei quadrati dei residui come:

$$SSE = \sum_{i=1}^q \hat{\varepsilon}_i^2 \quad (5.3)$$

A questo punto, lo stimatore a massima verosimiglianza della varianza, che verrà poi utilizzato nel calcolo dei vari indicatori è:

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{SSE}{q} \quad (5.4)$$

Se consideriamo come parametro da stimare anche $\hat{\sigma}^2$, allora il numero di parametri totale non sarà più d , ma $K = d+1$.

Nei paragrafi seguenti vengono descritti in breve i criteri di *model selection* più utilizzati (facendo riferimento ai lavori di Corani & Gatto, 2006; Corani & Gatto, 2007), che ci permetteranno di scegliere i modelli migliori tra quelli del set ricavato alla fine del capitolo 4.

5.1.1 FPE (Akaike's Final Prediction Error)

L'FPE (Akaike, 1970) è uno dei primi criteri utilizzati per la *model selection*; esso è uno stimatore asintotico *non-biased* del valore atteso dello scarto quadratico medio di un modello lineare $\hat{y} = \hat{\beta}x$ (dove x è il vettore colonna delle variabili indipendenti) rispetto a dati futuri non noti, calcolato sotto l'ipotesi che il vero meccanismo di generazione dei dati sia quello descritto dall'equazione 5.1.

L'FPE si calcola come segue:

$$FPE = \frac{1}{q} \sum_{i=1}^q \hat{\varepsilon}_i^2 \left(\frac{1+d/q}{1-d/q} \right) \quad (5.5)$$

Dove i residui $\hat{\varepsilon}_i$ sono calcolati come alla 5.2.

La complessità ottima del modello è quella con l'FPE minimo. Le q osservazioni usate per il calcolo di questo indice sono le stesse usate per la taratura dei parametri del modello.

E' bene ricordare, che l'FPE, più di tutti gli altri criteri che vedremo, tende spesso a selezionare modelli più parametrizzati del necessario.

5.1.2 AIC (Akaike's Information Criterion)

L'AIC è un criterio che ha lo scopo di ordinare i modelli utilizzando come "distanza tra il modello e la realtà" la distanza di Kullback-Leibler. L'AIC è definito come segue:

$$AIC = -2 \log(L(\hat{\theta}|y)) + 2K \quad (5.6)$$

La funzione $L(\hat{\theta}|y)$ è chiamata funzione di massima verosimiglianza, $\hat{\theta}$ è lo stimatore di massima verosimiglianza del vettore dei parametri θ e y è il vettore delle variabili dipendenti osservate. Come si nota dalla 5.6 l'AIC utilizza la log-verosimiglianza anziché la verosimiglianza, ma questo è frequente in statistica, poiché massimizzare L o massimizzare $\ln(L)$ è del tutto equivalente e spesso utilizzare quest'ultima misura è più semplice da un punto di vista pratico.

Sotto l'ipotesi di errori normalmente distribuiti, la log-verosimiglianza dello stimatore $\hat{\theta}$ può essere approssimata a:

$$\log(L(\hat{\theta}|y)) \approx -\frac{1}{2} q \log(\hat{\sigma}^2) \quad (5.7)$$

Dove, ricordiamo, $\hat{\sigma}^2$ è lo stimatore a massima verosimiglianza della varianza, calcolato come alla 5.4.

Pertanto l'AIC può essere così calcolato:

$$AIC = q \log(\hat{\sigma}^2) + 2K \quad (5.8)$$

Il primo termine tiene conto della discrepanza tra modello e dati reali, mentre il secondo è una penalizzazione legata al numero di parametri utilizzati. Così come per l'FPE si sceglie, tra i modelli candidati, quello con l'AIC minimo.

5.1.3 AICc (Akaike's Information Criterion del secondo ordine)

Esiste un'altra versione dell'AIC, che incorpora una correzione necessaria quando si ha a che fare con piccoli dataset, in particolare laddove il rapporto q/K risulti minore di 40. Per dataset grandi questo AICc converge all'AIC classico; per questi motivi è ormai buona prassi, soprattutto in ecologia, utilizzare l'AICc al posto dell'AIC.

Sempre sotto l'ipotesi di errori normalmente distribuiti tale AICc si calcola come:

$$AICc = -2 \log(L(\hat{\theta}|y)) + 2K + \frac{2K(K+1)}{q-K-1} = AIC + \frac{2K(K+1)}{q-K-1} \quad (5.9)$$

Anche secondo questo criterio bisognerebbe scegliere il modello con il minimo AICc; tuttavia, in accordo con i risultati di Richards (2005), si utilizza spesso una regola empirica basata sul principio della parsimonia: si sceglie il modello meno complesso (cioè quello con meno parametri) tra quelli candidati che hanno un $\Delta\text{AICc} < 4$ rispetto all'AICc minimo. In pratica, si individua il modello con il più piccolo AICc, si trovano tutti i modelli il cui AICc differisce dal minimo per meno di 4 e tra questi si seleziona il modello con K minore.

L'AICc (insieme alla SRM che vedremo in seguito) è il criterio più parsimonioso tra quelli elencati e quindi seleziona raramente un modello più parametrizzato del necessario.

5.1.4. SIC (Schwartz Information Criterion)

Un altro criterio molto usato in ecologia è il SIC, chiamato anche BIC (Bayesian Information Criterion); esso, sotto l'ipotesi di errori normalmente distribuiti, è calcolato come:

$$SIC = q \log(\hat{\sigma}^2) + K \log(q) \quad (5.10)$$

A differenza dei precedenti, il SIC è un criterio che presuppone che il processo che genera i dati sia compreso nel set di modelli candidati da noi scelti. Esso è pensato per trovare il modello più probabile basato sui dati stessi: dato un set di modelli a priori e le loro probabilità a posteriori (basate sulle probabilità a priori e sulla verosimiglianza dei dati), il SIC cerca il modello la cui probabilità a posteriori tende a 1 per $q \rightarrow \infty$. Per tutti gli altri modelli tale probabilità tenderà invece a 0.

In teoria anche secondo questo criterio bisogna scegliere il modello con il minimo SIC; tuttavia, come per l'AICc, esiste una regola empirica, che prescrive di considerare anche i modelli il cui indice SIC differisce da quello minimo per meno di 2. Tra quelli che restano si sceglierà poi il modello più parsimonioso, cioè quello con meno parametri.

E' importante ricordare che il SIC, così come l'FPE, tende a selezionare spesso modelli più parametrizzati del necessario.

5.1.5 SRM (Structural Risk Minimization)

Finora i metodi che abbiamo visto per la *model selection* sono tutti appartenenti alla categoria degli Information Criteria (IC): tali criteri forniscono un'espressione per il valore asintotico della discrepanza attesa tra il modello vero sconosciuto e i modelli candidati. Come abbiamo visto, tale valore è ottenuto correggendo la performance del modello (misurata in genere tramite la log-verosimiglianza) con un termine che in qualche modo tiene conto della complessità del modello stesso e cioè del suo numero di parametri.

I limiti legati agli IC sono due: il primo riguarda proprio l'uso di argomenti asintotici, che implica la disponibilità di grandi data set, cosa poco frequente nel campo di applicazione dell'ecologia; in secondo luogo, alcuni di questi metodi presuppongono che il modello vero sottostante i dati sia compreso nel set di modelli tra cui scegliere. Tuttavia, gli IC vengono spesso utilizzati con successo anche se queste ipotesi non sono del tutto verificate.

Esiste tuttavia un'alternativa a questi criteri, rappresentata dalla *Structural Risk Minimization* (SRM), sviluppata nell'ambito della *Statistic Learning Theory* (SLT) introdotta per la prima volta da Vapnick e Chervonenkis e pertanto nota anche con il nome di VC-theory. Tale metodologia può essere utilizzata nel campo della scelta di modelli in ambito ecologico, come introdotto da Corani & Gatto (2005) e Corani & Gatto (2007).

La SLT può essere applicata sotto ipotesi molto generali ed è basata sul concetto di VC-dimension h , un indice di complessità per classi di funzioni. Tale indice è noto per funzioni lineari, per le quali è uguale al numero di parametri d ($h = d$), mentre risulta generalmente sconosciuto per funzioni non lineari: è proprio questo il maggiore limite di applicabilità della SRM.

Vediamo nel dettaglio in cosa consiste la SRM; innanzitutto è necessario avere a disposizione una serie temporale $(\mathbf{x};Y)$ dove \mathbf{x} rappresenta il vettore delle variabili

indipendenti (caratterizzato da una distribuzione di probabilità $P(\mathbf{x})$ sconosciuta), mentre Y il responso del modello. A questo punto, è necessario scegliere il modello che più si adatta alla serie temporale a disposizione. Si assume pertanto che il sistema possa essere rappresentato da una funzione sconosciuta:

$$y = g(\mathbf{x}) + \varepsilon \quad (5.11)$$

Dove ε è un rumore casuale di media zero. Lo scopo di una procedura di selezione del modello è quello di trovare la funzione $f(\mathbf{x}, \theta)$ che meglio approssimi la serie temporale di lunghezza q . Se, come di solito avviene, la qualità dell'approssimazione viene misurata attraverso l'errore quadratico, la funzione ottima è quella che minimizza il seguente *rischio atteso*:

$$R(\theta) = \int (y - f(\mathbf{x}, \theta))^2 dP(\mathbf{x}, y) \quad (5.12)$$

Dove, però, la probabilità congiunta $P(\mathbf{x}, y) = P(y/\mathbf{x})P(\mathbf{x})$ è sconosciuta. Pertanto si utilizza al posto di questa funzione, il *rischio empirico*:

$$R(\theta)_{emp} = \frac{1}{q} \sum_{i=1}^q (y_i - f(\mathbf{x}_i, \theta))^2 \quad (5.13)$$

Una volta calcolato questo rischio empirico per ogni modello, esiste un teorema della SLT che permette di individuare un limite superiore per il rischio atteso:

$$R(\theta) \leq R(\theta)_{emp} \left[1 - \sqrt{p - p \ln(p) + \frac{\ln(q)}{2q}} \right]_+^{-1} \quad (5.14)$$

Dove p rappresenta il rapporto tra la VC-dimension della funzione f e la lunghezza della serie temporale q . Questo limite superiore è definito solo per valori positivi della quantità tra parentesi quadre e viene chiamato *rischio garantito*. La disequazione 5.14 vale con probabilità pari a $\left(1 - \frac{1}{\sqrt{q}}\right)$.

