



UNIVERSITÀ
DI TORINO



Dipartimento di
Scienze della Vita e
Biologia dei Sistemi

Relazione tecnica

a cura dell'Università di Torino (UNITO)

Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi (DBIOS)

LA POPOLAZIONE DI LUPO NELLE REGIONI ALPINE ITALIANE

2023/2024

Novembre 2025



Autori della relazione tecnica:

Marucco F.¹, M.V. Boiani¹, F. Rolle¹, O. Friard¹, E. Avanzinelli², A. Menzano², P. Dupont³, F. Bisi⁴, G. Bombieri⁵, N. Bragalanti⁶, E. Pernechele⁷, S. Carolfi⁸, G. Maceli⁸, P. Ferrari⁸, D. Righetti⁹, F. Truc¹⁰, C. Chioso¹⁰, U. Fattori¹¹, M. Tomasella¹¹, L. Pedrotti¹², D. Grande¹³, E. Rossi¹³, P. Aragno¹⁴, V. La Morgia¹⁴

- (1) Università di Torino, Dipartimento Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi, Carnivore and Ungulate research for Conservation Laboratory
- (2) Centro di referenza Grandi Carnivori, Ente di Gestione delle Aree Protette delle Alpi Marittime
- (3) Norwegian University of Life Sciences, NMBU, Norway
- (4) Istituto Oikos srl - Impresa Sociale per Regione Lombardia
- (5) MUSE - Museo delle Scienze di Trento, Ufficio Ricerca e Collezioni museali, Ambito Biologia della Conservazione
- (6) Provincia Autonoma di Trento - Servizio Faunistico
- (7) Regione del Veneto, Direzione Agroambiente, Programmazione e Gestione ittica e faunistico-venatoria
- (8) Regione Liguria, Settore Politiche della Natura e delle aree Interne, Protette e Marine, Parchi e Biodiversità - Settore Fauna Selvatica, Caccia e Vigilanza Venatoria
- (9) Provincia Autonoma di Bolzano, Ripartizione Servizio Forestale, Ufficio Gestione fauna selvatica
- (10) Regione Autonoma Valle d'Aosta - Flora e fauna - Ufficio per la fauna selvatica e ittica
- (11) Regione autonoma Friuli Venezia Giulia, Servizio biodiversità
- (12) Ersaf - Parco Nazionale dello Stelvio;
- (13) Regione Lombardia, DG Territorio e Sistemi Verdi, Struttura Natura e Biodiversità, UO Parchi, Biodiversità e Sistema Delle Conoscenze
- (14) ISPRA (Istituto Superiore per la Protezione e la Ricerca Ambientale), Dipartimento per il monitoraggio e la tutela dell'ambiente e per la conservazione della Biodiversità - BIO, Servizio Coordinamento Fauna Selvatica - CFS, Aree CFN ed EPD

Il contributo dei vari autori è stato:

Coordinamento scientifico e tecnico generale di tutto il lavoro, dal campionamento all'analisi, accorpamento dei dati, stesura del documento: Marucco F.

Stesura di parte dei testi e analisi dei dati: M.V. Boiani, F. Rolle, P. Dupont, K. Pilgrim

Coordinamento tecnico delle Regioni Alpine per il campionamento (Progetto Life WolfAlps EU) e parte di analisi dei dati: E. Avanzinelli

Coordinamento regionale/provinciale della raccolta dei dati (in ordine alfabetico): E. Avanzinelli (regione Piemonte e regione Veneto), F. Bisi e D. Grande (regione Lombardia), G. Bombieri (provincia di Trento), E. Pernechele (regione Veneto), S. Carolfi (regione Liguria), C. Chioso (regione Valle d'Aosta), M. Tomasella e U. Fattori (regione Friuli Venezia Giulia), P. Ferrari (regione Liguria), A. Menzano (regione

Friuli Venezia Giulia e Piemonte), L. Pedrotti (regione Lombardia e provincia di Trento), D. Righetti (provincia di Bolzano), F. Truc (regione Valle d'Aosta)

Analisi statistiche e modellistiche e presentazione dei dati dei modelli statistici: M.V. Boiani e F. Marucco; P. Dupont, R. Bischof, C., O. Friard per la gestione del dbase in Postgresql

Supervisione del lavoro nell'ambito del piano di monitoraggio nazionale: P. Aragno, V. La Morgia

Indicazioni per la citazione:

Marucco F., M.V. Boiani, F. Rolle, O. Friard, E. Avanzinelli, A. Menzano, P. Dupont, F. Bisi, G. Bombieri, N. Bragalanti, E. Pernechele, S. Carolfi, G. Maceli, P. Ferrari, D. Righetti, F. Truc, C. Chioso, U. Fattori, M. Tomasella, L. Pedrotti, D. Grande, E. Rossi, P. Aragno, V. La Morgia (2025). La popolazione di lupo nelle regioni alpine Italiane 2023-2024. Relazione tecnica - Progetto LIFE 18 NAT/IT/000972 WOLFALPS EU.

Il presente report cita per i trend i dati riportati nel dettaglio nei documenti precedenti:

Marucco F., E. Avanzinelli, M. V. Boiani, A. Menzano, S. Perrone, P. Dupont, R. Bischof, C. Milleret, A. von Hardenberg, K. Pilgrim, O. Friard, F. Bisi, G. Bombieri, S. Calderola, S. Carolfi, C. Chioso, U. Fattori, P. Ferrari, L. Pedrotti, D. Righetti, M. Tomasella, F. Truc, P. Aragno, V. La Morgia, P. Genovesi (2022). La popolazione di lupo nelle regioni alpine Italiane 2020-2021. Relazione tecnica dell'Attività di monitoraggio nazionale nell'ambito del Piano di Azione del lupo ai sensi della Convenzione ISPRA-MITE (oggi Ministero dell'Ambiente e della Sicurezza Energetica - MASE) e nell'ambito del Progetto LIFE 18 NAT/IT/000972 WOLFALPS EU.

Marucco F., E. Avanzinelli, B. Bassano, R. Bionda, F. Bisi, S. Calderola, C. Chioso, U. Fattori, L. Pedrotti, D. Righetti, E. Rossi, E. Tironi, F. Truc and K. Pilgrim, Engkjer C., Schwartz M (2018). La popolazione di lupo sulle Alpi Italiane 2014-2018. Relazione tecnica, Progetto LIFE 12 NAT/IT/00080 WOLFALPS – Azioni A4 e D1.

Laboratori responsabili delle analisi genetiche

L'analisi genetica dei campioni delle regioni alpine, utilizzando marcatori di DNA microsatellite, ha avuto luogo in 4 laboratori. F. Marucco (UNITO) ha coordinato il lavoro di confronto genetico tra i vari laboratori sulla base del protocollo nazionale dell'Area per la genetica della conservazione di ISPRA - ECG. I 4 laboratori genetici che hanno contribuito alle analisi sono stati:

- National Genomics Center for Wildlife and Fish Conservation, Missoula, MT, incaricato delle analisi genetiche dei campioni provenienti dal Piemonte nell'ambito del LIFE WolfAlps EU, dall'Ente di gestione delle Aree Protette delle Alpi Marittime, dall' Ente di gestione delle Aree Protette dell'Ossola e dal Parco Nazionale delle Dolomiti Bellunesi. Inoltre incaricato per le analisi dei campioni della Regione autonoma Friuli-Venezia Giulia nell'ambito della Convenzione con l'Università degli Studi di Torino e della Regione Veneto nell'ambito della Convenzione con l'Ente di gestione delle Aree Protette delle Alpi Marittime. I responsabili delle analisi sono K. Pilgrim e M. Schwartz. Di seguito il laboratorio è citato come NGC.
- Laboratorio settore biotecnologie del Museo Regionale di Scienze naturali Efisio Noussan, Regione autonoma Valle d'Aosta, responsabile F. Guglielmo, per le analisi sui campioni della Regione Valle d'Aosta nell'ambito del progetto LIFE WolfAlps EU. Di seguito il laboratorio è citato come MR-VA.

- Laboratorio di genetica della Fondazione Edmund Mach (FEM), incaricato dalla Provincia autonoma di Trento e Bolzano, e dal Progetto LIFE WolfAlps EU per le analisi della Regione Lombardia, responsabile H. Hauffe. Di seguito il laboratorio è citato come FEM.
- Laboratorio di genetica dell'Istituto Superiore per la Protezione e la Ricerca Ambientale (ISPRA), Area per la Genetica della Conservazione (BIO-CGE), incaricato delle analisi genetiche dei campioni provenienti dal Parco Nazionale della Val Grande, responsabili N. Mucci, R. Caniglia e E. Fabbri. Di seguito il laboratorio è citato come ISPRA.

Con il contributo delle seguenti Istituzioni/Associazioni:

Istituzioni che hanno partecipato all'attuazione del monitoraggio del Lupo nelle Regioni alpine italiane, che hanno contribuito alla raccolta dati, e costituenti il Network Lupo Regioni Alpine:

Regione Piemonte:

Regione Piemonte – Settore Biodiversità e Aree Naturali, Settore Conservazione e Gestione Fauna Selvatica e Acquicoltura

Centro di Referenza Grandi Carnivori della Regione Piemonte (CGC) Ente di gestione delle Aree protette delle Alpi Marittime (Ente capofila del CGC)

Ente di gestione delle Aree protette dell'Appennino Piemontese (Ente associato del CGC)

Ente di gestione delle Aree protette del Monviso

Ente di gestione delle Aree protette delle Alpi Cozie

Ente di gestione delle Aree protette dell'Ossola

Ente di gestione delle Aree protette del Po Piemontese

Ente di gestione delle Aree protette della Valle Sesia

Ente di gestione delle Aree protette del Ticino e del Lago Maggiore

Ente di gestione del Parco Paleontologico Astigiano

Ente di gestione delle Aree protette dei Parchi Reali

Parco Nazionale del Gran Paradiso

Parco Nazionale della Val Grande

Parco Fluviale Gesso e Stura

Città Metropolitana di Torino – Polizia metropolitana, Servizio della Funzione specializzata Tutela Fauna e Flora, Direzione Sistemi Naturali e Guardie Ecologiche Volontarie (GEV)

Provincia di Alessandria – Ufficio tecnico faunistico provinciale, Polizia Provinciale e Guardie Ecologiche Volontarie (GEV)

Provincia di Asti – Polizia Provinciale, Servizio Ambiente Caccia-Pesca Provincia di Biella – Servizio Vigilanza Caccia e Pesca e Guardie Ecologiche Volontarie (GEV)

Provincia di Cuneo – Polizia faunistico ambientale, Servizio Tutela Flora e Fauna, Caccia e Pesca

Provincia del Verbano Cusio Ossola – Polizia Provinciale e Settore Tutela della Fauna

Provincia di Vercelli - Polizia Provinciale e Ufficio Biodiversità ed INFEA

Comune di Mondovì – Polizia Municipale

Carabinieri Forestale – Gruppo Carabinieri Forestale Alessandria

Carabinieri Forestale – Gruppo Carabinieri Forestale Asti

Carabinieri Forestale – Gruppo Carabinieri Forestale Biella

Carabinieri Forestale – Gruppo Carabinieri Forestale Cuneo

Carabinieri Forestale – Gruppo Carabinieri Forestale Torino

Carabinieri Forestale – Gruppo Carabinieri Forestale Novara

Carabinieri Forestale – Gruppo Carabinieri Forestale Verbano-Cusio-Ossola

Carabinieri Forestale – Gruppo Carabinieri Forestale Vercelli

CTA Parco Nazionale della Val Grande

Comprensori alpini: CACN2, CACN4, CACN5, CATO1, CATO2, CATO3, Ambiti Territoriale di Caccia: ATCCN1, ATCCN5, ATCNO1, ATCNO2

Aziende Faunistico Venatorie: AFV “Vallone d’Otro”, AFV “Val Formazza”, “Carcoforo-Rimasco” e AFV “Albergian” (Associazione Sportiva Albergian)

Vigilanza ambientale del nucleo di Cuneo – WWF Italia

Museo Civico di Storia Naturale di Carmagnola

Guardia di Finanza – Stazione S.A.G.F. di Domodossola e di Riva Valdobbia

Associazione Italiana Guide Ambientali Escursionistiche (AIGAE)

Associazione Guide Escursionistiche del Piemonte (GEA Piemonte)

ASD La Ventura

CIPRA

Centro Recupero Animali Selvatici (CRAS) - Bernezzo (CN)

Club Alpino Italiano (CAI) – Gruppo Grandi Carnivori

Lega per Abolizione Caccia (L.A.C.)