Secondo questo metodo si sceglie il modello che minimizza proprio il rischio garantito, cioè la parte destra della disequazione 5.14. Pertanto, l'SRM utilizza l'approccio del caso peggiore, poiché cerca di minimizzare il rischio garantito, anziché il rischio medio.

Il valore del rischio garantito dipende in parte dal rischio empirico e quindi dalla capacità del modello di fittare i dati e in parte dalla sua VC-dimension che determina il termine di confidenza, come mostrato in Figura 5.1. Come si può notare, il rischio empirico diminuisce all'aumentare di h , poiché un modello più complesso descrive meglio la realtà e riduce i residui; al contrario l'altro termine aumenta all'aumentare di h , per tenere conto della penalizzazione dovuta all'uso di un modello più complesso.

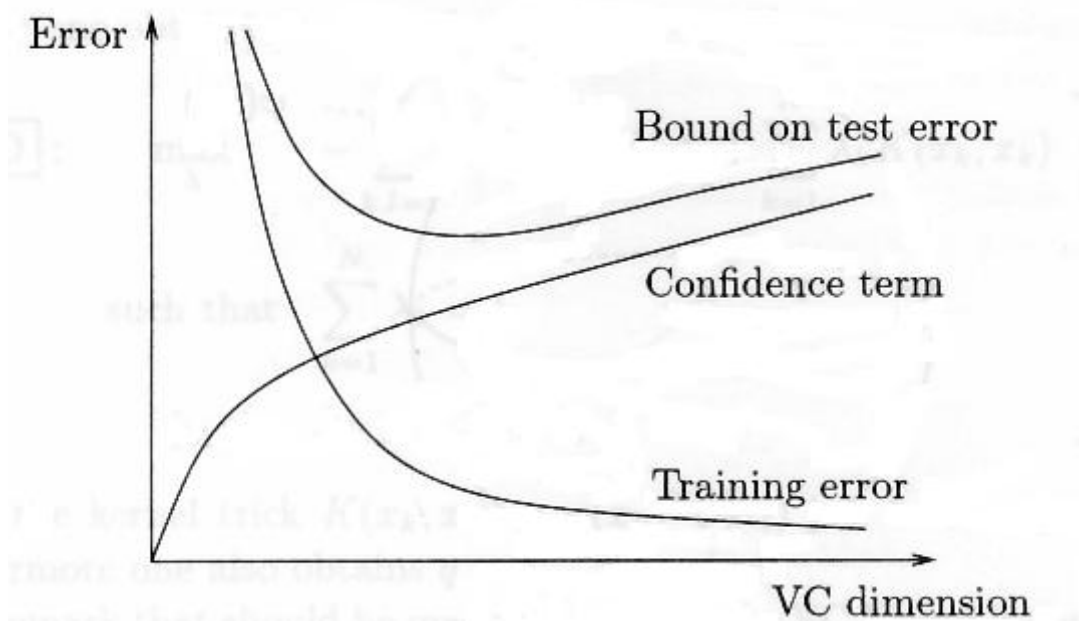


Figura 5.1 Andamento del rischio garantito (Bound on test error), del rischio empirico (Training error) e del termine di confidenza (Confidence term) in funzione della VC – dimension h .

Dai discorsi fatti finora, risulta ovvio come per la *Structural Risk Minimization* valga lo stesso discorso fatto per gli *Information Criteria* riguardo alla ricerca di un compromesso tra la complessità del modello e la sua capacità di fittare i dati. Scegliendo un modello troppo complesso si rischia di eseguire un *overfitting* cioè di seguire e memorizzare anche gli errori della serie temporale; al contrario, scegliendo un modello troppo semplificato si rischia un *underfitting*, cioè si rischia di trascurare comportamenti effettivamente importanti.

L'SRM, come già anticipato, risulta essere (insieme all'AICc) il criterio di scelta del modello più parsimonioso: raramente porta infatti alla selezione di modelli più parametrizzati del necessario.

5.2 Risultati della *model selection*

Per selezionare i modelli migliori per descrivere la dinamica di *D. sargus* nell'AMP di Torre Guaceto, abbiamo utilizzato i criteri elencati nel paragrafo precedente, con qualche adattamento che andiamo adesso a descrivere.

Innanzitutto, la selezione è stata effettuata separatamente all'interno delle famiglie di modelli strutturati per età SNN, SNB e SBB (riportate nelle Tabelle 4.3, 4.4, 4.5): in pratica il primo passo è stato quello di individuare il modello o i modelli migliori all'interno di ogni categoria. I modelli non strutturati (NS1, NS2 ed NS3) definiti nel capitolo 4, sono stati esclusi da questa procedura poiché non omogenei con quelli strutturati: risulta, infatti, impossibile calcolare gli indicatori per la *model selection* in modo che siano confrontabili tra modelli strutturati e non. Tali indicatori sono, infatti, indicatori relativi che forniscono un ordinamento tra modelli: la cosa importante perciò nel calcolarli, è che essi siano definiti in modo uguale per tutti i modelli tra cui si vuole scegliere. E' ovvio come questo sia del tutto impossibile quando si confrontano modelli non strutturati con modelli strutturati, dal momento che i primi descrivono l'andamento della sola popolazione totale, mentre i secondi l'andamento di tutte singole classi basandosi ovviamente su un numero di osservazioni maggiore. Come vedremo più avanti, sarà possibile solo a posteriori fare un confronto tra i migliori modelli strutturati selezionati con i criteri di *model selection* e i corrispondenti modelli non strutturati. Il confronto, però, può essere fatto solo dal punto di vista dell'andamento della popolazione totale, poiché i NS non danno indicazione alcuna sulle singole classi.

Altra considerazione importante riguarda, inoltre, il fatto che applicare i criteri di *model selection* per scegliere uno tra i modelli NS1, NS2 ed NS3 non risulta significativo: tali modelli, infatti, sono caratterizzati tutti dallo stesso numero di parametri, pari a 2, pertanto per determinarne il migliore è sufficiente osservarne le prestazioni in termini di

aderenza ai dati (senza considerare la penalizzazione derivante dalla parametrizzazione del modello, che, come già detto, è la stessa per tutti). Per fare ciò è sufficiente utilizzare i coefficienti R^2 delle regressioni lineari (Figura 4.1, 4.2, 4.3) e notare come, in realtà, essi non differiscano tra loro in modo rilevante: se ne può concludere che tra i modelli non strutturati non è al momento possibile propendere in favore di uno piuttosto che dell'altro.

Fatte queste osservazioni preliminari, ed esclusi momentaneamente i modelli non strutturati, non ci resta che applicare i metodi di selezione ai modelli SNN, SNB, SBB: il risultato di questa operazione sarà un elenco di modelli migliori (uno o più per ogni categoria). Da qui in seguito, per semplicità, le equazioni utilizzate faranno riferimento esclusivamente ai modelli della famiglia SNN; il procedimento risulta comunque del tutto analogo per le altre due famiglie, a patto di sostituire al numero di individui la biomassa laddove opportuno (si veda paragrafo 4.2). I risultati saranno, invece, ovviamente riportati per tutti i modelli.

Innanzitutto, i criteri di model selection visti si applicano, in genere, a modelli lineari; pertanto le equazioni del modello (4.23, 4.24, 4.25, 4.26, 4.27) sono state riscritte nella seguente forma :

$$\ln\left(\frac{n_{1,t+1}}{B_{A,t}}\right) = \ln(\sigma_0 f) - \alpha N_t \quad (5.15)$$

$$\ln\left(\frac{n_{i+1,t+1}}{n_{i,t}}\right) = \ln(\sigma_i) - \beta_i N_t \quad i=1,2,3; \quad (5.16)$$

$$\ln\left(\frac{n_{5+,t+1}}{n_{4,t}+n_{5+,t}}\right) = \ln(\sigma_4) - \beta_4 N_t \quad (5.17)$$

Le equazioni 5.16 e 5.17 sono omogenee e utilizzano il logaritmo di una quantità adimensionale, mentre la 5.15 no: vedremo in seguito come questo non sia un problema per il calcolo degli indici.

La differenza principale tra l'utilizzo classico dei criteri di *model selection* visto nel paragrafo 5.1 e il caso specifico di studio è che in quest'ultimo il modello risulta

strutturato e pertanto formato non più da un'unica equazione ma bensì da 5, una per ogni classe d'età.

Perciò, ad ogni istante di tempo l'output del processo che stiamo considerando sarà un vettore \mathbf{Y} di variabili dipendenti y_i così definite, in corrispondenza delle 5.15, 5.16, 5.17:

$$\hat{y}_1 = \ln\left(\frac{n_{1,t+1}}{B_{A,t}}\right) \quad (5.18)$$

$$\hat{y}_{i+1} = \ln\left(\frac{n_{i+1,t+1}}{n_{i,t}}\right) \quad i=1,2,3 \quad (5.19)$$

$$\hat{y}_5 = \ln\left(\frac{n_{5+,t+1}}{n_{4,t}+n_{5+,t}}\right) \quad (5.20)$$

Le osservazioni a disposizione nel caso in esame riguardano un arco temporale di 6 anni: si conoscono perciò 5 sopravvivenze osservate per ogni classe d'età, per un totale di 25 osservazioni. E' proprio sulla base di queste 25 osservazioni che i parametri dei modelli sono stati tarati nel capitolo 4 e su di esse verranno calcolati gli indici per la *model selection*.

Per aggregare le informazioni relative ad ogni classe d'età e giungere quindi ad un unico indicatore per ogni modello strutturato, nel calcolo di $\hat{\sigma}^2$ (equazione 5.4) si è considerato un numero di osservazioni q pari a 25 e SSE è stato calcolato come segue:

$$SSE = \sum_{i=1}^5 \sum_{t=1}^5 \varepsilon_{i,t}^2 = \sum_{i=1}^5 \sum_{t=1}^5 (y_{i,t} - \hat{y}_{i,t}) \quad (5.21)$$

dove i rappresenta l'indice della classe d'età, mentre t l'indice temporale: entrambi vanno da 1 a 5 poiché sia le classi d'età, sia le osservazioni a disposizione per ogni classe sono 5. In pratica siamo andati a sommare i residui relativi a tutte le classi d'età in modo da ottenere un unico valore di SSE , sulla base del quale è stato calcolato $\hat{\sigma}^2$ (come alla 5.4). Una volta ottenuto $\hat{\sigma}^2$, esso è stato sostituito nelle 5.5, 5.8, 5.9 e 5.10 per calcolare gli indicatori.

Come abbiamo già anticipato, la variabile dipendente y_1 è disomogenea rispetto alle altre, poiché il suo logaritmo contiene a denominatore la biomassa degli individui adulti.

Per questo motivo il valore di tale variabile cambia a seconda dell'unità di misura in cui si esprime la biomassa; questo però non è un problema dal punto di vista dell'ordinamento dei modelli, purché la si esprima sempre allo stesso modo per tutti i modelli tra cui scegliere, così da ricavarne indicatori confrontabili tra loro. Questo concetto è fondamentale da ricordare: quando si usano i metodi di *model selection*, infatti, non è tanto importante come si ricavano gli indicatori, quanto il fatto di calcolarli tutti con lo stesso identico procedimento. Tali indicatori sono infatti relativi e non assoluti: non esistono dei valori standard assoluti in base a cui scegliere i modelli, quello che conta è solo l'ordinamento che si genera tra i modelli stessi. Tornando alla nostra variabile dipendente y_t , essa è stata calcolata nel presente lavoro con la biomassa degli adulti a denominatore espressa in $\text{kg}/125\text{m}^2$, il che ha fatto sì che i suoi valori non differiscano come ordine di grandezza da quelli delle altre variabili dipendenti.

Prima di riportare i risultati ottenuti per la *model selection*, è necessario fare ancora una precisazione. I modelli strutturati forniscono ovviamente, oltre all'andamento delle singole classi d'età, anche l'andamento della popolazione totale: per ottenerlo è sufficiente, infatti, sommare in ogni istante di tempo il contributo delle diverse classi ottenendo così una numerosità totale stimata \hat{N}_t . Si potrebbe allora pensare di calcolare gli indicatori per la scelta del modello sui logaritmi dei tassi di crescita della popolazione totale, ricavando SSE come:

$$SSE = \sum_{t=1}^5 (Y_t - \hat{Y}_t) = \sum_{t=1}^5 \left(\ln \left(\frac{N_{t+1}}{N_t} \right) - \ln \left(\frac{\hat{N}_{t+1}}{N_t} \right) \right) \quad (5.22)$$

Questa strada non può, però, essere seguita, dal momento che il numero di osservazioni usate per calcolare gli indici (5 osservazioni sulla popolazione totale) sarebbe diverso dal numero di osservazioni usate per tarare i parametri (25 osservazioni sulle varie classi d'età). Molti modelli risulterebbero in questo modo apparentemente sovraparametrizzati, anche quando in realtà non lo sono.

Nelle Tabelle 5.1, 5.2 e 5.3 vengono riportati i risultati della *model selection* per le tre famiglie di modelli SNN, SNB e SBB. Gli indicatori sono stati calcolati in previsione ad un passo e non in simulazione, onde evitare una distorsione dei risultati dovuta alla scelta della condizione iniziale di simulazione. La ricostruzione delle condizioni iniziali

risulta, infatti, piuttosto complessa; si potrebbe pensare di inserire come condizione iniziale il primo anno di dati rilevati (2004), ma così facendo si andrebbe ad attribuire a tali dati un'importanza maggiore rispetto agli altri pur senza un valido motivo. L'uso in previsione permette proprio di evitare questo problema: in ogni istante, infatti, il modello viene alimentato con i dati rilevati al tempo precedente, anziché con l'uscita precedente del modello stesso.

Per selezionare il modello/i modelli migliori (evidenziati in rosso nelle Tabelle) siamo andati ad osservare i valori degli indicatori FPE, AICc, SIC ed SRM. L'AIC è stato escluso, in quanto è ormai buona norma nelle applicazioni ecologiche non considerarlo, ma tenere come suo sostituto AICc, più adatto per dataset di dimensioni ridotte.

Tabella 5.1 Valori degli indicatori di *model selection* per i modelli della categoria SNN. In rosso è evidenziato il modello "vincitore" e gli indicatori su cui si basa tale scelta.

Modello	n° parametri	FPE	AIC	AICc	SIC	SRM
SNN8	2	0,4258	-19,3525	-18,2097	-15,6959	0,8817
SNN11	3	0,2247	-35,3544	-33,3544	-30,4789	0,523
SNN12	4	0,112	-50,6526	-47,4947	-44,5582	0,315
SNN_DI2	3	0,9563	0,8545	2,8545	5,73	2,2259
SNN_DI4	1	1,1501	5,4952	6,0406	7,9329	2,0528

Tabella 5.2 Valori degli indicatori di *model selection* per i modelli della categoria SNB. In rosso è evidenziato il modello "vincitore" e gli indicatori su cui si basa tale scelta.

Modello	n° parametri	FPE	AIC	AICc	SIC	SRM
SNB8	2	0,427	-19,2855	-18,1426	-15,6288	0,884
SNB11	3	0,2259	-35,2468	-33,2168	-30,3413	0,5259
SNB12	4	0,1234	-50,3785	-47,2206	-44,2841	0,3185
SNB_DI2	3	0,9559	0,8443	2,8443	5,7198	2,225
SNB_DI4	1	1,1501	5,4952	6,0406	7,9329	2,0528

Tabella 5.3 Valori degli indicatori di *model selection* per i modelli della categoria SBB. In rosso è evidenziato il modello "vincitore" e gli indicatori su cui si basa tale scelta.

Modello	n° parametri	FPE	AIC	AICc	SIC	SRM
SBB8	2	1,2038	6,6281	7,7709	10,2847	2,4925
SBB11	3	0,4294	-19,1615	-17,1615	-14,286	0,9995
SBB12	5	0,1191	-51,3414	-46,6747	-44,0282	0,3387
SBB_DI4	1	1,8713	17,6641	18,2096	20,1019	3,34

La prima considerazione che emerge osservando le tabelle è il divario molto significativo che si può osservare tra i modelli con dipendenza da densità e quelli senza (DI): questi ultimi, secondo i criteri di *model selection*, non risultano affatto competitivi con i primi, evidentemente perché la diminuzione di parametri (derivante dall'imposizione dei β_i nulli) non bilancia la forte perdita in termini di prestazioni.

Osservando le Tabelle 5.1, 5.2 e 5.3 inoltre, si nota come tutti gli indicatori considerati siano concordi nel selezionare rispettivamente i modelli SNN12, SNB12 e SBB12. Tali modelli, lo ricordiamo, hanno le seguenti caratteristiche:

- i coefficienti α e β_i sono uguali per tutte le classi d'età
- i coefficienti σ_i sono uguali per $i = 1, 3, 4$ nel caso di SNN12 ed SNB12, mentre sono uguali per $i = 1, 2$ nel caso di SBB12.

Pertanto, questi modelli descrivono una popolazione in cui l'intensità della dipendenza da densità è la medesima per tutte le classi d'età, compresa l'equazione stock-reclutamento. Nel caso dei modelli SNN12 ed SNB12, inoltre, i passaggi tra classe 1 e 2, 3 e 4, 4 e 5+ risultano caratterizzati dalla stessa sopravvivenza di base, mentre il passaggio da classe 2 a 3 ha una sopravvivenza diversa, in particolare maggiore delle altre. Questo significa che, per qualche motivo ancora da determinare, gli individui di 2 anni soffrono di una mortalità minore oppure immigrano maggiormente all'interno dell'AMP rispetto a quelli delle altre classi. Il discorso risulta, invece, più complesso per il modello SBB12, poiché il parametro σ tiene conto in qualche modo sia della

sopravvivenza da una classe alla successiva sia dell'accrescimento in termini di biomassa; non è perciò possibile fare un discorso analogo a quello appena fatto per i modelli SNN12 ed SNB12.

Arrivati a questo punto siamo riusciti a selezionare 3 tra i numerosi modelli da cui eravamo partiti, uno per ogni categoria. Si noti come, formalmente, sarebbe possibile confrontare gli indicatori dei modelli SNN12 ed SNB12 per sceglierne uno solo dei due, poiché tali indicatori sono stati calcolati allo stesso modo e cioè utilizzando come variabile dipendente y la seguente:

$$y_{i+1} = \ln\left(\frac{n_{i+1,t+1}}{n_{i,t}}\right) \quad (5.23)$$

Purtroppo le prestazioni di SNN12 ed SNB12 in termini di *model selection* non differiscono in modo significativo ed è pertanto impossibile, con i dati a disposizione, sceglierne uno solo.

Per quanto concerne il modello SBB12, invece, esso non è confrontabile con gli altri due per motivi strutturali, poiché la variabile dipendente in base alla quale sono stati calcolati gli indici è definita in modo diverso, utilizzando cioè il rapporto tra biomasse, anziché quello tra numero di individui:

$$y_{i+1} = \ln\left(\frac{b_{i+1,t+1}}{b_{i,t}}\right) \quad (5.24)$$

In conclusione, in base alla *model selection* effettuata, possiamo dire che i modelli che meglio descrivono i dati a disposizione per la popolazione di *D. sargus* nell'AMP di Torre Guaceto sono i modelli SNN12, SNB12, SBB12 (per i valori dei coefficienti si vedano le Tabelle 4.3, 4.4, 4.5).

A questo punto non ci resta che confrontare in qualche modo la prestazione di questi modelli con quella dei modelli Non Strutturati per quanto concerne l'andamento della popolazione totale. Come già detto in precedenza, qualunque altro tipo di confronto tra questi modelli non omogenei tra loro risulta impossibile.

5.3 Confronto tra modelli strutturati e non strutturati

Per i Modelli Non Strutturati NS1, NS2, NS3 le prestazioni erano già state valutate in termini di coefficiente R^2 delle regressioni lineari nei logaritmi dei tassi di crescita della popolazione totale (si veda il capitolo 4). Lo stesso coefficiente può essere calcolato anche per i modelli strutturati selezionati come migliori al paragrafo precedente. Per fare ciò basta, infatti, calcolare ad ogni istante di tempo la popolazione totale stimata come somma dei contributi delle singole classi d'età descritte dai modelli strutturati ($\hat{n}_{i,t+1}$):

$$\hat{N}_{t+1} = \hat{n}_{1,t+1} + \hat{n}_{2,t+1} + \hat{n}_{3,t+1} + \hat{n}_{4,t+1} + \hat{n}_{5,t+1} \quad (5.25)$$

A questo punto, si utilizzano le equazioni 4.11, 4.12 e 4.13 per ricavare i valori di R^2 e confrontarli con quelli dei modelli strutturati (Tabella 5.4).