Legambiente Piemonte

Lega Italiana Protezione Uccelli (LIPU)

WWF Italia Onlus

Università degli Studi di Torino – Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi

Università degli Studi di Torino – Dipartimento di Scienze Veterinarie (per la verifica delle cause di mortalità e per le autopsie di lupo)

Centro Animali Non Convenzionali (CANC) dell’Università di Torino (per il recupero e cura dei lupi feriti)

Servizi Veterinari Aziende Sanitarie Locali ASL AL, ASL AT, ASL CN1, ASL CN2, ASL TO3, ASL TO4, ASL TO5, ASL NO

Istituto Zooprofilattico Sperimentale (IZS) del Piemonte Liguria e Valle d’Aosta / Centro di Referenza Nazionale per le Malattie degli Animali Selvatici (CeRMAS) (per la verifica delle cause di mortalità e per le autopsie di lupo)

Regione Autonoma Valle d’Aosta:

Regione Autonoma Valle d’Aosta

Struttura Flora e fauna - Ufficio per la fauna selvatica e ittica

Struttura biodiversità, sostenibilità e aree naturali protette - Museo regionale di Scienze Naturali Efisio Noussan

Corpo Forestale della Valle d’Aosta

Parco Nazionale del Gran Paradiso

Parco Naturale del Mont Avic

Istituto Zooprofilattico Sperimentale (IZS) del Piemonte Liguria e Valle d’Aosta / Centro di Referenza Nazionale per le Malattie degli Animali Selvatici (CeRMAS)

Regione Lombardia:

*Regione Lombardia, DG Territorio e Sistemi Verdi, Struttura Natura e Biodiversità
Parco Nazionale dello Stelvio - Ersaf Lombardia
Comando regionale Lombardia Carabinieri Forestale
Parco dell'Adamello
Parco Regionale delle Orobie Valtellinesi
Parco Regionale delle Orobie Bergamasche
Parco Lombardo della Valle del Ticino
Polizia Provinciale di Sondrio
Polizia Provinciale di Brescia
Polizia Provinciale di Como
Polizia Provinciale di Bergamo
Polizia Provinciale di Lecco
Polizia Provinciale di Varese
Polizia provinciale di Mantova
Polizia provinciale di Lodi
Polizia provinciale di Cremona
Polizia Provinciale di Pavia
Università degli Studi di Pavia
Città Metropolitana di Milano -Nucleo Ittico Venatorio
Gruppo Naturalistico Mantovano
Ente Regionale per i Servizi all'Agricoltura e alle Foreste
Azienda faunistico venatoria Valbelviso – Barbellino
Azienda faunistico venatoria Valbondone - Malgina
Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia ed Emilia-Romagna - Sezione di Sondrio
Università degli Studi dell'Insubria
Università degli Studi di Milano-Bicocca*

Province Autonome di Trento e Bolzano:

*MUSE - Museo delle Scienze di Trento
Ufficio Parco Nazionale dello Stelvio Alto Adige
Ufficio Parco Nazionale dello Stelvio Trentino
Parco Naturale Adamello Brenta
Parco Naturale Paneveggio – Pale di San Martino
Associazione Cacciatori Trentini
Provincia autonoma di Trento, Servizio Faunistico
Provincia autonoma di Trento, Servizio Sviluppo sostenibile e aree protette
Provincia autonoma di Trento, Agenzia provinciale delle foreste demaniali
Corpo Forestale della Provincia autonoma di Trento
Provincia Autonoma di Bolzano, Servizio Forestale, Ufficio Gestione fauna selvatica
Provincia Autonoma di Bolzano, Agenzia Demanio
Associazione Cacciatori Alto Adige, Guardie venatorie Alto Adige
Associazione Biologi Alto Adige*

Regione Veneto:

*Regione del Veneto, Direzione Agroambiente, Programmazione e Gestione ittica e faunistico-venatoria;
U.O. Pianificazione e Gestione faunistico-venatoria; Ufficio Territoriale di Belluno; Ufficio territoriale di Treviso; Ufficio territoriale di Vicenza
Veneto Agricoltura
Parco Nazionale Dolomiti Bellunesi
Parco naturale regionale della Lessinia
Parco naturale regionale delle Dolomiti d'Ampezzo
Parco regionale dei Colli Euganei
Polizia Provinciale di Belluno
Polizia Provinciale di Treviso
Polizia Provinciale di Verona
Polizia Provinciale di Vicenza
Polizia Provinciale di Rovigo
Polizia Provinciale di Padova
Polizia Metropolitana di Venezia
Comando Unità per la Tutela Forestale, Ambientale e Agroalimentare Carabinieri Veneto
Reparto Carabinieri Biodiversità Vittorio Veneto
Reparto Carabinieri Parco Nazionale Dolomiti Bellunesi
Reparto Carabinieri Biodiversità Verona
Gruppo Carabinieri Forestale Belluno
Gruppo Carabinieri Forestale Padova
Gruppo Carabinieri Forestale Treviso
Gruppo Carabinieri Forestale Vicenza
Gruppo Carabinieri Forestale Verona
Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie
Dipartimento di Medicina Veterinaria dell'Università di Sassari
CAI - Gruppo Grandi Carnivori
Associazione Io Non Ho Paura del Lupo
Associazione Naturalistica G. Lorenzoni
Associazione Faunisti Veneti (AS.FA.VE.)
AIGAE
WWF Rovigo
Tutti i Volontari del Network Monitoraggio Lupo Veneto*

Regione Autonoma Friuli Venezia Giulia:

*Regione autonoma Friuli Venezia Giulia
Corpo Forestale Regionale
Servizio biodiversità
Servizio caccia e risorse ittiche
Reparto Carabinieri Biodiversità di Tarvisio
Università degli Studi di Udine, Dipartimento di Scienze Agroalimentari, Ambientali e Animali
Associazione Progetto Lince Italia*

Regione Liguria:

Regione Liguria

Dipartimento Agricoltura, Turismo, Formazione e Lavoro

Settore Politiche della Natura e delle aree Interne, Protette e Marine, Parchi e Biodiversità - Settore Fauna Selvatica, Caccia e Vigilanza Venatoria - Nucleo regionale di Vigilanza Faunistico - Ambientale

Carabinieri Forestale – Comando Regione Carabinieri Forestale Liguria

Carabinieri Forestale – Gruppo Carabinieri Forestale Genova

Carabinieri Forestale – Gruppo Carabinieri Forestale Imperia

Carabinieri Forestale – Gruppo Carabinieri Forestale La Spezia

Carabinieri Forestale – Gruppo Carabinieri Forestale Savona

Carabinieri Forestale – Reparto Carabinieri Parco Nazionale Cinque Terre

Nucleo Comando Carabinieri CITES Genova

Nucleo Comando Carabinieri CITES Imperia

Parco Naturale Regionale delle Alpi Liguri

Parco Naturale Regionale dell'Antola

Parco Naturale Regionale dell'Aveto

Parco Naturale Regionale del Beigua

Parco Nazionale delle Cinque Terre

Parco Naturale Regionale di Piana Crixia

Città Metropolitana di Genova

Provincia di Imperia

Provincia della Spezia

Provincia di Savona

Istituto Zooprofilattico Sperimentale (IZS) del Piemonte Liguria e Valle d'Aosta (per le analisi genetiche e per le autopsie di lupo).

Si ringraziano tutte le Associazioni e gli Enti che a causa dell'emergenza Covid non hanno potuto partecipare pur avendo dato la loro disponibilità.

Ringraziamenti:

Molti sono gli Enti, i professionisti, i tecnici ed i volontari coinvolti nella raccolta dati. Si ringraziano calorosamente tutti i coordinatori del campionamento provinciale e locale, i guardiaparco, gli agenti provinciali e forestali, le guardie ecologiche volontarie, i guardiacaccia, i tecnici, i volontari, i veterinari, i ricercatori, i direttori, i presidenti degli Enti e di tutte le Associazioni citati precedentemente, che hanno collaborato al programma di monitoraggio del lupo nel territorio delle Regioni alpine.

Indice

Riassunto	9
Abstract	10
1. Introduzione e obiettivi del monitoraggio nazionale dello status della popolazione di lupo nelle regioni alpine italiane	11
2. Metodi di campionamento e di analisi dello status della popolazione di lupo nelle regioni alpine Italiane nel 2023/2024	12
2.1 Il disegno di studio: la strategia di campionamento, i criteri standard ed i metodi applicati	12
2.1.1 Riassunto dei criteri standard per l'analisi e l'interpretazione dei dati raccolti	15
2.2 Il Network di operatori: la formazione e il coordinamento nelle regioni	16
2.2.1 La gestione del flusso dei dati e l'APP GAIA Observer	16
2.3 Le analisi genetiche sui campioni biologici raccolti	17
2.4 Analisi dei dati per le stime di distribuzione e consistenza della popolazione	18
2.4.1. Modello di cattura-ricattura spazialmente esplicito	18
3. La popolazione di lupo nelle regioni alpine italiane nel 2023/2024	20
3.1 Lo sforzo di campionamento e i dati raccolti	20
3.2 I risultati genetici sui campioni biologici analizzati	23
3.3 La distribuzione della popolazione di lupo nelle regioni alpine italiane	24
3.4 La stima dell'abbondanza della popolazione di lupo nelle regioni alpine italiane	26
APPENDICI - DETTAGLI SUI METODI ADOTTATI E SUI RISULTATI OTTENUTI	29
APPENDICE 1. Le analisi statistiche e i modelli esplicativi spaziali di cattura-ricattura (SECR)	29
BIBLIOGRAFIA	35

Riassunto

La seconda **valutazione della distribuzione e della consistenza della popolazione di lupo nelle Regioni alpine**, coordinata nell'ambito del progetto LIFE WolfAlps EU, è stata realizzata nel 2023–2024. L'indagine si è basata sulla metodologia e sulla rete operativa sviluppate durante la prima campagna di monitoraggio nazionale del 2020–2021, in conformità con le Linee Guida e il Protocollo per il monitoraggio del lupo in Italia elaborati da ISPRA. L'obiettivo principale è stato aggiornare le stime di distribuzione e consistenza della popolazione, garantendo la continuità del monitoraggio a lungo termine e la piena comparabilità dei risultati con quelli ottenuti negli anni precedenti.

Il campionamento è stato condotto sull'intero territorio delle regioni alpine, attraverso un approccio integrato sistematico e opportunistico, con la collaborazione di operatori istituzionali e volontari appartenenti al **Network Lupo Regioni Alpine**, attivo in modo continuativo dal 2020. Tale rete ha assicurato la raccolta e la verifica di dati di presenza, di campioni biologici e immagini da fototrappole, sotto il coordinamento del Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi (DBIOS) dell'Università di Torino, in sinergia con il Centro di Referenza Grandi Carnivori (CGC), con ISPRA e con i responsabili regionali.

I campioni genetici raccolti sono stati analizzati da quattro laboratori per l'identificazione individuale, coordinati a livello alpino. I risultati ottenuti sono stati utilizzati per la stima della popolazione mediante **modelli di cattura-ricattura spazialmente esplicativi** (Spatially Explicit Capture-Recapture, SECR), che hanno permesso di ottenere una nuova stima complessiva della consistenza del lupo nelle regioni alpine pari a **1.124 individui (intervallo di credibilità al 95%: 980–1316)**, distribuiti tra i settori centro-occidentale e centro-orientale delle Alpi e tra le diverse regioni.

Sulla base del confronto con la precedente stima riferita al periodo 2020–2021, è stato possibile stimare il tasso di crescita annuale della popolazione (λ), evidenziando differenze tra i due settori alpini. In particolare, nel settore centro-orientale delle Alpi è emerso un tasso di crescita più elevato di $\lambda = 1.10$ (1.1-1.21), indicativo di una fase di espansione demografica più marcata, mentre nel settore centro-occidentale il tasso stimato risulta più contenuto di $\lambda = 1.04$ (0.98-1.09), coerente con una popolazione ormai prossima alla stabilizzazione. Considerando l'intera popolazione delle regioni alpine nel suo complesso, **il tasso di crescita annuale stimato è pari a $\lambda = 1.06$ (1.00-1.12)**. Questo quadro è ulteriormente confermato dall'analisi della distribuzione della specie, che evidenzia una maggiore stabilità nel settore occidentale e una fase di espansione più dinamica nel settore centro-orientale. Nel complesso quindi, i risultati indicano una situazione di espansione rispetto al 2020–2021, con la maggior parte della popolazione concentrata nel settore occidentale tra Liguria, Piemonte e Valle d'Aosta, dove il lupo si è progressivamente esteso dalle aree montane, ormai ampiamente occupate, verso contesti collinari, di pianura e più urbanizzati. Al contrario, nelle regioni centro-orientali si osserva la crescita più rilevante rispetto alla precedente stima, accompagnata da un'espansione sempre più capillare nei territori alpini e prealpini.

L'attività di monitoraggio ha confermato l'efficacia della rete operativa e la robustezza della metodologia adottata, fornendo una base scientifica aggiornata per la gestione coordinata e la conservazione del lupo a scala alpina e nazionale.

Abstract

The second assessment of the distribution and abundance of the wolf population in the Alpine Regions, coordinated by the LIFE WolfAlps EU project, was carried out in 2023–2024. The survey was based on the methodology and operational network developed during the first wolf national monitoring campaign in 2020–2021, in accordance with the Guidelines and Protocol for wolf monitoring in Italy developed by ISPRA. The main objective was to update estimates of population distribution and abundance, ensuring continuity in long-term monitoring and full comparability of results with those obtained in previous years.

Sampling was conducted across the entire Alpine range through an integrated systematic and opportunistic approach, involving institutional and volunteer operators belonging to the **Network Lupo Regioni Alpine**, which has been continuously active since 2020. This network ensured the collection and verification of presence data, biological samples, and camera trap images, under the coordination of the University of Turin (DBIOS), in collaboration with the Large Carnivore Reference Centre (CGC), ISPRA, and regional coordinators.

The collected genetic samples were analysed by four laboratories for individual identification, coordinated at the Alpine level. The resulting data were used to estimate population size through **Spatially Explicit Capture–Recapture** (SECR) models, which allowed a new comprehensive estimate of wolf abundance in the Alpine regions of **1,124 individuals (95% credible interval: 980–1,316)**, distributed across the central-western and central-eastern sectors of the Alps and among the different regions.

Based on the comparison with the previous estimate for the 2020–2021 period, it was possible to estimate the annual population growth rate (λ), highlighting differences between the two Alpine sectors. In particular, a higher growth rate emerged in the central-eastern Alps of $\lambda = 1.10$ (1.1-1.21), indicating a more pronounced phase of demographic expansion, whereas the estimated rate in the central-western sector was lower of $\lambda = 1.04$ (0.98-1.09), consistent with a population approaching stabilization. Considering the entire Alpine population as a whole, **the estimated annual growth rate was $\lambda = 1.06$ (1.00-1.12)**. This pattern is further supported by the analysis of species distribution, which indicates greater stability in the western sector and a more dynamic expansion phase in the central-eastern sector. Overall, the results therefore indicate an expansion compared to 2020–2021, with most of the population concentrated in the western sector between Liguria, Piedmont, and Aosta Valley, where wolves have progressively expanded from mountain areas, now largely occupied, into hilly, lowland, and more urbanized environments. In contrast, the central-eastern regions show the most substantial growth relative to the previous estimate, accompanied by an increasingly widespread expansion across Alpine and pre-Alpine territories.

The monitoring activity confirmed the effectiveness of the operational network and the robustness of the adopted methodology, providing an updated scientific basis for the coordinated management and conservation of the wolf at both Alpine and national scales.

1. Introduzione e obiettivi del monitoraggio dello status della popolazione di lupo nelle regioni alpine italiane

Dopo la realizzazione del primo campionamento standardizzato a scala nazionale del lupo nel 2020–2021, che ha posto le basi per un monitoraggio coordinato a scala nazionale per la stima della dimensione e distribuzione del lupo, la nuova indagine 2023–2024 è stata sviluppata in continuità metodologica con le *Linee Guida e Protocolli per il monitoraggio del lupo in Italia* (Marucco et al. 2020), predisposte da ISPRA, ed ha interessato esclusivamente le Regioni alpine, dove era in corso il progetto cofinanziato dai fondi europei LIFE WolfAlps EU. L’obiettivo di questa seconda indagine è stato aggiornare le stime di consistenza e distribuzione della popolazione alpina, garantendo la comparabilità dei risultati nel tempo e consolidando un sistema di monitoraggio a lungo termine, basato su *standard* scientifici condivisi e su una rete operativa stabile.

La strategia applicata, coerente con quanto previsto dalle *Guidelines for Population Level Management Plans for Large Carnivores* (Linnell et al. 2008) e in linea con la Direttiva 92/43/CEE “Habitat”, si fonda sul monitoraggio della **consistenza e della distribuzione (range minimo occupato)** della specie, con particolare attenzione al numero e alla localizzazione dei branchi, considerati l’unità riproduttiva e gestionale fondamentale per il lupo. Sono stati inoltre raccolti dati relativi alla presenza di eventi di ibridazione con il cane, fenomeno tuttora marginale nelle regioni alpine ma oggetto di monitoraggio continuativo.

Nel contesto alpino, il campionamento 2023–2024 ha ripreso e ampliato l’approccio adottato nel 2020–2021, estendendolo a nuove aree di presenza documentata e potenziale della specie, in particolare nei settori prealpini e collinari. Il Network Lupo Regioni Alpine, già operativo dal 2020, è stato ulteriormente rafforzato e ampliato, includendo nuovi Enti, istituzioni e gruppi locali di monitoraggio, mantenendo però gli stessi principi di formazione, coordinamento e raccolta dati che avevano garantito l’efficacia e la standardizzazione dei metodi della precedente indagine.

La popolazione alpina di lupo continua a rappresentare una unità transfrontaliera condivisa con Francia, Svizzera, Austria e Slovenia. Il monitoraggio è stato pertanto realizzato in stretta collaborazione con i *partner* internazionali nell’ambito del Wolf Alpine Group (WAG) e della *Large Carnivore Initiative for Europe* (LCIE) dell’IUCN (*International Union for the Conservation of Nature*), al fine di armonizzare le metodologie e aggiornare lo stato della specie a livello alpino ed europeo. In particolare, il 2023–2024 ha rappresentato un momento chiave di sincronizzazione con le campagne di monitoraggio condotte nei Paesi confinanti, in continuità con quanto già avvenuto nel 2020–2021 (WAG 2022).

L’esperienza maturata nel coordinamento alpino, consolidato con i progetti LIFE WolfAlps (2013–2018) e LIFE WolfAlps EU (2019–2024), ha consentito di realizzare un campionamento esteso e omogeneo, supportato da una rete di operatori esperti che copre ormai in modo capillare tutto l’arco alpino.

La presente relazione tecnica illustra quindi il campionamento relativo alla presenza del lupo realizzato nel 2023–2024 nelle regioni alpine italiane, i metodi applicati e i risultati ottenuti, nel quadro di un monitoraggio che prosegue il percorso di standardizzazione nazionale e di cooperazione internazionale avviato con l’indagine precedente.

2. Metodi di campionamento e analisi dello status della popolazione di lupo nelle regioni alpine Italiane nel 2023-2024

2.1 Il disegno di studio: la strategia di campionamento, i criteri standard ed i metodi applicati

Le *Linee Guida e Protocolli per il monitoraggio del lupo in Italia* redatte da ISPRA (Marucco et al. 2020), in collaborazione con esperti nazionali e internazionali, continuano a rappresentare il riferimento metodologico per la progettazione e l'attuazione del monitoraggio coordinato della specie. Tali linee guida definiscono la strategia di campionamento nelle regioni alpine in base agli obiettivi di indagine e alle risorse rese disponibili dai diversi Enti nell'ambito del progetto LIFE WolfAlps EU (2019–2024), articolando la pianificazione operativa su una griglia di campionamento di riferimento (Figura 1).

Il documento, già adottato nel 2020–2021 da tutte le Regioni, Province, Parchi nazionali e regionali, Comando Unità Forestali Ambientali e Agroalimentari Carabinieri e da numerose Istituzioni e Associazioni coinvolte, è stato confermato e aggiornato per l'indagine del 2023–2024. Esso stabilisce le tempistiche di campionamento, i protocolli di raccolta e archiviazione dei dati, e i criteri di classificazione delle evidenze di presenza del lupo (categorie C1, C2, C3), elementi fondamentali per garantire la comparabilità dei dati e il coordinamento del monitoraggio a scala alpina. Tale strategia e relativi protocolli sono in sinergia con gli standard di monitoraggio europei definiti dall'LCIE (Marucco et al. 2025).

Nel 2023–2024, la metodologia applicata è rimasta sostanzialmente identica a quella del 2020–2021, ma estesa e adattata per includere le nuove aree di presenza e di potenziale espansione della specie all'interno delle regioni alpine italiane, in particolare nei settori prealpini e collinari. L'area di indagine è quindi stata ampliata rispetto al monitoraggio precedente, mantenendo la possibilità di fornire stime riferite sia all'area storica del monitoraggio alpino (come da Convenzione delle Alpi, Figura 1), sia all'intera estensione delle regioni alpine italiane (Figura 1), al fine di consentire la valutazione dei *trend* nel tempo e la comparabilità con i dati raccolti in passato.

Per la definizione del disegno di campionamento è stata confermata l'adozione di una griglia di 10×10 km sull'intero territorio di studio, come previsto dalle disposizioni della Direttiva Habitat (Articolo 17). La griglia è stata realizzata nel sistema di riferimento europeo ETRS89 LAEA, raccomandato dalla *European Environmental Agency* (EEA 2006). Ogni cella rappresenta un'unità di campionamento per la valutazione della distribuzione e la pianificazione delle attività di campo.

Come per l'indagine precedente, il disegno di campionamento ha tenuto conto delle caratteristiche etologiche ed ecologiche della specie, che si presenta con basse densità, distribuzione aggregata e comportamento elusivo (Thompson 2004, Boitani & Powell 2012). Tali caratteristiche rendono poco efficaci approcci di campionamento puramente casuali a scala nazionale, in quanto richiederebbero uno sforzo di campionamento non sostenibile e produrrebbero stime con un intervallo di confidenza elevato, ossia caratterizzate da elevata imprecisione (Linnell et al. 1998). Per ridurre tale variabilità, anche nel 2023–2024 si è adottato un campionamento stratificato e calibrato nello sforzo in base alla probabilità di presenza, con maggiore intensità di campionamento nelle aree a presenza stabile della specie, come raccomandato da Boitani & Powell (2012), prevedendo quindi una densità di transetti e un numero di repliche maggiori in tali aree.

Il coordinamento scientifico per le Regioni alpine è stato curato dal Dipartimento di Scienze della Vita e Biologia dei Sistemi (DBIOS) dell’Università di Torino, in collaborazione con il Centro di Referenza Regionale Grandi Carnivori presso l’Ente di Gestione delle Aree Protette delle Alpi Marittime, nell’ambito del progetto LIFE WolfAlps EU, e in stretta sinergia con ISPRA e i referenti tecnici regionali.

Il mantenimento della stessa strategia d’indagine del 2020–2021, accompagnato dall’ampliamento territoriale e dal consolidamento del **Network Lupo Regioni Alpine**, ha garantito la coerenza scientifica del monitoraggio 2023–2024, permettendo di valutare le stime di abbondanza e distribuzione nel tempo e di integrare i dati italiani nel quadro transfrontaliero di monitoraggio del lupo sulle Alpi.

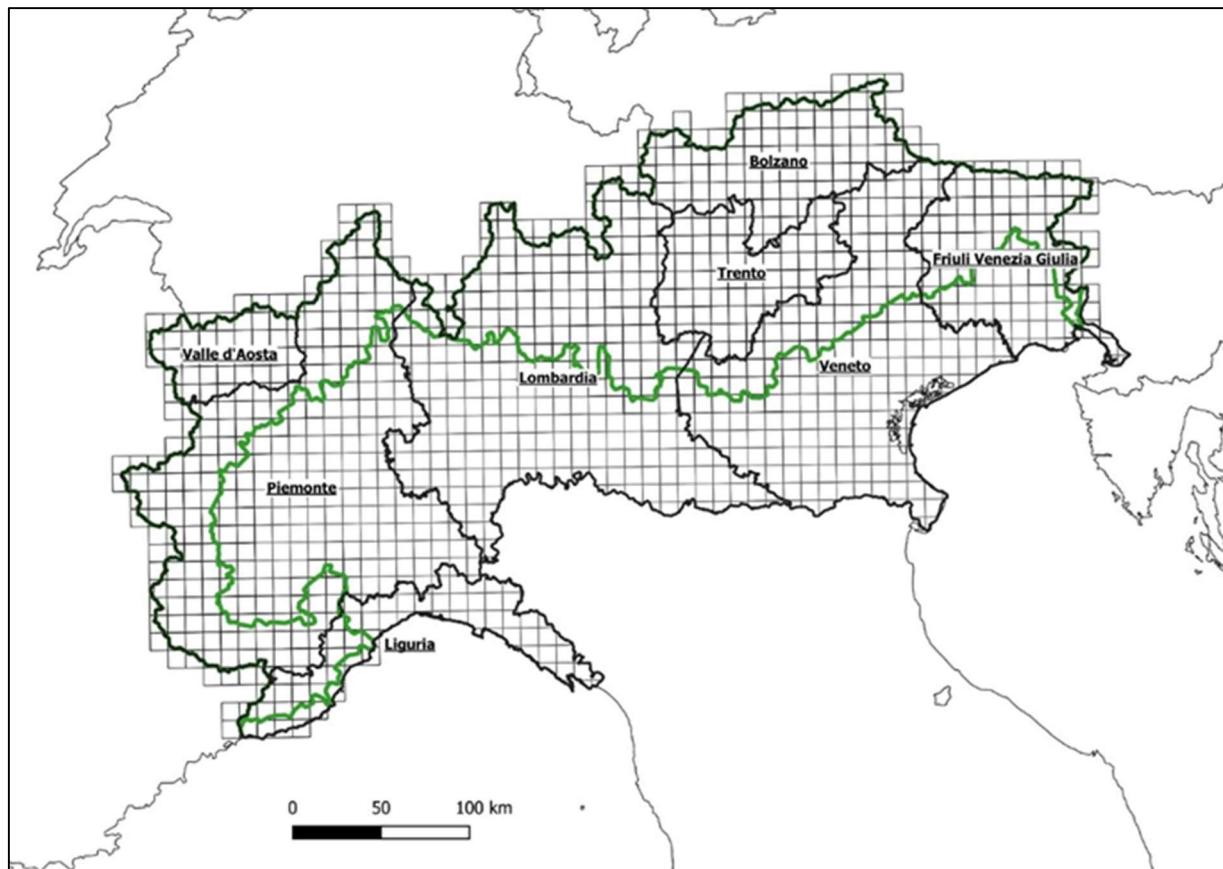


Figura 1. Griglia di campionamento di 10 x 10 km sovraimposta sull’arco alpino definito dalla Convenzione delle Alpi ed evidenziate le Regioni alpine.

La stima della distribuzione e dell’abbondanza della popolazione di lupo a livello nazionale nel 2020–2021, e successivamente nel 2023–2024, è stata ottenuta attraverso una **strategia di campionamento articolata su due approcci complementari: campionamento sistematico e campionamento opportunistico**. Entrambi gli approcci sono stati sviluppati in continuità con le *Linee Guida e Protocolli per il monitoraggio del lupo in Italia* (Marucco et al., 2020), con l’obiettivo di garantire coerenza metodologica e confrontabilità tra cicli di monitoraggio.

Il **campionamento sistematico** ha avuto come obiettivo la stima della distribuzione e della densità della specie attraverso la raccolta pianificata e controllata di segni di presenza del lupo sul territorio delle regioni

alpine. Le attività sono state svolte lungo tranetti prestabiliti e tramite l'uso di fototrappole, con un *effort* spaziale e temporale definito e documentato. Questo campionamento è da considerarsi sistematico nel tempo, poiché basato su 3-6 uscite programmate nel periodo invernale, e nello spazio, poiché organizzato sulla base di uno schema esplicito di tranetti e punti di campionamento localizzati all'interno di celle della griglia 10x10 km sull'intero territorio alpino (Figura 2). Tale schema ha consentito di monitorare in modo omogeneo tutte le aree di presenza accertata l'anno precedente, individuando per ciascuna cella i tranetti o punti di marcatura da controllare periodicamente secondo protocolli congiunti. Gli indici di presenza utilizzati comprendono tracce su neve, segni di presenza (escrementi, urine, graffiature), fototrappole e campioni genetici non invasivi, raccolti e classificati in base ai criteri di accuratezza C1-C2. Sulla base della griglia e dei livelli di campionamento definiti in funzione della probabilità di presenza del lupo, è stata realizzata una valutazione quantitativa dello sforzo di campionamento per cella e per transetto, monitorato nel tempo. Gli operatori del Network hanno quindi misurato con precisione:

- il numero di repliche di campionamento effettuate per ciascun transetto (repliche temporali necessarie per stimare la contattabilità incompleta della specie);
- i chilometri percorsi durante ciascuna replica.