Tabella 5.4 Valori dei coefficienti R^2 per i modelli non strutturati e i corrispondenti modelli strutturati migliori.

Modello	R^2
NS1	0,9959
SNN12	0,9933
NS2	0,9752
SNB12	0,983
NS3	0,9883
SBB12	0,9789

Dalla Tabella 5.4 si nota come i modelli strutturati offrano, in termini di descrizione dell'andamento della popolazione totale, prestazioni analoghe a quelle dei modelli Non Strutturati; addirittura il modello SNB12 ha un R^2 maggiore rispetto a quello del corrispondente modello non strutturato (NS2). Si può concludere, pertanto, che, in base

ai dati a disposizione per l'AMP di Torre Guaceto, i modelli migliori sono SNN12, SNB12 ed SBB12, in quanto rappresentano con buona approssimazione la popolazione nel suo complesso e forniscono molte informazioni in più rispetto ai semplici modelli NS, poiché descrivono anche l'andamento delle singole classi. Quest'ultimo aspetto non deve essere assolutamente sottovalutato: possedere, infatti, informazioni relative ad ogni classe d'età è molto significativo e ci permette di valutare a fondo lo stato di salute della popolazione e di gestirla al meglio. Il dato sulla numerosità totale può essere di per sé fuorviante, se non sappiamo come questa popolazione è distribuita. A parità di numero di individui totale, infatti, una popolazione con molti esemplari giovani e pochissimi adulti maturi avrà uno stato di salute assolutamente diverso rispetto ad un'altra popolazione in cui il numero di giovani e adulti risulti più omogeneo. Queste considerazioni sono fondamentali per la valutazione e la gestione della popolazione di *D. sargus* nell'AMP e verranno pertanto riprese anche nel capitolo conclusivo.

5.4 Simulazione

Noi finora abbiamo selezionato i modelli migliori tra quelli candidati, utilizzandoli tutti in previsione, cioè in simulazione ad un passo. Così facendo, ad ogni passo temporale, i modelli sono stati alimentati dai dati osservati all'istante precedente, anziché dall'uscita precedente fornita dal modello. E' interessante a questo punto, vedere cosa succede in simulazione, almeno per quanto riguarda i modelli selezionati come migliori; in particolare, ci soffermeremo in questo paragrafo sulla simulazione del modello SNN12. Per fare ciò, si assegnano delle condizioni iniziali e ad ogni istante di tempo il modello calcola la numerosità stimata ($\hat{n}_{i,t+1}$) delle singole classi come segue:

$$\hat{n}_{1,t+1} = \sigma_0 f \hat{B}_{A,t} e^{-\alpha \hat{N}_t} \quad (5.26)$$

$$\hat{n}_{2,t+1} = \sigma_1 \hat{n}_{1,t} e^{-\beta_1 \hat{N}_t} \quad (5.27)$$

$$\hat{n}_{3,t+1} = \sigma_2 \hat{n}_{2,t} e^{-\beta_2 \hat{N}_t} \quad (5.28)$$

$$\hat{n}_{4,t+1} = \sigma_3 \hat{n}_{3,t} e^{-\beta_3 \hat{N}_t} \quad (5.29)$$

$$\hat{n}_{5+,t+1} = \sigma_4(\hat{n}_{4,t} + \hat{n}_{5+,t})e^{-\beta_4 N_t} \quad (5.30)$$

La numerosità totale stimata sarà calcolata come alle 5.25; per calcolare, invece, la biomassa degli adulti necessaria per la prima equazione, si moltiplica il vettore \hat{n}_t per il peso medio di ogni classe d'età: in questo modo si passa dal numero di individui di ogni classe d'età alla loro biomassa. I pesi sono ricavati dall'equazione 3.2.

Il primo tipo di simulazione che è stata eseguita è di tipo deterministico: siamo andati cioè ad indagare il comportamento di lungo periodo della popolazione descritta dal modello, in assenza di disturbi e di incertezze sui parametri. Avendo a che fare con un modello di tipo Ricker i comportamenti possibili sono molteplici e variano in funzione dei valori attribuiti ai parametri: si potrebbero pertanto osservare nel lungo periodo condizioni di equilibrio, oppure condizioni cicliche di periodo diverso oppure ancora condizioni di caos deterministico. Nel nostro caso, la simulazione deterministica porta all'andamento osservabile in Figura 5.2.

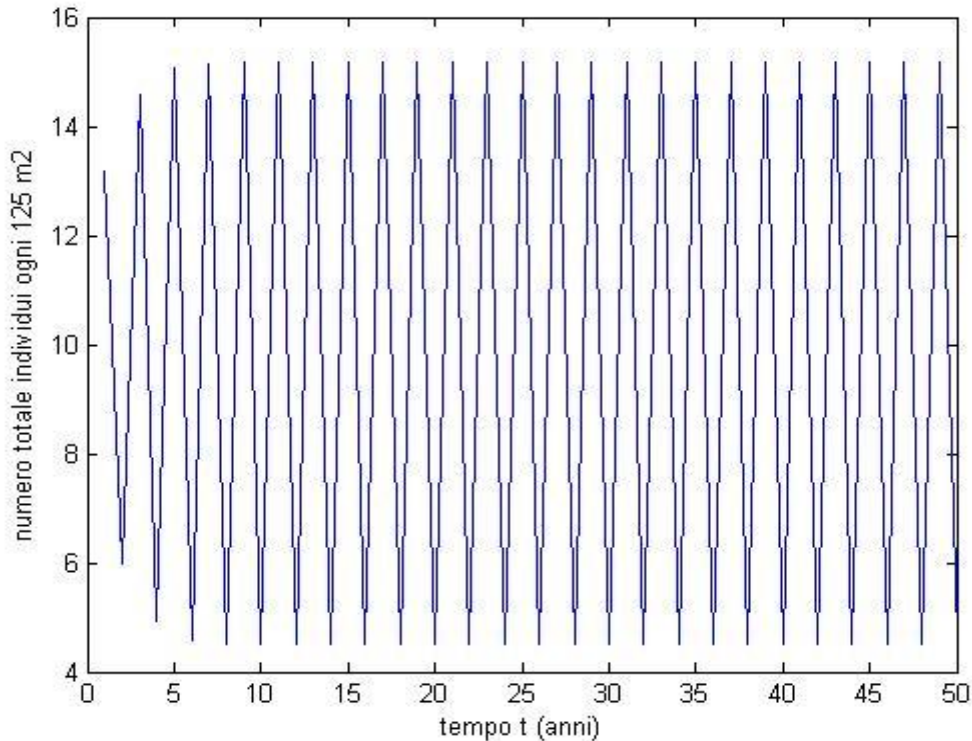


Figura 5.2 Andamento della popolazione totale [n° individui ogni 125 m²] nel tempo in corrispondenza di simulazione deterministica del modello SNN12.

La popolazione totale, dopo un breve transitorio di circa 10 anni, si assesta su un ciclo di periodo 2 indipendentemente dalle condizioni iniziali, oscillando tra due valori rispettivamente pari a 15,17 e 4,49 individui/125m² (cioè 0,12 e 0,04 individui/m²).

A questo punto, è bene sottolineare, come anche i modelli NS, se simulati in modo deterministico analogamente a quanto fatto per il modello SNN12, portano la popolazione ad un comportamento ciclico sempre di periodo 2, con oscillazioni tra valori non significativamente diversi da quelli appena ottenuti. Come già ribadito più volte in precedenza, però, lasceremo da parte questi modelli nella presente analisi, poiché offrono molte meno informazioni rispetto a quelli strutturati, a parità di prestazioni sulla popolazione totale (si veda a tal proposito la Tabella 5.4).

La simulazione riportata in Figura 5.2 è una simulazione deterministica che si basa sui valori dei parametri ottenuti tramite taratura ai minimi quadrati. A tal proposito, è interessante chiedersi quanto l'incertezza associata alla stima dei parametri possa influire sul comportamento previsto del sistema: il comportamento del sistema rimarrà lo stesso oppure cambierà? E' opportuno, perciò, effettuare una semplice analisi di sensitività, facendo variare il valore dei parametri e osservando come cambia conseguentemente la dinamica qualitativa del sistema. E' possibile, infatti, che il vettore dei parametri stimato sia in un punto dello spazio dei parametri vicino ad una biforcazione: se così fosse, anche per una piccola variazione dei parametri stessi si potrebbe avere un cambiamento consistente nel comportamento della popolazione a regime (per esempio il sistema potrebbe tendere ad un andamento più semplice, come un equilibrio, oppure ad uno più complesso, come un ciclo di periodo 4). Nel caso del modello di Ricker classico non strutturato, solitamente, si va ad indagare cosa succede al variare del parametro σ per β fissato; il caso di studio è però più complesso, in quanto il modello in esame è strutturato per classi d'età: risulta pertanto troppo complicato andare ad osservare il comportamento al variare di ogni singolo parametro, poiché il numero di parametri è piuttosto elevato. Pertanto in questa fase, si è scelto di eseguire molteplici simulazioni facendo variare contemporaneamente tutti i parametri all'interno del range di incertezza associato ad ognuno, con il solo scopo di verificare o meno la vicinanza ad una biforcazione. In futuro, ci si riserva comunque la possibilità di

approfondire questa analisi di sensitività, per valutare in dettaglio l'influenza dei singoli parametri del modello.

Per eseguire l'analisi di sensitività sono state condotte molteplici simulazioni, ogni volta estraendo casualmente i valori del set parametri dalla distribuzione di probabilità (supposta gaussiana) dei parametri stessi. Come già detto in precedenza, infatti, le equazioni dei modelli erano state tarate mediante ANCOVA effettuata con il software Matlab; tale analisi fornisce come output, oltre alla stima dei parametri, anche la loro deviazione standard, che ci permette quindi di conoscere la distribuzione di probabilità dei parametri stessi. In particolare, la regressione lineare era stata fatta sui logaritmi delle sopravvivenze (si veda il capitolo 4), pertanto i parametri, di cui si conosce la deviazione standard, sono $\ln(\sigma_i)$ e β .

In Figura 5.3 viene riportato l'andamento medio della popolazione totale sulle simulazioni effettuate con i relativi intervalli di confidenza (5° percentile e 95° percentile).