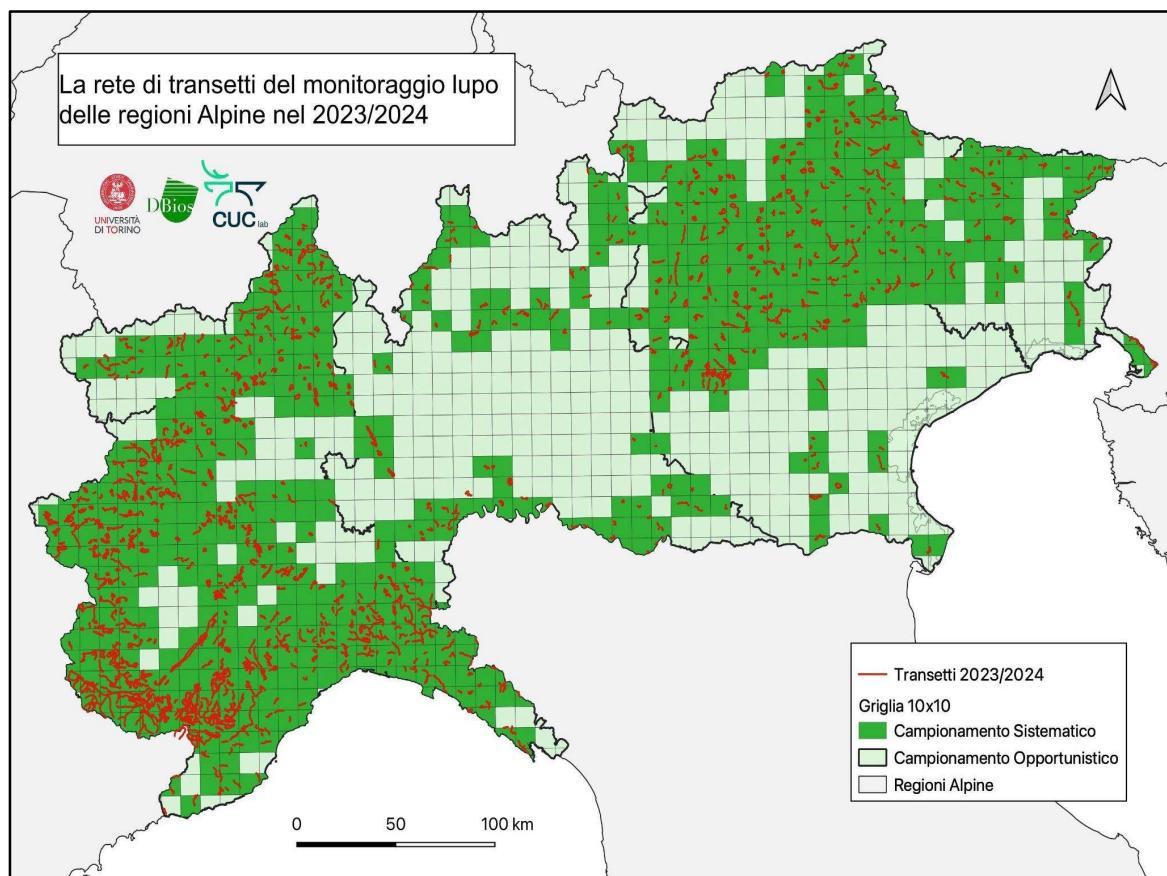


Figura 2. La rete dei tranetti individuati nelle celle del campionamento sistematico del monitoraggio nazionale (1° ottobre 2023 - 30 aprile 2024).

Il campionamento opportunistico, svolto in maniera non pianificata ma verificata secondo i criteri di accuratezza previsti dal Protocollo di indagine, ha permesso la raccolta di dati di presenza del lupo provenienti da segnalazioni di operatori del Network, personale tecnico, Enti locali e anche da cittadini volontari adeguatamente formati. Questo approccio ha integrato i dati sistematici, ampliando la copertura

territoriale e migliorando la capacità di individuare aree di nuova colonizzazione e di segnalare eventi rari, come possibili casi di ibridazione lupo–cane (Figura 2). I campioni genetici non invasivi raccolti tramite entrambi gli approcci sono stati analizzati per l’identificazione individuale e utilizzati per la stima della densità e dell’abbondanza della popolazione mediante modelli di cattura–ricattura spazialmente esplicativi (SECR) (Chandler & Royle, 2013; Royle et al., 2014).

I metodi e i protocolli di campionamento

I metodi di campionamento utilizzati sono definiti **non invasivi** perché non implicano la cattura e la manipolazione dell’animale. Questi metodi sono particolarmente idonei per monitorare i parametri di popolazione, quali la dimensione, il tasso di sopravvivenza, la distribuzione, perché di facile applicazione su larga scala ed utili per una specie elusiva difficile da catturare ed avvistare come il lupo. Le tecniche di campionamento non invasive includono sia quelle tradizionali, usate da decenni, come lo *snow-tracking* ed il *wolf-howling*, sia le tecniche di recente sviluppo, quali i metodi genetici e le fototrappole. Il migliore risultato si ottiene combinando più tecniche non invasive, dato che ognuna presenta vantaggi e criticità. In ogni caso, la combinazione di queste tecniche è riconosciuta come la migliore soluzione per documentare su larga scala la dimensione della popolazione e la distribuzione del lupo, i parametri di interesse per il monitoraggio del lupo sulle Alpi. La frequenza con cui sono state svolte le seguenti attività è dipesa dal tipo di campionamento, se sistematico od opportunisticamente, per quest’anno di campionamento condotto unicamente in modo intensivo e se intensivo, tenendo conto dello sforzo di campionamento applicabile sulla base della disponibilità ed esigenze degli Enti cui afferiva il personale coinvolto. In particolare è stato condotto su tutte le regioni alpine:

- Controllo sistematico di transetti invernali per la raccolta di segni di presenza
- Attività di *snow-tracking* – Tracce su neve
- Raccolta di campioni biologici non invasivi per le analisi di genetica molecolare
- Documentazione di carcasse di ungulati selvatici e domestici
- Attività di *wolf howling* – Ululati indotti nel periodo estivo per la documentazione di eventi di riproduzione
- Utilizzo delle trappole video-fotografiche e di foto-video documentati direttamente

I protocolli di applicazione per ognuna di queste tecniche sono riportati nel dettaglio nelle Linee Guida sopracitate (Marucco et al. 2020).

2.1.1 Riassunto dei criteri standard per l’analisi e l’interpretazione dei dati raccolti

Come descritto in Marucco et al. (2020) i dati sono stati categorizzati in:

- **Dato C1: “Hard evidence” = evidenza certa**, che senza ambiguità conferma la presenza del lupo.
- **Dato C2: “Confirmed observation” = osservazione confermata**, segni indiretti di lupo, quali le tracce sulla neve, escrementi e predazioni confermate da un esperto.
- **Dato C3: “Unconfirmed observation” = osservazione non confermata**, tutte le osservazioni non confermate da un esperto oppure le osservazioni che per loro natura non possono essere riconfermate.

In questa valutazione dello *status* della popolazione di lupo nelle regioni alpine italiane sono stati considerati solo i dati C1 e C2, escludendo i dati C3. Sono state ovviamente escluse le osservazioni non attribuite a lupo, per le quali il lupo può essere escluso con certezza o con alta probabilità, e anche quelle false, ossia

osservazioni per le quali si è valutata la manomissione delle informazioni (ad esempio per fotografie ritoccate o falsificate). Anche per la stima della distribuzione sono stati applicati criteri *standard* per l'interpretazione dei segni di presenza, tali da permettere una comparazione dei risultati nel tempo e tra le varie regioni e Stati delle Alpi (Tabella 1). In particolare, per la valutazione del *range* minimo occupato, ogni cella 10 x 10 km della griglia è stata considerata occupata per quell'anno di campionamento se è stato raccolto almeno un dato C1, oppure 2 segni di presenza C2 indipendenti. Maggiori dettagli sono descritti in Marucco et al. 2020.

2.2. Il Network Lupo Regioni Alpine e il coordinamento operativo (aggiornato al 2023–2024)

Il coordinamento delle Regioni alpine, già consolidato nel monitoraggio 2020–2021, è stato confermato e ulteriormente potenziato nel 2023–2024 attraverso la collaborazione strutturata tra ISPRA, l'Università di Torino (DBIOS), il Centro di Referenza Grandi Carnivori (CGC) e i referenti tecnici regionali. Questo assetto ha garantito la prosecuzione del monitoraggio coordinato del lupo a scala alpina, basato sugli stessi principi metodologici e organizzativi delle *Linee Guida e Protocolli per il monitoraggio del lupo in Italia* (Marucco et al., 2020). La rete operativa costituita nel 2020–2021 è stata mantenuta attiva e ulteriormente ampliata, con l'ingresso di nuovi Enti, operatori e associazioni locali, in parallelo con l'espansione geografica della specie. Gli operatori formati nel primo ciclo sono stati aggiornati nel 2023 tramite specifici corsi di formazione e aggiornamento organizzati a livello regionale e interregionale, incentrati sull'applicazione coerente degli stessi protocolli di campionamento, raccolta dati e analisi genetiche non invasive. Tale aggiornamento ha permesso di garantire uniformità metodologica, migliorare la qualità dei dati e consolidare le competenze del personale coinvolto.

Il Network Lupo Regioni Alpine è oggi una realtà consolidata e dinamica, che riunisce personale istituzionale e volontari appartenenti a Regioni, Province, Parchi nazionali e regionali, Carabinieri Forestali, Università, Associazioni ambientaliste, escursionistiche e venatorie, oltre a numerose realtà locali. Gli operatori del Network svolgono un ruolo essenziale sia nel campionamento sistematico (lungo transetti predefiniti e tramite fototrappole) sia nel campionamento opportunistico, contribuendo in modo continuativo alla raccolta e validazione di dati di presenza e di campioni biologici per le analisi genetiche. Con il campionamento 2023–2024, il Network ha raggiunto una copertura territoriale più ampia rispetto al 2020–2021, includendo anche aree di recente colonizzazione della specie nelle zone prealpine e collinari. Il suo funzionamento si fonda su un modello di collaborazione capillare, che integra Enti pubblici, istituzioni scientifiche e associazionismo locale, rappresentando un patrimonio operativo e conoscitivo di lungo periodo per la conservazione e la gestione coordinata del lupo nelle Regioni alpine.

2.2.1. La gestione del flusso dei dati e l'APP GAIA Observer

Per facilitare e standardizzare la raccolta dei dati sul campo, in occasione dell'indagine del 2020–2021, il progetto LIFE WolfAlps EU, in collaborazione con ISPRA, Federparchi e la Piattaforma Grandi Carnivori di Grosseto, aveva incaricato la ditta XValue di sviluppare un'applicazione informatica dedicata al monitoraggio nazionale del lupo. L'applicazione, integrata nel sistema GAIA Observer (www.gaiaobserver.it), è stata progettata come strumento per la raccolta di informazioni georeferenziate multi-ente, a supporto di progetti di monitoraggio ambientale e di conservazione della fauna. Un server dedicato, gestito per le Regioni alpine da UNITO e dal Centro Grandi Carnivori, consente la raccolta, la validazione e l'archiviazione dei dati provenienti da tutti gli operatori del Network. Durante il monitoraggio 2020–2021, l'App di GAIA era stata

utilizzata ufficialmente da 490 operatori registrati nelle Regioni alpine, costituendo uno strumento innovativo per la digitalizzazione e la gestione condivisa dei dati di presenza del lupo. Nell'indagine 2023–2024, l'applicazione è stata utilizzata nuovamente con un numero maggiore di operatori, in tutte le Regioni alpine, confermandosi come lo strumento principale per la raccolta e la trasmissione delle informazioni di campo. Nel periodo intercorso, l'App GAIA è stata aggiornata e ottimizzata in tutte le sue funzionalità, risolvendo le criticità tecniche emerse nella precedente fase di utilizzo e implementando nuove funzioni di validazione, sincronizzazione e gestione dei dati. Grazie a tali miglioramenti, GAIA rappresenta oggi un prodotto pienamente operativo, stabile e di elevata qualità, in grado di garantire la tracciabilità, la coerenza e la tempestività dei dati raccolti dagli operatori sul territorio. Tutti i dati validati confluiscono infine in un unico database centralizzato, gestito congiuntamente dal Centro Grandi Carnivori e dall'Università di Torino (DBIOS), che rappresenta la base dati ufficiale del monitoraggio del lupo nelle Regioni alpine italiane.

2.3 Le analisi genetiche sui campioni biologici raccolti

L'analisi genetica dei campioni delle regioni alpine, realizzata utilizzando marcatori di DNA microsatellite, ha avuto luogo in 4 laboratori di genetica:

- National Genomic Center for Wildlife and Fish Conservation, Missoula, incaricato dal LIFE WolfAlps EU per le analisi del Piemonte, insieme all'incarico del Centro Grandi Carnivori per le analisi sui campioni di Regione Veneto e Regione autonoma Friuli-Venezia-Giulia. Di seguito il laboratorio è citato come NGC. I responsabili delle analisi sono K. Pilgrim e M. Schwartz.
- Laboratorio di genetica del Museo Regionale di Scienze naturali, Regione autonoma Valle d'Aosta, responsabile F. Guglielmo per le analisi sui campioni della Regione Valle d'Aosta nell'ambito del progetto LIFE WolfAlps EU. Di seguito il laboratorio è citato come MR-VA.
- Laboratorio di genetica della Fondazione Edmund Mach, incaricato dalla Provincia autonoma di Trento e Bolzano, e dal Progetto LIFE WolfAlps EU per le analisi della Regione Lombardia, responsabile H. Hauffe. Di seguito il laboratorio è citato come FEM.
- Area per la Genetica della Conservazione (BIO-CGE) dell'Istituto Superiore per la Protezione e la Ricerca Ambientale (ISPRA). Le analisi sono state seguite da N. Mucci, R. Caniglia e E. Fabbri e hanno riguardato campioni prelevati da individui sospetti ibridi, e l'analisi di campioni provenienti dal Parco Nazionale della Val Grande. Di seguito il laboratorio è citato come ISPRA.

La scelta dei marcatori del DNA da utilizzare per l'identificazione individuale si è basata su *loci* precedentemente rilevati su campioni di lupo in Italia e già condivisi tra i laboratori nell'ambito del Gruppo genetico alpino formalizzato nel Progetto LIFE WolfAlps EU (Caniglia et al. 2020) e precedentemente già adottati nei protocolli condivisi a livello alpino nell'ambito del *Wolf Alpine Group* (Schwartz et al. 2015). I protocolli di analisi sono stati formalizzati e condivisi dal laboratorio genetico di ISPRA, e sono stati adottati da tutti e 4 i laboratori. I dati allelici dei microsatelliti sono misurati in base alla lunghezza in paia di basi (bp) e al fine di fornire la coerenza del valore allelico tra i laboratori, il DNA dei campioni genotipizzati è stato condiviso tra i laboratori insieme ai valori allelici dei microsatelliti, in modo che i dati allelici dei microsatelliti fossero standardizzati. Questo ha permesso ai diversi laboratori di produrre dati microsatelliti sui campioni di lupo che potessero essere confrontati. Il laboratorio responsabile delle analisi genetiche per il Progetto Life WolfAlps EU, su gran parte delle Alpi italiane, è stato il *National Genomics Center for Wildlife and Fish Conservation*, RMRS, USFS, US, con il coordinamento della Dott.ssa K. Pilgrim, che ha coordinato il lavoro di confronto genetico con gli altri laboratori insieme al CUC Lab dell'Università di Torino, sulla base del protocollo nazionale. La maggior parte dei campioni è stata analizzata tramite finanziamenti nell'ambito del

Progetto LIFE WolfAlps EU. Finanziamenti indipendenti dal LIFE, nell'ambito del monitoraggio nazionale, sono anche stati resi disponibili da Regione Veneto e Regione autonoma Friuli-Venezia-Giulia, e dalle due Province Autonome di Trento e Bolzano. Tutte le altre Regioni hanno utilizzato i finanziamenti LIFE. La maggior parte dei campioni è stata analizzata dal laboratorio di Genetica NGC, a seguire MR-VA, FEM, IZS-PL (Tabella 1). Tutti i risultati di questi 4 laboratori di genetica (NGC, MR-VA, FEM, IZS-PL) hanno contribuito a identificare il numero di genotipi presenti sul territorio delle regioni alpine, e a quantificare le storie di ricatture dei genotipi, fondamentali per l'applicazione del modello spaziale di cattura - ricattura (cap. 3), e la stima finale del numero di lupi. Nell' Appendice 1 del report 2020 2021 (Marucco et al. 2022) è descritta nel dettaglio l'analisi genetica svolta dal laboratorio NGS, che ha condotto le analisi sulla base del protocollo ISPRA condiviso con tutti gli altri laboratori, e calibrata con IZS-PI, MR-VA e ISPRA.

2.4. Analisi dei dati per le stime di distribuzione e consistenza della popolazione

La strategia di campionamento del lupo a scala nazionale ha avuto due obiettivi principali: la stima della **distribuzione spaziale della popolazione e la sua consistenza numerica complessiva**.

Stima della distribuzione minima della popolazione

Per le regioni alpine, come descritto precedentemente, si è effettuato un campionamento opportunistico totale delle celle, e un campionamento sistematico di tutte le celle dove era stata documentata la presenza del lupo nell'anno precedente. La distribuzione della specie nelle regioni alpine nell'anno 2023-2024 è stata quindi rappresentata dal *range* minimo occupato, applicando i criteri di validazione e interpretazione sopra descritti (Marucco et al. 2020) a tutti i segni di presenza documentati nelle celle della griglia di campionamento (10x10 km). La metodologia è uguale a quella applicata gli anni precedenti sia nel territorio alpino italiano (Marucco et al. 2022, Avanzinelli et al. 2024), sia in quello appartenente ad altri Stati (WAG 2014, 2022) e permette quindi sia una valutazione del trend della distribuzione nel tempo, sia un confronto spaziale con le altre nazioni con cui si condivide la popolazione di lupo delle Alpi.

Stima della consistenza numerica della popolazione

La stima della consistenza della popolazione del lupo nelle Regioni alpine è stata ottenuta tramite l'applicazione di specifiche procedure analitiche che restituiscono una stima del numero di individui corredata dal relativo livello di precisione, fornito tramite intervallo di credibilità. La prima stima di questo tipo è stata realizzata nel 2020–2021 a scala alpina, peninsulare e nazionale (La Morgia et al. 2022). Nel 2023–2024 la stima della popolazione di lupo delle regioni alpine italiane è stata ottenuta con la stessa metodologia, al fine di consentire un confronto diretto e robusto tra le due indagini e valutare l'evoluzione della popolazione nel tempo. La metodologia consiste nell'applicazione di un modello di cattura–ricattura spazialmente esplicito (SECR), che integra i dati derivanti dal campionamento genetico non invasivo e dallo sforzo di campionamento sistematico quantificato tramite la percorrenza dei transetti. Il modello fornisce una stima della consistenza della popolazione e del numero di branchi presenti nell'arco alpino, fornendo anche una misura della precisione statistica (intervalli di credibilità al 95%) e permettendo un confronto con i numeri minimi ottenuti dalle evidenze dirette di campo.

2.4.1. Modello di cattura-ricattura spazialmente esplicito

La stima della consistenza numerica di una popolazione e del suo livello di precisione è di norma ottenuta tramite l'applicazione di modelli statistici che permettono di considerare la probabilità di contattare o meno gli individui della popolazione (*imperfect detection*; Kellner & Swihart 2014). Tra questi, i modelli di Cattura e

Ricattura (CR, Lebreton et al. 1992, McDonald et al. 2001, Pledger et al. 2003) sono i più noti. I modelli CR utilizzano i ricampionamenti degli individui marcati all'interno della popolazione, per stimare quale proporzione di individui sia probabilmente presente ma non stata campionata, consentendo quindi di giungere ad una stima delle dimensioni totali della popolazione. Più recentemente questi modelli sono stati estesi ai fini di rendere spazialmente esplicite le stime ottenute (SECR, *Spatially Explicit Capture-Recapture*; Royle 2009). I modelli SECR sono largamente applicati per stimare popolazioni di animali selvatici in tutto il mondo (Tourani 2022), e nello specifico vedono il loro impiego su diverse popolazioni di lupo. In Europa sono stati utilizzati in Scandinavia (Bischof et al. 2019; Milleret et al. 2025a), in Francia (Milleret et al. 2025b), in Spagna (López-Bao et al. 2018), ed in Italia per le Regioni alpine (Marucco et al. 2023, Marucco et al. 2022) e quelle peninsulari (Gervasi et al. 2024, Aragno et al. 2022). Al fine di analizzare i dati raccolti sull'intero territorio delle Regioni alpine italiane grazie al campionamento genetico non invasivo (NGS, *Non-invasive Genetic Sampling*), si è costruito un modello Bayesiano SECR (Appendice 1). Nel dettaglio, questo modello SECR può essere scomposto in tre sottomodelli: *i*) un modello spaziale che descrive la distribuzione dei centri di attività degli individui (AC, *Activity centre*) , *ii*) un modello di stato, a scala di individuo, utilizzato per stimare la dimensione effettiva della popolazione, e *iii*) un modello di contattabilità che descrive come la probabilità di contattare un individuo vari nello spazio (Appendice 1). Il modello SECR stima quindi la densità della popolazione, e quindi la sua consistenza numerica, utilizzando le ricatture dei singoli genotipi/individui documentati dalle analisi genetiche (cap. 2.3), insieme alla loro localizzazione precisa nello spazio, al fine di stimare la probabilità del centro di attività individuale (Royle 2009). Nei modelli SECR vengono stimati due parametri, che sono p_0 (probabilità di contattare un individuo), utile a stimare la porzione di popolazione non campionata, e σ (sigma, che descrive la scala spaziale del processo di rilevamento, ed è interpretabile come una misura indiretta dell'ampiezza dei movimenti individuali durante il periodo di campionamento) (Royle 2009). Questi valori combinati consentono di produrre una stima del numero di centri di attività presenti nell'area di studio, ovvero una stima della densità di popolazione e della relativa consistenza numerica. Il modello viene descritto nel dettaglio in Appendice 1.

3. La popolazione di lupo nelle regioni alpine italiane nel 2023/2024

3.1 Lo sforzo di campionamento e i dati raccolti

Il campionamento opportunistico è stato condotto su tutte le celle della griglia senza una pianificazione programmata e realizzato ad ogni segnalazione pervenuta al Network Regioni Alpine (Figura 3). Il campionamento sistematico invece è stato condotto unicamente nelle celle in cui precedentemente era stata segnalata la presenza della specie e ha previsto la pianificazione della percorrenza di uno a più transetti (cap. 2.1), da parte di operatori formati nel ricercare e raccogliere i segni di presenza indiretti del lupo, in particolare le fatte, sui quali poi effettuare i prelievi per le analisi genetiche. Le uscite per coprire i transetti sono state programmate dal 1° ottobre fino al 30 aprile dell'inverno 2023-2024 e calendarizzate in anticipo nell'arco dei 7 mesi, prevedendo un minimo di 3 ed un massimo di 6 repliche per transetto, a seconda dell'intensità di campionamento prevista. L'implementazione e la programmazione delle uscite ha richiesto un grande coordinamento tra le diverse istituzioni presenti sul territorio a scala locale, con un approccio comune che segue le linee guida nazionali (Marucco et al. 2020). La quantificazione dello sforzo di campionamento sistematico è riassunta nella Tabella 1 per l'anno 2023-2024: **in totale nelle regioni alpine sono stati percorsi 1289 transetti, per un totale di 8705,1 km percorsi ad ogni replica effettuata.**

Regione / Regione Autonoma / Provincia Autonoma	Numero di transetti	km di transetti per una replica	Numero di repliche	km totali percorsi
	N	km	N	km
Liguria	111	500,67	340	1495,17
Piemonte	679	5192,26	3351	25633,16
Valle d'Aosta	33	206,9	390	2454,37
Lombardia	94	482,82	383	1983,61
Trento	83	731,19	403	3511,94
Bolzano	77	595,03	308	2386,44
Veneto	135	669,22	530	2584,73
Friuli-Venezia Giulia	77	327	371	1553,76
Regioni Alpine	1.289	8705,11	6076	41603,18

Tabella 1. Il campionamento sistematico nelle regioni alpine per il monitoraggio nazionale 2023-2024 realizzato tramite la percorrenza dei transetti. In tabella sono riportati solamente i transetti effettivamente percorsi e non quelli pianificati.

Lo sforzo di campionamento è stato quantificato tramite la misurazione di 2 parametri per ogni cella (5x5 km) **della griglia di campionamento**:

- 1) **la lunghezza totale dei transetti percorsi per ogni cella (5x5 km) della griglia di campionamento.**
- 2) **la frequenza** in cui ogni transetto è stato controllato nel campionamento sistematico, calcolando il valore totale delle ripetizioni effettuate all'interno di ogni cella (5x5 km) della griglia.

Questi parametri, insieme alla risoluzione della griglia di 5x5 km, sono i valori utilizzati dal modello per la stima della densità di lupo (per maggiori dettagli si rimanda all'Appendice 1).

Le aree maggiormente campionate sono principalmente localizzate nelle regioni Piemonte, in particolare nella porzione alpina della provincia di Cuneo e intorno alla città di Torino, e in Valle d'Aosta; altre aree interessate da maggior sforzo di campionamento si trovano nelle regioni orientali, come ad esempio nella Provincia Autonoma di Trento e in particolare al confine con il Veneto e la Provincia Autonoma di Bolzano (Figura 3). Il valore medio della distanza percorsa per cella è di 65,1 km ($\pm 73,3$) con un valore minimo di 0,01 Km ed un massimo di 647,17 km. Anche la numerosità delle repliche per cella mostra la stessa distribuzione, con evidente disparità tra le due porzioni occidentale e orientale delle Alpi. Lo sforzo maggiore ha interessato il settore occidentale e nel settore orientale solo in provincia di Verona, nell'area del Parco Regionale della Lessinia, si è avuto uno sforzo simile. Le repliche per cella variano da 1 a 49 con una media di $8,5 \pm 6,64$. (Figure 3 e 4).

Nel periodo compreso tra ottobre 2023 e aprile 2024 nelle regioni alpine sono stati percorsi dagli operatori del Network Alpi un totale di 41603 km, calcolati sulla base della effettiva distanza percorsa, come descritto sopra.