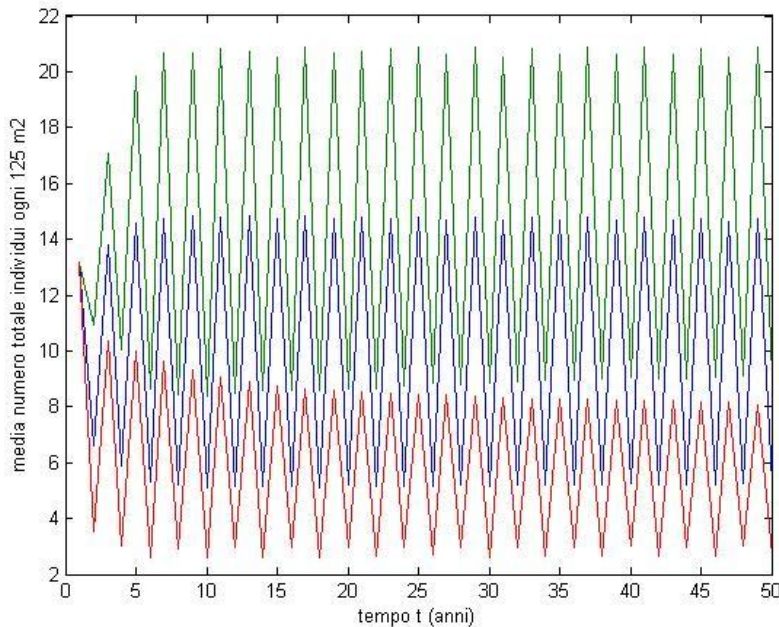


Figura 5.3 Andamento della popolazione totale [n° individui/125 m²] per 1000 simulazioni; in blu è riportata la media delle simulazioni, in verde il 95° percentile e in rosso il 5° percentile

Dalla Figura 5.3 si può osservare come gli intervalli di confidenza siano relativamente ristretti: ciò suggerisce che la dinamica della popolazione non sia particolarmente sensibile all'incertezza associata alla stima dei parametri. Per confermare questa ipotesi, però, non basta osservare il grafico, di per sé poco significativo: è necessario verificare l'andamento effettivo delle traiettorie delle singole simulazioni. Non è possibile includere in questa sede un grafico che le comprenda tutte, per motivi di leggibilità del grafico stesso: ci si limita pertanto a riportare i risultati principali osservati.

Innanzitutto la popolazione non esplode né collassa per alcun valore del vettore dei parametri, come già ci aspettavamo. D'altra parte, si osservano comportamenti particolari, differenti dal ciclo di periodo 2 osservato in Figura 5.2. In particolare un buon 5% delle traiettorie simulate tende, dopo un transitorio in cui le oscillazioni si smorzano lentamente, ad un equilibrio puntuale, come mostrato a titolo esemplificativo in Figura 5.4. Il transitorio, in particolare, risulta significativamente più lungo rispetto a quello osservato in Figura 5.2.

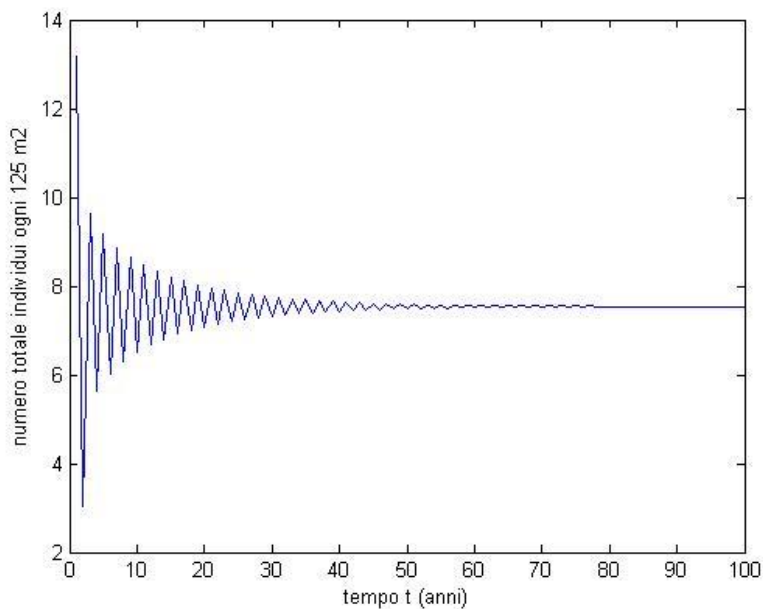


Figura 5.4 Andamento della popolazione totale [n° individui/125 m²] per simulazione deterministica. Il sistema tende ad un equilibrio costante.

Analizzando tutte le traiettorie e ripetendo più volte le simulazioni, i comportamenti che si osservano più spesso sono proprio il ciclo di periodo 2 e l'equilibrio. Raramente il sistema tende ad un regime diverso: in alcuni casi molto poco frequenti, si osservano però traiettorie più complesse. In particolare, come si può osservare in Figura 5.5, il sistema può assestarsi, dopo un breve transitorio, su un andamento ciclico di periodo 4.

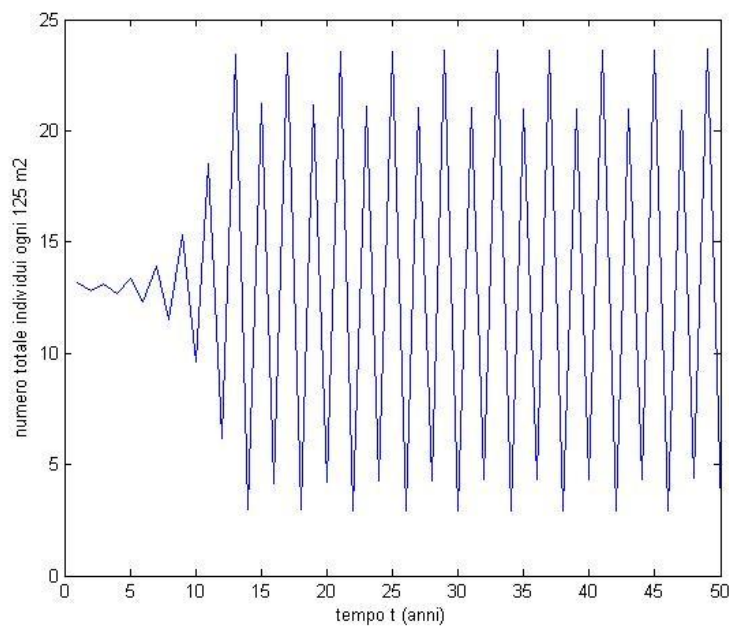


Figura 5.5 Andamento della popolazione totale [n° individui/125 m²] per simulazione deterministica. Il sistema tende ad un regime ciclico di periodo 4.

In conclusione possiamo quindi dedurre che il vettore dei parametri stimati per il modello SNN12 si trova in un punto dello spazio dei parametri vicino alle biforcazioni tra equilibrio e ciclo di periodo 2 e tra ciclo di periodo 2 e ciclo di periodo 4. Come già accennato, non ci soffermeremo ad indagare quali siano i parametri che provocano questa variazione nel comportamento del sistema, data la complessità del problema. E' comunque importante ricordare che, in base ai parametri da noi stimati e alla loro deviazione standard, il comportamento ciclico di periodo 2 può risultare non robusto.

Un ulteriore tipo di simulazione che può essere condotta è una simulazione di tipo stocastico, in cui però il valore del vettore dei parametri risulta fissato in modo univoco

(in particolare facendo riferimento alla Tabella 4.2). In questo caso le singole equazioni del modello in termini logaritmici saranno così riscritte:

$$\ln\left(\frac{n_{i+1,t+1}}{n_{i,t}}\right) = \ln(\sigma_i) - \beta_i N_t + \varepsilon_t \quad (5.31)$$

dove ε non rappresenta altro che il residuo del modello (calcolato come alla 5.2) e può essere ragionevolmente considerato un rumore normalmente distribuito:

$$\varepsilon \sim N(0, \sigma_\varepsilon) \quad (5.32)$$

La deviazione standard σ_ε è a noi nota, poiché i residui ε li abbiamo già calcolati per tutti i modelli in fase di *model selection* (si veda il paragrafo 5.2). Pertanto per simulare il modello SNN12 in modo stocastico, basta riscrivere la 5.31 come segue:

$$n_{i+1,t+1} = \sigma_i n_{i,t} e^{-\beta_i N_t} e^{\varepsilon_t} \quad (5.33)$$

dove il rumore additivo della 5.31 è diventato un rumore moltiplicativo log-normale, poiché siamo passati dai logaritmi delle sopravvivenze alla numerosità della singola classe d'età.

Da una simulazione di questo tipo, non ci si aspetta più un comportamento ben definito a regime, poiché in ogni istante di tempo al responso deterministico del modello viene aggiunto un rumore casuale; pertanto ci si aspetta che il modello continui ad inseguire una condizione a regime a cui però non arriva mai. Una traiettoria esemplificativa di questo tipo di simulazione è riportata in Fig. 5.6. In essa, le oscillazioni della popolazione totale sono determinate in parte dagli andamenti a cui il sistema tende nel caso deterministico (equilibrio, ciclo di periodo 2 e 4) e in parte dal rumore ε . In Figura 5.7, vengono invece riportate la media e l'intervallo di confidenza (5° percentile e 95° percentile) su 10.000 simulazioni stocastiche effettuate. Ciò che si può notare è che la dimensione media della popolazione oscilla fortemente per un transitorio più lungo rispetto a quelli osservati in precedenza: verosimilmente questo è da imputare proprio all'effetto del rumore ε . Inoltre, osservando i limiti dell'intervallo di confidenza, ci si accorge che la popolazione rimane sempre contenuta entro valori simili a quelli ottenuti

finora: pertanto nella maggior parte dei casi, non andrà incontro né all'estinzione né all'esplosione.

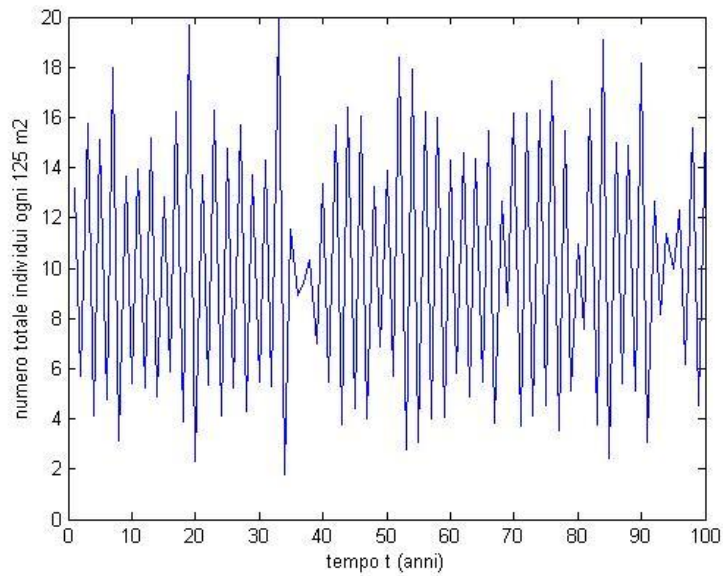


Figura 5.6 Andamento della popolazione totale [n° individui/125m²] in corrispondenza di una simulazione stocastica.