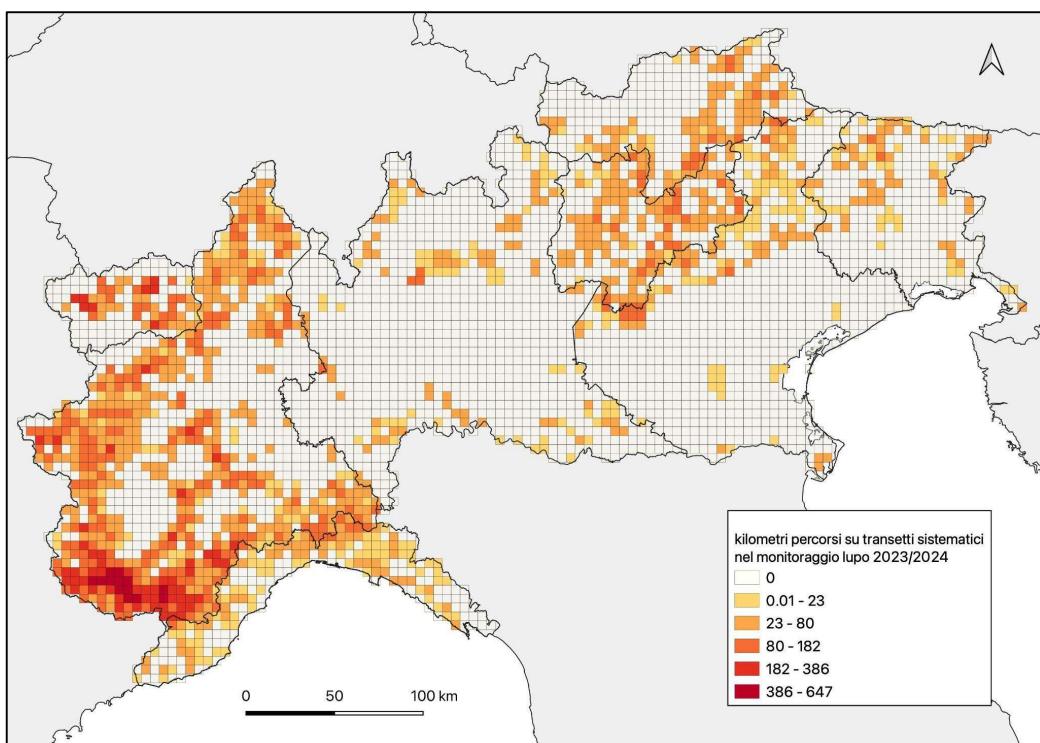


Figura 3. Mappa quantitativa dello sforzo effettuato con il campionamento sistematico (1° ottobre 2023 - 30 aprile 2024) nelle regioni alpine espresso dalla distanza effettivamente percorsa dagli operatori in ogni cella della griglia (5x5 km).

Si è scelto inoltre di quantificare lo sforzo di campionamento, sulla base dell'esperienza degli operatori coinvolti nell'attività di monitoraggio. L'indice dell'esperienza è stato calcolato per ogni cella (5x5 km) della griglia di campionamento come descritto in Appendice 2, considerando gli anni di coinvolgimento nell'attività di monitoraggio (identificato per province) e l'esperienza di ogni operatore (data dalla categoria/istituzione di appartenenza). La Figura 4, evidenzia come l'esperienza vari a livello provinciale e regionale ed è chiaramente maggiore nelle aree dove il personale delle Istituzioni si occupa del monitoraggio del lupo da molti anni, quindi nelle regioni Piemonte e Veneto (Figura 4 e 5). Il valore medio dell'indice di esperienza per cella è $5,31 \pm 2,78$ e varia tra 1 e 10.

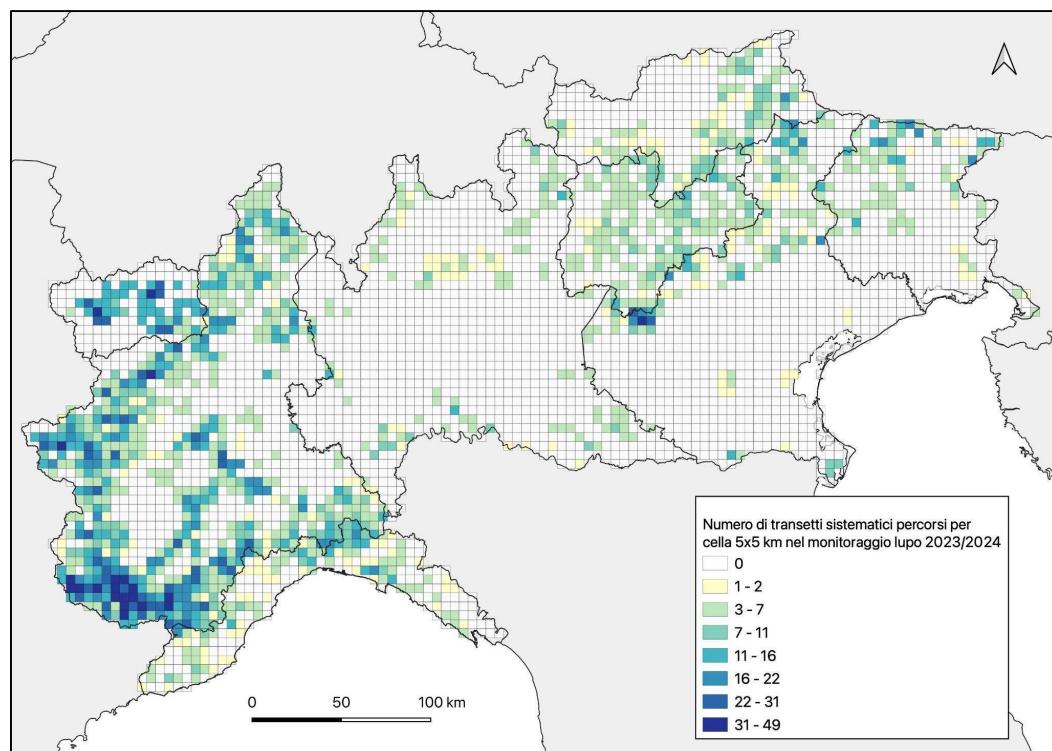


Figura 4. Mappa quantitativa dello sforzo effettuato con il campionamento sistematico (1° ottobre 2023 - 30 aprile 2024) nelle regioni alpine espresso tramite il numero delle repliche dei tranetti percorsi in ogni cella della griglia (5x5 km).

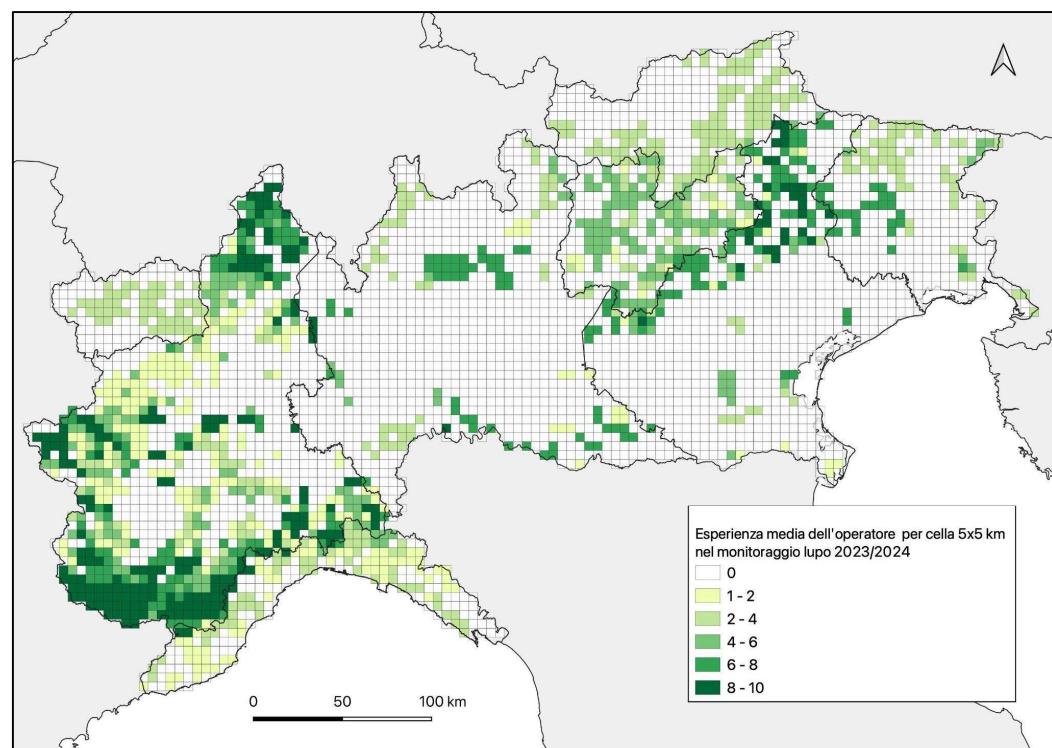


Figura 5. Mappa qualitativa dello sforzo effettuato con il campionamento sistematico (1° ottobre 2023 - 30 aprile 2024) nelle regioni alpine espresso tramite l'esperienza degli operatori (per il calcolo di questo indice si rimanda all'allegato 1), nell'ambito di una scala che va da 0 a 10, i quali hanno percorso i tranetti in ogni cella della griglia (5x5 km).

3.2 I risultati genetici sui campioni biologici analizzati

La Tabella 2 riporta il numero totale di campioni biologici analizzati per il riconoscimento individuale degli individui presenti e per documentare le loro “ricatture genetiche”. Questi dati sono stati utilizzati sia nel modello SECR per la stima della consistenza della popolazione, sia per ricostruire il numero minimo di branchi e coppie riproduttive tramite l’analisi dei *pedigree*. I dettagli dei risultati di laboratorio e delle analisi dei *pedigree* sono riportati nei report regionali, ove realizzati.

Laboratorio di genetica	Totale dei campioni con genotipo
	N.
NGC	549
MR VA	53
FEM	198
Ispra	8
Totale REGIONI ALPINE	800
Ovest regioni alpine	565
Est regioni alpine	235

Tabella 2. Numero complessivo di campioni con genotipo individuati da ciascun laboratorio, relativi alle analisi genetiche condotte nelle regioni alpine nel 2023-2024, utilizzati successivamente per la stima di popolazione.

Nell’ambito del campionamento intensivo 2023-2024, condotto tra ottobre 2023 e aprile 2024, per un **totale di 800 campioni** è stato determinato con successo il profilo genetico individuale (genotipo) e il sesso. I risultati sono riportati in dettaglio in Tabella 2 e in Figura 6. La quasi totalità dei campioni (n=794) è risultata caratterizzata dall’aplotipo mitocondriale W14, tipico della popolazione italiana di lupo (Randi et al., 2000), mentre in solo 6 campioni è stato identificato l’aplotipo W3, di provenienza dinarica (Randi et al., 2000; Montana et al., 2017). Gli individui rinvenuti morti (n=63) sono stati esclusi dall’analisi SECR, portando a un **totale di 737 campioni da poter essere inclusi nell’analisi** per la stima della consistenza di lupo nelle regioni alpine italiane. Da questi, sono stati identificati **492 profili genetici individuali distinti**, corrispondenti a 254 femmine, 235 maschi e 3 indeterminati, che rappresentano un numero minimo di individui presenti. Complessivamente, 103 individui sono stati ricampionati almeno una volta (i.e. 2 catture), con un massimo di nove catture per singolo genotipo. Il tasso medio di cattura è stato di 1,50 (DS = 0,93) rilevamenti per individuo, con valori specifici di 1,47 (DS = 0,91) e 1,53 (DS = 0,96) rispettivamente per le femmine e i maschi.

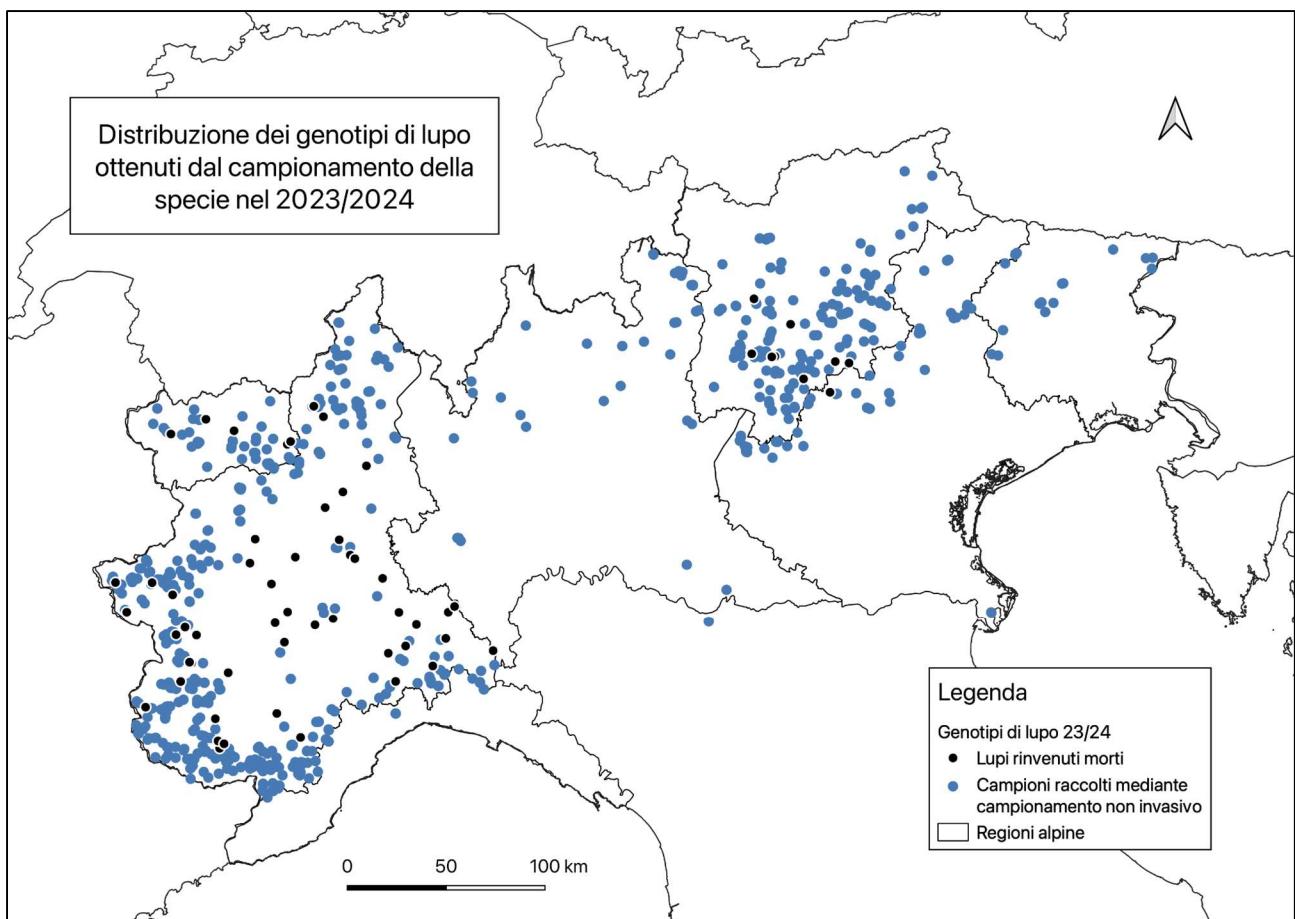


Figura 6. Distribuzione dei campioni biologici di lupo con genotipo raccolti nell'anno di campionamento 2023/2024 ed utilizzati per le analisi di consistenza della popolazione alpina di lupo. In blu le fatte e i campioni di saliva, in nero i lupi morti.