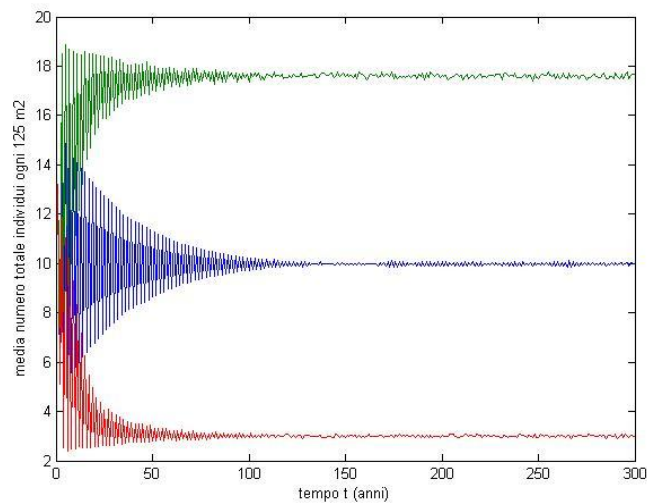


Figura 5.7 Andamento della popolazione totale [n° individui/125 m²] in corrispondenza di 10.000 simulazioni stocastiche; in blu è riportata la media, in rosso il 5° percentile e in verde il 95° percentile.

In conclusione, per quanto concerne il comportamento del modello SNN12 in simulazione, possiamo dire che il sistema tende nel caso deterministico ad un ciclo di periodo 2; è bene tener presente, però, che questo comportamento non è particolarmente robusto se si esegue un'analisi di sensitività su tutti i parametri e che, in particolar modo, la popolazione potrebbe, con probabilità non trascurabile, tendere invece ad un equilibrio. E' inoltre possibile, anche se molto meno probabile, che il sistema si assesti su un ciclo di periodo 4. Lo scenario che, invece, si può escludere in base all'analisi di sensitività e alle simulazioni stocastiche effettuate, è quello in cui la popolazione collassa verso l'estinzione.

A conclusione di quanto detto finora si può dire che i risultati delle simulazioni deterministiche, sia dei modelli strutturati che di quelli non strutturati, si sposano molto bene con l'andamento dei dati a nostra disposizione; infatti, tornando alle analisi preliminari svolte, già in Figura 3.4 si poteva osservare un andamento oscillatorio della popolazione totale all'interno dell'AMP. In quest'ultimo caso, ovviamente, l'andamento si presentava più irregolare a causa degli errori che affliggono la raccolta dei dati e del fatto che si stia considerando un processo reale e non uno simulato in modo deterministico. In ogni caso, il responso del modello appare verosimile considerando i dati a disposizione; anzi si sarebbe portati addirittura a dire che la popolazione osservata segua con buona approssimazione proprio il ciclo di periodo 2 descritto dal modello. Per avere conferma di ciò, basta osservare il grafico riportato in Figura 5.8, in cui vengono confrontati i dati sperimentali con le traiettorie previste dai modelli SNN12 ed NS1 a regime. In particolare, queste ultime due traiettorie risultano evidentemente sovrapposte l'una all'altra poiché non c'è differenza significativa tra i due modelli. Questa può essere un'ulteriore riconferma del fatto che vale la pena utilizzare i modelli strutturati, poiché descrivono la popolazione totale allo stesso modo di quelli non strutturati, ma contemporaneamente forniscono molte altre informazioni sulle singole classi d'età. Sempre osservando il grafico, si noti come l'andamento delle traiettorie simulate sia molto vicino ai dati effettivamente rilevati nell'AMP.

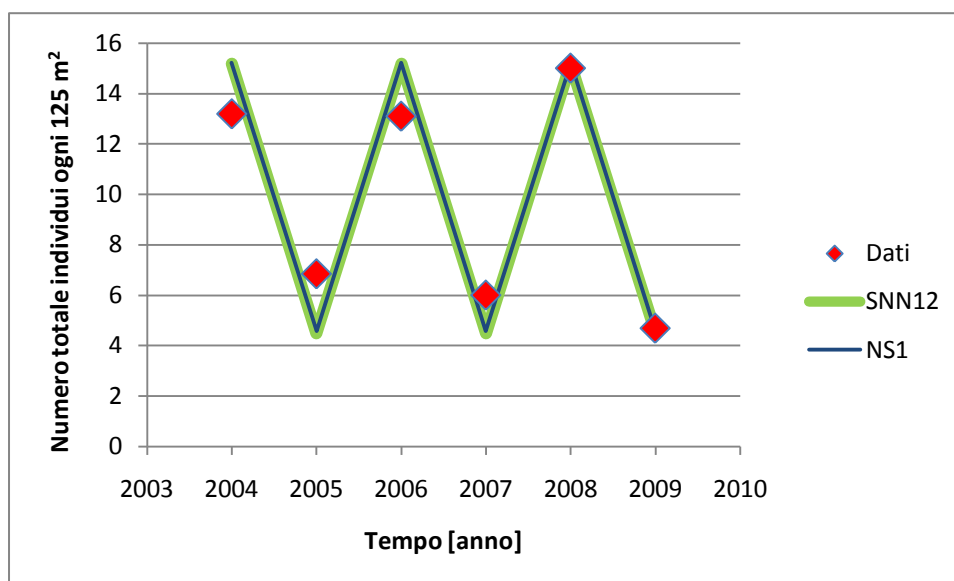


Figura 5.8 Andamento dei dati raccolti all'interno dell'AMP e delle traiettorie a regime dei modelli SNN12 ed NS1.

CONCLUSIONI

6.1 Principali risultati ottenuti

I risultati del presente lavoro forniscono innanzitutto una conferma dell'efficacia delle Aree Marine Protette, già documentata in letteratura (Sala, 1997; Lenfant, 2003; Hereu *et al.*, 2004; Guidetti, 2006; Guidetti & Dulcic, 2006; Guidetti *et. al.*, 2008). Grazie ai dati disponibili per la popolazione di *D. sargus* nell'AMP di Torre Guaceto è stato, infatti, possibile evidenziare una netta differenza tra zona protetta e zona non protetta, sia in termini di densità registrate sia in termini di distribuzione di taglia osservata. Laddove la pesca è vietata il numero di individui avvistati è sensibilmente maggiore, soprattutto per quanto concerne gli individui di grandi dimensioni; questi ultimi sono, invece, quasi totalmente assenti all'esterno dell'area protetta, poiché rappresentano il principale bersaglio dell'attività di pesca.

Oltre a queste considerazioni di carattere più generale, il lavoro svolto ha consentito di ricavare informazioni molto interessanti relativamente al caso di studio specifico; in particolar modo si è osservata una sostanziale omogeneità per quanto riguarda le densità osservate nella zona A dell'Area Marina Protetta, contrapposta, invece, ad una significativa disomogeneità nell'area esterna. In quest'ultima, infatti, i campioni delle 2 zone, una a nord ed una a sud dell'AMP, evidenziano differenze reciproche in termini di numerosità degli avvistamenti. Si può verosimilmente ipotizzare che questa diversità sia legata a fenomeni di *spillover*, cioè di migrazione di esemplari dalla zona protetta verso

l'esterno: questi movimenti, infatti, sarebbero influenzati dalle correnti presenti nell'area in esame che tenderebbero quindi a condurre gli individui a nord o a sud in misura differente. Ovviamente, allo stato attuale, questa spiegazione rappresenta solo un'ipotesi, che potrà essere confermata o meno in futuro grazie allo studio delle correnti e dei movimenti migratori nell'area esaminata.

Gli altri risultati importanti che emergono dal lavoro riguardano la dinamica demografica di *D. sargus*, argomento sicuramente meno trattato finora in letteratura rispetto a quelli citati in precedenza.

In base alle analisi svolte sui dati a nostra disposizione, la dinamica della popolazione di sarago maggiore presente all'interno dell'Area Marina Protetta di Torre Guaceto è ben descritta da una serie di modelli alternativi, tutti di tipo Ricker, cioè con fenomeni di competizione intraspecifica che si traducono in una dinamica con dipendenza da densità. Verosimilmente ci si sarebbe aspettati che tale competizione dipendesse dalla biomassa degli individui presenti, cioè, in pratica, che individui più grandi avessero un peso maggiore nella competizione; è stato invece possibile scrivere un set di modelli (NS1 e i modelli strutturati della serie SNN) le cui performance sono del tutto paragonabili a quelle dei modelli in cui la competizione dipende dalla biomassa, ma nei quali tale competizione dipende dal numero di individui. In quest'ultimo caso, pertanto, esemplari di taglia diversa contribuiscono allo stesso modo ai fenomeni di dipendenza da densità. Il set di modelli finale, cui si è giunti dopo la fase di *model selection*, comprende 3 modelli non strutturati (NS1, NS2, NS3) e 3 modelli strutturati in classi d'età (SNN12, SNB12 ed SBB12). Nonostante l'impossibilità di confrontare modelli strutturati e non, data la loro forma non omogenea, i primi sono stati ritenuti ragionevolmente più completi e più informativi dei secondi, poiché, a parità di prestazioni sulla descrizione della popolazione totale, essi descrivono anche l'andamento delle singole classi d'età. Come già anticipato all'interno del capitolo 5, questo aspetto è molto importante, poiché per analizzare e gestire una popolazione in modo ottimale è opportuno conoscere non solo la sua numerosità totale, ma anche la sua distribuzione in classi d'età.

Molto interessante, a questo proposito, è stato notare come i fenomeni di dipendenza da densità non determinino solamente l'andamento della popolazione nel suo complesso, ma anche quello delle singole classi d'età, ognuna delle quali è descritta, infatti, da

un'equazione di tipo Ricker. Ancor più significativo è il risultato della *model selection*: tra tutti i modelli strutturati, i 3 modelli “vincitori” (SNN12, SNB12 ed SBB12) hanno lo stesso esponente β (che rappresenta l'intensità della dipendenza da densità) per tutte le equazioni, compresa quella di stock-reclutamento. Questo significa sostanzialmente che la legge che lega la sopravvivenza annuale con la densità della popolazione conserva lo stesso parametro lungo tutte le fasi del ciclo di vita di *D. sargus*.