In Appendice 1 viene descritta l'analisi genetica condotta dal laboratorio NGC nell'ambito del progetto LIFE WolfAlps EU sui campioni raccolti nel 2023-2024 nelle regioni Piemonte, Veneto e Friuli Venezia Giulia. Questi campioni rappresentano la maggior parte dei campioni genotipizzati e sono stati utilizzati per valutare i livelli di eterozigosità, che possono essere rappresentativi per la totalità della popolazione, essendo distribuiti sia nelle Alpi orientali che occidentali.

3.3 La distribuzione della popolazione di lupo nelle regioni alpine italiane

La distribuzione della specie nelle regioni alpine nell'anno 2023/2024 (Avanzinelli et al. 2024), come per gli anni precedenti, è rappresentata dal *range minimo* occupato di presenza del lupo, calcolato sulla base della distribuzione dei segni di presenza lupo documentati nelle celle della griglia di campionamento (10x10 km) secondo i criteri di validazione e interpretazione indicati nelle Linee guida sopra citate (Marucco et al. 2020). Sono stati considerati un minimo di 1 dato C1 oppure 2 dati C2 indipendenti per la conferma della presenza nella cella, in linea con il passato e nel rispetto dei parametri della strategia internazionale alpina definita nell'ambito del Progetto LIFE WolfAlps EU (WAG 2022). La Figura 3 aggiorna la distribuzione del lupo nelle regioni alpine italiane per il periodo 2023–2024, fornendo un quadro aggiornato utile al monitoraggio integrato della popolazione alpina condivisa con le altre sei nazioni confinanti, come previsto dal progetto LIFE WolfAlps EU (2019–2024) e dal Wolf Alpine Group (WAG 2022).

Nel 2023–2024, la superficie complessiva di presenza accertata della specie è risultata pari a **circa 60600 km²**, stimata sulla base di **15248 segni di presenza verificati (49,9% di tipo C1 e 50,1% di tipo C2)**. Si conferma

quindi un'ulteriore espansione dell'areale rispetto al 2020–2021. La colonizzazione naturale del lupo nelle regioni alpine italiane è tuttora in corso. L'espansione è stata particolarmente evidente nel settore centro-orientale, dove la specie continua a occupare nuove aree, e nelle aree di collina e pianura del settore nord-occidentale.

Nel settore occidentale (Liguria, Piemonte, Valle d'Aosta), la presenza del lupo appare ormai stabilizzata nelle aree montane, con l'intera fascia alpina occupata e solo lievi variazioni interannuali; contemporaneamente, la specie ha esteso la propria presenza alle aree collinari e di pianura, in particolare in Piemonte. Nel settore centro-orientale (Lombardia, Trentino-Alto Adige, Veneto e Friuli Venezia Giulia), la distribuzione è ancora frammentata, ma caratterizzata da una rapida espansione, soprattutto in Trentino-Alto Adige, Veneto e Friuli Venezia Giulia. Nel complesso, i risultati confermano un chiaro *trend* di crescita e di ampliamento dell'areale della specie in tutte le regioni alpine, con un progressivo consolidamento nel settore occidentale e una fase di espansione attiva nel settore centro-orientale, a testimonianza del continuo processo di ricolonizzazione naturale in atto dal ritorno del lupo sulle Alpi.

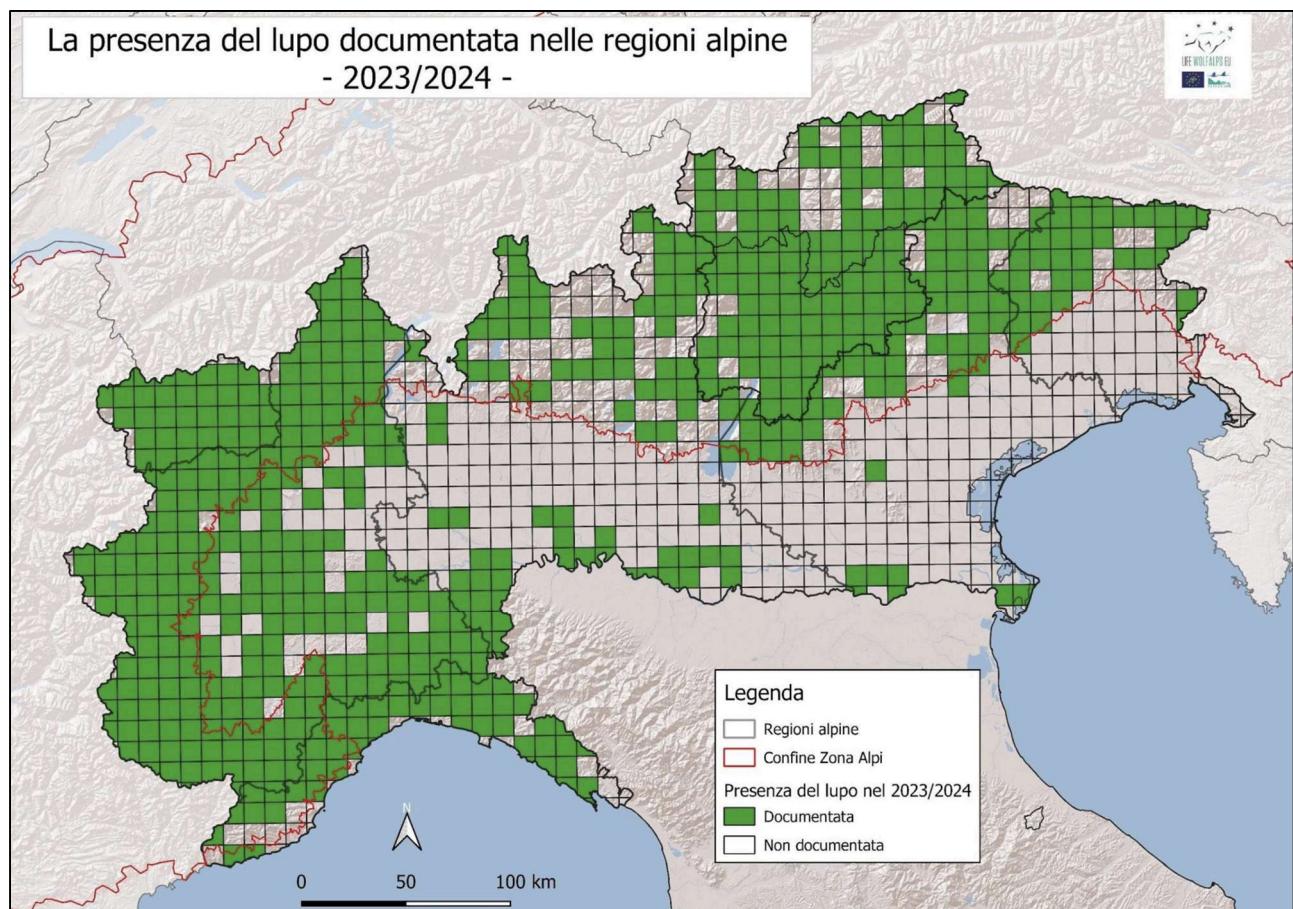


Figura 7. Distribuzione del lupo documentata nelle regioni alpine nel 2023-2024, rappresentato come range minimo occupato dalla specie sulla base dei dati raccolti durante l'anno biologico. Coordinamento effettuato nell'ambito del Progetto LIFE WolfAlps EU (Avanzinelli et al. 2024).

3.4 La stima dell'abbondanza della popolazione di lupo nelle regioni alpine italiane

Grazie al campionamento genetico non invasivo intensivo condotto tra ottobre 2023 e aprile 2024, un totale di 737 campioni di lupo è stato genotipizzato con successo e incluso nell'analisi di modellizzazione per la stima della consistenza della popolazione di lupo nelle regioni alpine (Figura 6). Tali campioni risultano attribuibili a 492 individui (genotipi identificati, ad esclusione degli individui morti), che rappresentano un numero minimo di genotipi presenti durante l'inverno 2023/24 sull'intero territorio alpino (Figura 6). Le catture e ricatture dei singoli genotipi hanno permesso di stimare la componente non campionata della popolazione attraverso i modelli SECR. In particolare, la combinazione tra le catture e ricatture corredate di posizione nel territorio e la quantificazione dello sforzo di campionamento, come sopra descritta (Figure 2, 3, 4) è risultata fondamentale per stimare tramite i modelli SECR la probabilità di contattare gli individui, necessaria per stimare la dimensione della popolazione non campionata. Di seguito vengono riportati i risultati alla scala dell'intera popolazione alpina di lupo ma anche per le due popolazioni centro-orientale e centro-occidentale e a livello di Regione e Provincia Autonoma.

L'abbondanza dei lupi per l'intera area di studio (Figura 8), che comprende tutte le regioni alpine italiane, durante l'inverno 2023/2024, è stata stimata (con un intervallo di credibilità al 95%) in **1124 individui (CI95%: 980-1316)**. Sulla base della localizzazione dei centri di attività individuali ottenuta con il modello, si stima che, di questi individui, **768 (CI95%: 665-882)** costituiscano la porzione centro-occidentale della popolazione, mentre **356 individui (CI95%: 295-437)** la porzione centro-orientale (Tabella 3). Inoltre, sempre utilizzando le stime dei centri di attività degli individui campionati, è stata quantificata la densità spaziale all'interno dei diversi territori regionali e delle Province Autonome e le relative stime di densità corredate dagli intervalli di credibilità (Tabella 4).

Area	2020-2021 Totale	2023-2024 Totale
Centro-Est	266 (204-343)	356 (295 - 437)
Centro-Ovest	680 (602-774)	768 (665 - 882)
Regioni alpine (totale)	946 (822-1099)	1124 (980 - 1316)

Tabella 3. Abbondanza del lupo stimata dal modello SECR per l'anno di monitoraggio 2023/2024 per settore, Est e Ovest, e confronto con le stime ottenute nel 2020-2021.

Area (Regione o Provincia autonoma)	Stima della consistenza del lupo (CI 95%)
Bolzano	50 (35 - 68)
Friuli-Venezia Giulia	46 (31 - 65)
Liguria	211 (168 - 259)
Lombardia	82 (59 - 112)
Piemonte	464 (407 - 542)
Trento	125 (107 - 148)
Valle d'Aosta	52 (42 - 65)
Veneto	93 (70 - 119)
Regioni alpine (totale)	1124 (980 - 1316)

Tabella 4. Abbondanza del lupo stimata dal modello SECR per l'anno di monitoraggio 2023/2024 suddivisa per unità amministrativa. Nello specifico in ogni riga sono riportate le diverse aree considerate, con la suddivisione tra Regioni e Province autonome, e la relativa stima con Intervallo di Credibilità (CI) al 95%.

Una precisazione riguarda le analisi relative alla Regione Liguria. Durante la stagione di campionamento non è stato possibile ottenere risultati genetici numericamente sufficienti sui campioni raccolti, utili per la stima di popolazione. Di conseguenza, la stima dell'abbondanza dei lupi per questa Regione deriva esclusivamente da una proiezione modellistica. Per questo motivo si raccomanda cautela nella sua interpretazione.

Sulla base del confronto con la precedente stima riferita al periodo 2020–2021, è stato possibile stimare il tasso di crescita annuale della popolazione (λ), evidenziando differenze tra i due settori alpini. In particolare, nel settore centro-orientale delle Alpi è emerso un tasso di crescita più elevato con $\lambda = 1.10$ (1-1.21), indicativo di una fase di espansione demografica più marcata, mentre nel settore centro-occidentale il tasso stimato risulta più contenuto con $\lambda = 1.04$ (0.98-1.09), coerente con una popolazione ormai prossima alla stabilizzazione. Considerando l'intera popolazione delle regioni alpine nel suo complesso, il tasso di crescita annuale stimato è pari a $\lambda = 1.06$ (1.00-1.12). Tali risultati confermano un quadro generale di espansione rispetto al 2020–2021, con la maggior parte della popolazione concentrata nel settore occidentale tra Liguria, Piemonte e Valle d'Aosta, dove il lupo si è progressivamente esteso dalle aree montane, ormai ampiamente occupate, verso contesti collinari, di pianura e più urbanizzati. Al contrario, nelle regioni centro-orientali si osserva la crescita più rilevante rispetto alla precedente stima, accompagnata da un'espansione sempre più capillare nei territori alpini e prealpini.