Alternativamente, si potrebbe pensare che, negli anni in cui la popolazione era molto numerosa all'interno dell'AMP, essa sia risultata decimata l'anno successivo, a causa non di fenomeni di dipendenza da densità, ma di una qualche variabile ambientale di cui al momento non si conosce la natura. Tale variabile ambientale, dato che i β dei modelli strutturati sono tutti uguali, dovrebbe avere lo stesso effetto su ogni classe d'età della popolazione. Naturalmente, questa interpretazione è solo un'ipotesi al momento, poiché non si hanno conoscenze riguardo a variabili ambientali che potrebbero determinare l'andamento osservato. Pertanto, allo stato attuale, la spiegazione più accreditata rimane quella legata a fenomeni di dipendenza da densità che agiscono con la stessa intensità su tutte le classi.

Per quanto riguarda, invece, i parametri σ_i delle equazioni dei modelli strutturati, essi rappresentano:

- per i modelli SNN ed SNB: la sopravvivenza da una classe alla successiva più un termine migratorio tra esterno ed interno dell'AMP;
- per i modelli SBB: la sopravvivenza da una classe alla successiva, ma anche la crescita in termini di biomassa degli individui sopravvissuti, più il solito termine migratorio tra esterno ed interno dell'AMP.

Pertanto, il discorso sui modelli della serie SBB risulta piuttosto complesso, dal momento che bisognerebbe separare il contributo della sopravvivenza da quello della crescita dimensionale degli individui. Al contrario, è stato più semplice riflettere sui valori assunti dai parametri σ_i per i modelli SNN ed SNB. Nei modelli migliori (SNN12 ed SNB12) tali parametri sono uguali per $i = 1, 3, 4$, mentre σ_2 risulta diverso, così come il parametro relativo all'equazione stock-reclutamento. Il motivo per cui

quest'ultimo risulta differente è abbastanza ovvio, se si pensa che in realtà esso comprende non solo la sopravvivenza dei giovani, ma anche la fertilità, cioè il numero medio di uova prodotte da un kg di biomassa adulta (si veda a tal proposito il paragrafo 4.2.2). Può essere, invece, meno immediato capire perché σ_2 sia diverso dagli altri e, in particolare, più grande. Ragionevolmente si può supporre che nel passaggio da classe 2 a classe 3 gli individui soffrano di una mortalità minore e quindi di una sopravvivenza maggiore; in alternativa, può essere che individui di classe 2 immigrino all'interno dell'AMP maggiormente rispetto ad individui di altre dimensioni. Ovviamente per propendere a favore di una di queste ipotesi piuttosto che dell'altra, sono necessari studi più approfonditi sulla sopravvivenza del sarago durante il suo ciclo di vita e sui movimenti migratori da cui è interessato.

Il fatto che tutti i σ_i siano maggiori di 1, nonostante siano teoricamente delle sopravvivenze, non rappresenta un problema; infatti ciò che conta è che in ogni istante di tempo, il rapporto $\frac{n_{i+1,t+1}}{n_{i,t}}$ sia minore di 1, e cioè che:

$$\sigma_i e^{-\beta_i N_t} < 1 \quad (6.1)$$

E questa disequazione è quasi sempre verificata per i dati a nostra disposizione. Si potrebbe pertanto supporre che i modelli da noi formulati valgano in un determinato range di numerosità/biomassa totale che garantisca che $\frac{n_{i+1,t+1}}{n_{i,t}} < 1$, mentre altrove sarà necessario formulare altri modelli. Alternativamente si può dire che laddove tale rapporto superi l'unità significa che $n_{i+1,t+1} > n_{i,t}$ e questo è facilmente spiegabile ricorrendo al termine immigratorio, cioè ipotizzando che tra t e $t+1$ siano immigrati all'interno dell'AMP più esemplari di quanti ne siano morti. In ogni caso, bisogna sempre tener presente che i dati utilizzati per costruire i modelli sono affetti da rumore e che proprio questo rumore potrebbe essere, totalmente o in parte, la causa generatrice dei rapporti $\frac{n_{i+1,t+1}}{n_{i,t}} > 1$ osservati.

A proposito dei movimenti migratori, sarebbe possibile riformulare le equazioni, supponendo che la migrazione degli individui dipenda in qualche modo dal gradiente di densità presente tra interno ed esterno dell'AMP:

$$n_{i+1,t+1} = \sigma_i e^{-\beta_i(N_{int,t}-N_{est,t})} \quad (6.2)$$

Dove $N_{int,t}$ ed $N_{est,t}$ rappresentano rispettivamente il numero di individui presenti all'interno e all'esterno dell'AMP al tempo t . In questo modo se $N_{int,t} > N_{est,t}$, il termine tra parentesi nella 6.2 risulta positivo e si genereranno verosimilmente fenomeni di emigrazione verso l'esterno; viceversa se $N_{int,t} < N_{est,t}$, il termine tra parentesi sarà negativo e si osserveranno fenomeni di immigrazione. Ovviamente anche questa è solo un'ipotesi, che eventualmente potrà essere confermata o confutata in futuro.

Un ultimo risultato importante che vale la pena commentare riguarda l'analisi di sensitività svolta per verificare la robustezza del modello rispetto all'incertezza associata alla stima dei parametri. Simulando la dinamica di popolazione mediante il modello ritenuto più significativo (SNN12) in modo deterministico, cioè in assenza di disturbi sulle equazioni o sui parametri, si ottiene per la popolazione di sarago di Torre Guaceto una dinamica ciclica di periodo 2, risultato caratteristico per un modello di tipo Ricker. Questo significa che a regime, se seguisse esattamente la dinamica prevista dal modello, la popolazione continuerebbe ad oscillare tra gli stessi due valori costanti: tale informazione è utile per quanto riguarda la gestione della popolazione in esame. Il gestore non si dovrebbe, infatti, spaventare per gli apparenti crolli della numerosità della popolazione, poiché essi sono intrinseci alla dinamica demografica descritta dai modelli da noi formulati. Valutando poi l'effetto dell'incertezza associata ai parametri, è stato possibile evidenziare come il vettore dei parametri del modello considerato si trovi verosimilmente vicino a una biforcazione tra comportamento ciclico di periodo 2 ed equilibrio e a una biforcazione tra ciclo di periodo 2 e ciclo di periodo 4. Infatti, svolgendo numerose simulazioni, estraendo il valore di ogni parametro in modo casuale dalla distribuzione di probabilità ad esso associata, si osserva come un buon 5% delle simulazioni mostri, a regime, un andamento costante e non più oscillatorio; meno probabile, ma comunque osservabile in alcuni casi, è l'andamento ciclico di periodo 4. Ovviamente questo è un risultato di cui bisogna tenere conto, poiché i parametri dei nostri modelli non sono stimati con certezza: può essere che in futuro, avendo a disposizione un numero maggiore di dati, le stime si spostino verso una regione dello spazio dei parametri che genera un comportamento di equilibrio stabile, anziché un ciclo. Sarebbe interessante, a tal proposito, svolgere un'analisi di sensitività più

approfondita, che permetta di individuare quali, tra tutti i parametri del modello, sono quelli che provocano il cambio di comportamento. Nell'analisi da noi svolta, infatti, i parametri vengono fatti variare tutti contemporaneamente per questioni di semplicità: il risultato ottenuto pertanto consente solo di evidenziare la vicinanza alla biforcazione, ma nulla di più. In futuro, sarà opportuno far variare solo alcuni dei parametri tenendone altri fissi, per approfondire l'analisi di sensitività.

6.2 Sviluppi futuri

Alcuni sviluppi futuri per il presente lavoro sono già stati accennati nel paragrafo precedente e nel corso del lavoro stesso ma vengono qui comunque ripresi.

Innanzitutto risulta di fondamentale importanza lo studio delle correnti e dei movimenti di *D. sargus* tra l'AMP e la zona circostante ad essa. Tale studio è necessario per due motivi principali: per prima cosa per spiegare la disomogeneità presente tra la zona nord e la zona sud esterne all'area protetta, in corrispondenza delle quali sono stati raccolti i dati. Come già anticipato, la causa della disomogeneità potrebbe essere proprio la migrazione (*spillover*) di esemplari dall'AMP verso l'esterno. Tali individui sarebbero pertanto portati in misura differente a nord o a sud in base alle correnti che caratterizzano l'area di interesse.

In secondo luogo lo studio delle correnti e dei movimenti generati sarebbe utile per riscrivere i modelli da noi proposti tenendo conto espressamente del termine di emigrazione o immigrazione. In questo ambito, infatti, le informazioni sulle correnti, unite a quelle ricavabili dai *visual census* effettuati sulla popolazione esterna all'AMP, potrebbero permettere di riscrivere le equazioni dei modelli nella forma della 6.2. In essa, il numero di individui $N_{est,t}$, cioè esterni all'AMP al tempo t , sarebbe ricavato in base ai *visual census* nella zona a nord oppure a sud dell'area protetta, a seconda della direzione in cui si muovono le correnti e quindi i pesci.

Studi di questo tipo, comunque, sono già stati avviati nell'ambito di un progetto di ricerca di interesse nazionale. Perciò in futuro sarà possibile integrare le analisi svolte

nel nostro studio con le nuove conoscenze acquisite sulle correnti e i movimenti orizzontali di *D. sargus*.

Un'altra strada interessante da percorrere, come già detto in precedenza, riguarda la ricerca di una possibile variabile ambientale in grado di influenzare le oscillazioni della popolazione totale osservabili dai dati, e che rappresenti quindi un'alternativa alla competizione con dipendenza da densità. Si può infatti pensare, data l'uguaglianza di tutti i coefficienti β delle equazioni dei modelli strutturati, che la forte diminuzione della popolazione da un anno al successivo, non sia dovuta a fenomeni di competizione, bensì all'influenza di una variabile, ancora sconosciuta, che influenza la popolazione interna all'AMP in modo omogeneo lungo tutte le classi d'età. Ovviamente, allo stato attuale, non si hanno elementi per propendere a favore di un'ipotesi piuttosto che di un'altra: saranno necessari ulteriori studi a questo proposito per chiarire la questione e avvalorare o meno la teoria della dipendenza da densità.

Infine, per raffinare i modelli da noi proposti sarebbe sicuramente interessante approfondire l'analisi della relazione di stock-reclutamento. Sarebbe, infatti, utile separare in tale equazione i contributi relativi alla fertilità e alla sopravvivenza dei giovani. Come già anticipato nel paragrafo 4.2.2, sarebbe anche interessante conoscere il rapporto sessi e riscrivere la prima equazione dei modelli in funzione della biomassa femminile, anziché di quella totale, andando a verificare o meno la presenza di fenomeni di *sperm limitation*. Per fare tutto ciò sono necessari studi approfonditi sulla sessualità e la riproduzione del sarago (peraltro già avviati sempre nell'ambito del progetto di ricerca già citato) tramite l'analisi delle gonadi.

Tutti gli sviluppi e gli studi futuri cui abbiamo accennato finora sono auspicabili per migliorare i modelli da noi formulati, spiegando aspetti ancora oscuri della dinamica del sarago nell'area in esame. Ovviamente, una volta confermati o modificati i modelli da noi proposti, sarà possibile in futuro valutare anche la possibilità di utilizzarli all'esterno dell'AMP con opportune variazioni. Sarà innanzitutto necessario verificare se i fenomeni che regolano la dinamica della popolazione di Torre Guaceto siano gli stessi anche in altre località. Il modello potrà poi essere adattato anche a popolazioni di sarago soggette a prelievo introducendo un termine di mortalità da pesca. Allo scopo di

simulare la dinamica di una popolazione sfruttata, un modello strutturato in classi d'età sarà più utile e fornirà informazioni più dettagliate di uno non strutturato: come spiegato nel capitolo 2, infatti, le modalità di pesca del sarago nell'area circostante Torre Guaceto provocano una mortalità strettamente legata alla taglia dell'individuo; in genere, infatti, gli strumenti utilizzati non catturano né individui troppo piccoli né individui troppo grandi. Perciò le prime e le ultime classi d'età avranno una mortalità da pesca minore rispetto alle altre: da qui il vantaggio di tenere separate le diverse classi.

Un ulteriore passo che si potrà compiere, avendo a disposizione un modello affidabile della dinamica di popolazione del sarago, sarà quello di incorporare tale modello in un modello più ampio in grado di descrivere le interazioni tra i diversi livelli trofici della rete di cui il sarago fa parte (in particolare le interazioni trofiche tra saraghi e ricci e tra ricci e alghe). In questo modo sarà possibile descrivere la dinamica congiunta delle principali specie coinvolte nella formazione di *barren* e sviluppare quindi uno strumento per la gestione di questo problema (che è stato proprio il punto di partenza da cui questo lavoro ha preso spunto) in un'ottica ecosistemica.

BIBLIOGRAFIA

Alonzo S. H. e Mangel M. (2004). The effects of size – selective fisheries on the stock dynamics of and sperm limitation in sex – changing fish. *Fish. Bull.* 102: 1-13.

Alonzo S. H. e Mangel M. (2005). Sex change rules, stock dynamics, and the performance of spawning – pre – recruit measures in protogynous stocks. *Fish. Bull.* 103: 229-245.

Carvalho S., Cùrdia J., Moura A., Gaspar M. B., Dinis M. T., Pousão – Ferreira P., Cancela da Fonseca L. (2007). The influence of white seabream (*Diplodus sargus*) production on macrobenthic colonization patterns. *Acta Oecologica* 31: 307-315. Disponibile su www.sciencedirect.com.

Corani G. e Gatto M. (2006). Model selection in demographic time series using VC-bounds. *Ecological Modelling*, 191: 186-195.

Corani G. e Gatto M. (2007). Structural risk minimization: a robust method for density – dependent detection and model selection. *Ecography* 30:400-416.

Domínguez – Seoane R., Pajuelo J. G., Lorenzo J. M. e Ramos A. G. (2006). Age and growth of the sharpsnout seabream *Diplodus puntazzo* (Cetti, 1777) inhabiting the Canarian archipelago, estimates by reading otoliths and by backcalculation. *Fisheries Research* 81: 142-148.

Eriksson B. K., Ljunggren L., Sandtröm A., Johansson G., Mattila J., Rubach A., Råberg S. e Snickars M. (2009). Declines in predatory fish promote bloom – forming macroalgae. *Ecological Applications* 19(8): 1975-1988.

Figueiredo M., Morato T., Barreiros J. P., Afonso P. e Santos R. S. (2005). Feeding ecology of the white seabream, *Diplodus sargus*, and the ballan wrasse, *Labrus bergylta*, in the Azores. *Fisheries Research* 75: 107-119.

Gatto M. (1997). *Introduzione all'ecologia delle popolazioni*. Città Studi Edizioni. Pp.: 297-306.

Goni R., Adlerstein S., Alvarez – Berastegui D., Forcada A., Reñores O., Criquet G., Polti S., Cadiou G., Valle C., Lenfant P., Bonhomme P., Pérez – Ruzafa A., Sànchez – Lizaso J. L., García – Charton J A., Bernard G., Stelzenmüller V., Planes S. (2008). Spillover from six western Mediterranean marine protected areas: evidence from artisanal fisheries. *Marine Ecology Progress Series* Vol. 366: 159-174.

Gordoa A. e Molì B. (1997). Age and growth of the sparids *Diplodus vulgaris*, *D. sargus* and *D. annularis* in adult populations and the differences in their juvenile growth patterns in the north – western Mediterranean Sea. *Fisheries Research* 33: 123-129.

Guidetti P. (2006). Marine reserves reestablish lost predatory interactions and cause community changes in rocky reefs. *Ecological Applications* 16(3): 963-976.

Guidetti P. e Dulčić J. (2007). Relationships among predatory fish, sea urchins and barrens in Mediterranean rocky reefs across a latitudinal gradient. *Marine Environmental Research* 63: 168-184.

Guidetti P., Milazzo M., Bussotti S., Molinari A., Murenu M., Pais A., Spanò N., Balzano R., Agardy T., Boero F., Carrada G., Cattaneo-Vietti R., Cau A., Chemello R., Greco S., Manganaro A., Notarbartolo di Sciara G., Russo G.F. e Tunesi L. (2008). Italian marine reserve effectiveness: Does enforcement matter? *Biological Conservation* 141: 699-709.

Halpern B. S. e Warner R. R. (2005). Marine reserves have rapid and lasting effects. *Ecology Letters* 5: 361-366.

Hereu B., Zabala M., Linares C. and Sala E. (2005). The effects of predator abundance and habitat structural complexity on survival of juvenile sea urchins. *Marine Biology* 146: 293-299.

- Lenfant P. (2003). Demographic and genetic structures of white sea bream populations (*Diplodus sargus*, Linnaeus, 1758) inside and outside a Mediterranean marine reserve. *C.R. Biologies* 326: 751-760.
- Lloret J. e Planes S. (2003). Condition, feeding and reproductive potential of white seabream *Diplodus sargus* as indicator of habitat quality and the effect of reserve protection in the northwestern Mediterranean. *Marine Ecology Progress Series* Vol. 248: 197-208.
- Loy A., Mariani L., Bertelletti M. e Tunesi L. (1998). Visualizing allometry: geometric morphometrics in the study of shape changes in the early stages of the two banded seabream, *Diplodus vulgaris* (Perciformes, Sparidae). *Journal of Morphology* 237: 137-146.
- Micale V. e Perdichizzi F. (1994). Further studies on the sexuality of the hermaphroditic teleost *Diplodus sargus*, with particular reference to protandrous sex inversion. *Journal of Fish Biology* 45: 661-670.
- Mignatti A. (2008/2009). Tesi di laurea: “Nuovi modelli demografici per lo stambecco (Capra Ibex Ibex) nel Parco Nazionale del Gran Paradiso”.
- Morato T., Afonso P., Lourinho P, Nash R. D. M. e Santos R. S. (2003). Reproductive biology and recruitment of the white sea bream in the Azores. *Journal of Fish Biology* 63: 59-72.
- Molloy P.P., Goodwin N.B., Côté I.M., Gage M.J.G. e Reynolds J.D. (2006). Predicting the effects of exploitation on male – first sex – changing fish. *Animal Conservation* 10: 30-38.
- Palma J., Andrade J. P. (2002). Morphological study of *Diplodus sargus*, *Diplodus puntazzo*, and *Lithognathus mormyrus* (Sparidae) in the Eastern Atlantic and Mediterranean sea. *Fisheries Research* 57: 1-8.
- Pajuelo J. G. e Lorenzo J. M. (2003). The growth of the common two – banded seabream, *Diplodus vulgaris* (Teleostei, Sparidae), in Canarian waters, estimates by reading otoliths and by back – calculation. *J. Appl. Ichthyol.* 19: 79-83.

Pajuelo J. G. e Lorenzo J. M. (2004). Basic characteristics of the population dynamic and state of exploitation of Moroccan white seabream *Diplodus sargus cadenati* (Sparidae) in the Canarian archipelago. *J. Appl. Ichthyol.* 20: 15-21.

Piazza E. (2008). *Probabilità e statistica. Appunti di teoria ed esercizi risolti. X edizione.* Società editrice Esculapio. Progetto Leonardo. Bologna.

Planes S., Jouvenel J. Y., Lenfant P. (1998). Density dependence in post – recruitment processes of juvenile Sparids in the littoral of the Mediterranean Sea. Blackwell Publishing on *Oikos* Vol. 83, No. 2: 293-300. Disponibile all'indirizzo <http://www.jstor.org>.

PRIN 2008. Ministero dell'Università e della Ricerca. Bando 2008: Modello A (estratto pag 6-28); Modello B (estratto pag . 5-7).

Provini A., Galassi S., Marchetti R. (1998). *Ecologia applicata.* Città Studi Edizioni. Pp.: 833-863.

Ross R. M. (1990). The evolution of sex – change mechanisms in fishes. *Environmental Biology of Fishes* 29: 81-93.

Sala E. (1997). Fish predators and scavengers of the sea urchin *Paracentrotus lividus* in protected areas of the north – west Mediterranean Sea. *Marine Biology* 129: 531-539.

Spedicato M.T., Guidetti P., Bussotti S., Carbonara P. e Lembo G. (2008). Analisi comparativa di alcuni fattori chiave della dinamica di popolazione di *Diplodus sargus sargus* dentro e fuori l'AMP di Torre Guaceto. Workshop sulla Pesca e Gestione delle Aree Marine Protette (Società Italiana di Biologia Marina).