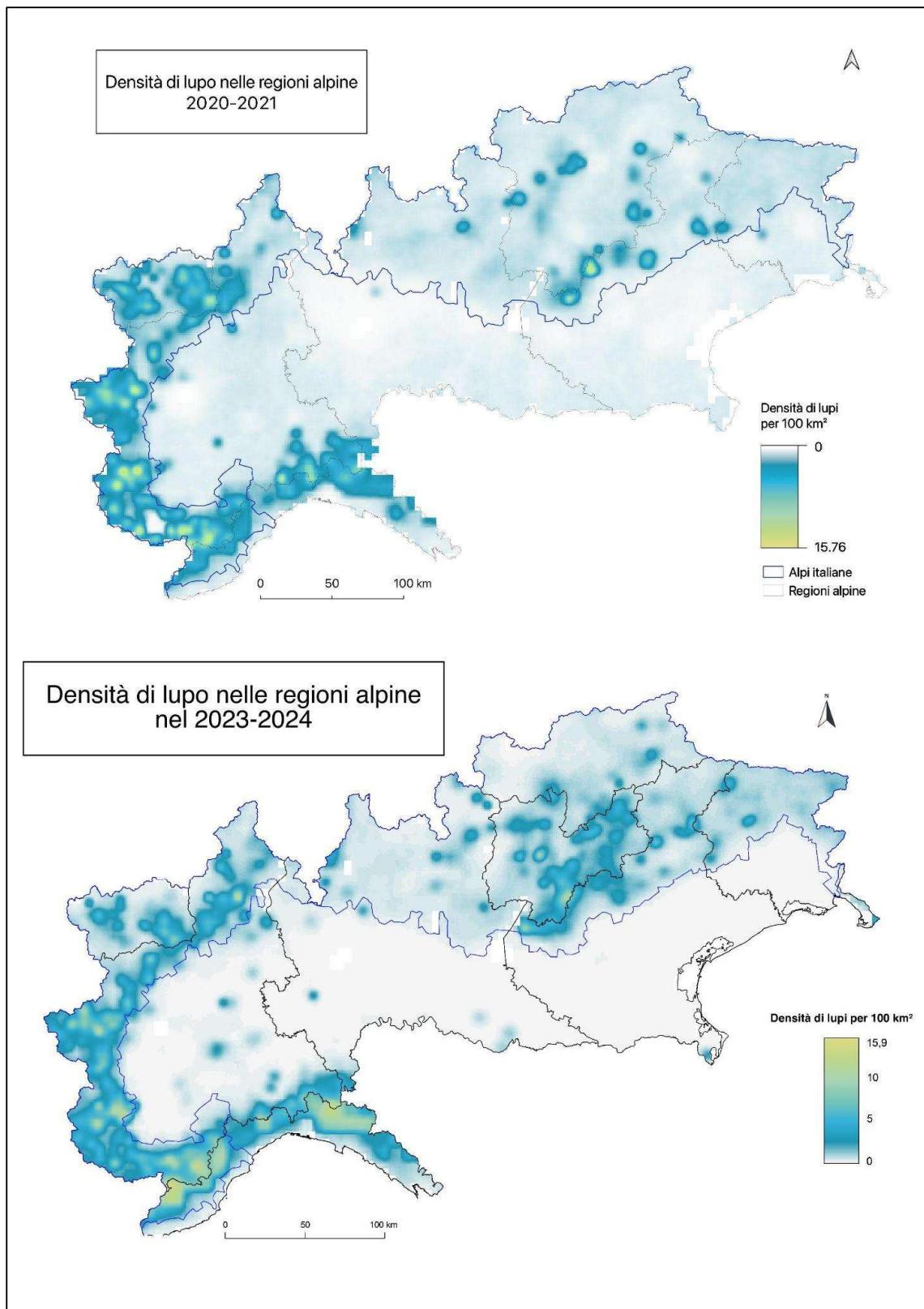


Figura 8. Mappa di densità di lupo per tutta l'area delle Regioni alpine, i cui confini amministrativi sono rappresentati dalla linea nera, e per l'area identificata come "alpina", il cui confine è rappresentato dalla linea blu. La stima è stata ottenuta per la stagione di monitoraggio 2023-2024 tramite il modello SECR. Viene proposto un confronto con la mappa di densità ottenuta con lo stesso approccio nella stagione 2020-2021 (Marucco et al. 2022, 2023).

APPENDICE 1. Le analisi statistiche e i modelli esplicativi spaziali di cattura-ricattura (SECR)

M.V. Boiani, P. Dupont, e F. Marucco
Norwegian University of Life Sciences, NMBU
University of Torino, Dipartimento Scienze della Vita e Biologia dei sistemi, DBIOS

Per poter analizzare i dati raccolti per l'intero arco alpino italiano tramite campionamento genetico non invasivo (NGS), abbiamo sviluppato un modello Bayesiano di cattura-marcatura spaziale (*Spatial Explicit Capture-Recapture*, SECR) (Royle 2009) partendo dal modello costruito per la stima della popolazione di lupo nelle alpi italiane del biennio 2020/2021 (Marucco et al. 2022, Marucco et al. 2023).

I modelli SECR possono essere strutturati in tre sottomodelli:

- i) un modello spaziale che descrive la distribuzione dei centri di attività (AC) degli individui;
- ii) un modello di stato, a scala di individuo, utilizzato per stimare la dimensione della popolazione;
- iii) un modello di contattabilità che descrive come la probabilità di contattabilità individuale vari nello spazio.

Modello spaziale

I modelli SECR standard assumono che i centri di attività degli individui siano uniformemente distribuiti nell'habitat disponibile S , assumendo così una densità di popolazione omogenea (Royle et al. 2013). Nella nostra analisi, definiamo l'area di studio S come una griglia a risoluzione 5 km che copre l'intera regione alpina italiana, estesa di 30 km verso l'esterno per consentire la possibilità che individui con centri di attività (AC) fuori dall'area possano essere rilevati all'interno. Abbiamo inoltre rimosso tutte le celle della griglia che erano coperte da più del 50% di neve perenne (ghiacciai) o più del 50% di grandi laghi o ancora con densità di popolazione umana superiore a 5000 ab/km² ritenendole a priori non idonee.

Essendo la densità dei lupi nelle Alpi tutt'altro che omogenea (Marucco et al. 2023), al fine di tenere conto di questa potenziale violazione dell'assunto e stimare la variazione spaziale della densità del lupo, abbiamo modellato la distribuzione dei centri di attività individuali su S come un processo puntiforme binomiale disomogeneo (Wei et al. 2021, Illian 2008) con intensità:

$$I_h = e^{\beta X_h}$$

dove I_h è l'intensità del processo puntiforme nella cella h della griglia dell'habitat, X_h è il vettore dei valori delle covariate per la cella h della griglia dell'habitat e β è il vettore dei coefficienti associati. Per modellare i centri di attività individuali, abbiamo quindi considerato le seguenti covariate:

- Presenza storica del lupo: la densità attuale del lupo è il risultato della storia di ricolonizzazione della specie nelle Alpi italiane dalla popolazione appenninica (Fabbri et al. 2007, Marucco et al. 2010) e dinarica (Fabbri et al. 2014). Per ottenere uno strato che potesse rappresentare questo processo abbiamo combinato le griglie di presenza del lupo, con risoluzione 10 km, prodotte dalla Large Carnivore Initiative Europe (LCIE-IUCN) nel 2014 (Chapron et al. 2014) e nel 2018 (Boitani et al. 2018, IUCN Red List). La prima griglia è basata su informazioni raccolte dal 2006 al 2012, mentre la seconda griglia ha utilizzato i dati dal 2012 al 2016. Entrambe le griglie hanno classificato la presenza del lupo negli anni considerati come sporadica o permanente, abbiamo trasformato questa informazione in valore numerico (1 per sporadica e 3 per permanente). In un secondo momento abbiamo sommato le due griglie (ponderate in base alla sovrapposizione dell'area tra la griglia LCIE-IUCN di 10 km e la griglia habitat di 5 km utilizzata nel modello) per creare un indice della presenza storica dei lupi in ogni cella della griglia habitat (da 0, nessuna presenza di lupo registrata nei due periodi, a 6, presenza permanente nei due periodi).

- % di copertura forestale: Partendo dal Corine Land Cover (CLC) 2018, la più recente elaborazione di Copernicus per l'uso del suolo a livello europeo, abbiamo calcolato la percentuale di copertura forestale complessiva raggruppando tutte le categorie forestali (latifoglie, conifere e miste) sotto un'unica classe forestale, in un secondo passo abbiamo calcolato la percentuale complessiva per ogni cella della griglia dell'habitat.

- % di vegetazione bassa naturale: Come sopra, abbiamo utilizzato in input il dato CLC 2018. Al fine di ottenere questo strato abbiamo aggregato diverse categorie come: brughiera, arbusti di transizione e praterie naturali che rientravano nella classificazione più ampia di vegetazione bassa naturale. Abbiamo in ultimo calcolato la percentuale di copertura per ogni cella della griglia dell'habitat.

- % di roccia nuda: Quest'ultima covariata ambientale, come le due precedenti è stata originata a partire dal CLC 2018, è data dall'aggregazione di tutti quegli strati riferiti alla vegetazione rada o assente. La percentuale è quindi calcolata per tutte le celle della griglia dell'habitat.

- Densità della popolazione umana: Abbiamo ottenuto una quantificazione della popolazione umana attraverso l'aggregazione e il calcolo del valore medio della griglia di densità della popolazione umana di WorldPop (<https://www.worldpop.org/>), che originariamente ha una risoluzione di 1 km, per tutte le celle della griglia dei detectors. L'unità di misura è il numero di abitanti per chilometro quadrato. In ultimo, abbiamo applicato a tutte le celle della griglia ottenuta precedentemente una trasformazione logaritmica al fine di rendere la distribuzione dei dati più vicina a una distribuzione normale.

Per selezionare le covariate più informative e valutare la loro importanza relativa nel modello, abbiamo utilizzato un approccio Bayesiano con algoritmo *reversible-jump Monte Carlo Markov chain* (RJMCMC) (Green, 1995; O'Hara & Sillanpää, 2009).

In questo schema, a ciascun coefficiente di regressione β è associato un parametro indicatore binario w , che controlla la probabilità di inclusione della corrispondente covariata nel modello. L'intensità del processo puntiforme diventa quindi:

$$I_h = e^{w\beta_h}$$

dove $w=1$ indica che la covariata è inclusa, mentre $w=0$ che è esclusa dal modello.

Questa procedura consente di stimare la probabilità posteriore di inclusione (*Posterior Inclusion Probability*, PIP) di ciascuna covariata e di derivare le probabilità posteriori dei modelli, permettendo di identificare la combinazione di variabili che meglio descrive la distribuzione spaziale della densità del lupo.

Modello di stato individuale

Al fine di poter stimare la popolazione totale, i modelli bayesiani SECR utilizzano generalmente un approccio di incremento dei dati, ovvero vengono simulati nel modello degli individui potenzialmente non campionati ma presenti nella popolazione (Royle et al. 2013). Per poter tener conto di questa funzione, lo stato di un individuo è descritto da una variabile di stato Z avente distribuzione di Bernoulli, che assume valore 1 se l'individuo è un vero membro della popolazione e 0 nel caso contrario (ovvero se è uno di quegli individui inseriti nel modello tramite incremento dei dati):

$$z_i \sim Bernoulli(\psi)$$

dove ψ è la probabilità per un individuo del gruppo di individui stimati presenti anche se non campionati di appartenere alla popolazione. La dimensione della popolazione (N) si ottiene quindi sommando il vettore Z :

$$N = \sum_{i=1}^M z_i$$

dove M è il numero totale di individui considerati nel gruppo aumentato ($M >> N$).

Allo stesso modo, anche sesso e *status* sociale possono essere stimati per questi individui e per quelli di cui non si ha preventivamente l'informazione sul sesso o lo *status* sociale (Indeterminati). Infatti, le covariate individuali mancanti sono una caratteristica comune dei modelli SECR, poiché queste saranno sempre mancanti per gli individui che non sono mai stati rilevati, cioè gli individui aumentati, e potrebbero anche essere mancanti per un certo numero di individui rilevati il cui stato non può essere determinato sulla base dei campioni raccolti (per esempio a causa di un'amplificazione del *sex-marker* fallita o a causa di incertezza nell'osservazione dello *status* sociale). Le covariate individuali sono quindi trattate come variabili latenti per le quali viene elaborato un modello all'interno del modello SECR stesso. Nella presente analisi, abbiamo modellato il sesso individuale come una variabile di stato proveniente da una distribuzione di Bernoulli, che assume valore 1 se l'individuo è femmina e 0 se maschio:

$$sex_i \sim Bernoulli(\rho)$$

dove ρ è la proporzione di femmine nella popolazione (di seguito la *sex-ratio*).

Poiché un assunto innovativo del nostro modello è che la probabilità di rilevamento, e quindi i modelli di rilevamento spaziale, differissero a seconda dello *status* sociale dei lupi nella popolazione, abbiamo anche considerato lo *status* degli individui rilevati sulla base delle analisi genetiche di *pedigree* di ogni branco individuato. In particolare, in ogni branco campionato, abbiamo distinto i genotipi tramite pedigree in:

- **alpha/genitori:** dalla ricostruzione del pedigree di ogni individuo è stato possibile definire con precisione gli individui riproduttori, quindi i due genitori
- **figli:** tramite analisi di *pedigree* è stato anche possibile definire con precisione i figli della coppia riproduttiva. Non è stato possibile definire l'età, quindi se figli dell'anno o dell'anno precedente, nel caso in cui la coppia fosse rimasta la stessa. Si indicano quindi come figli generici, senza definire l'età.
- **altro:** nel caso in cui il genotipo del lupo campionato fosse completamente diverso da quelli del branco in cui è presente, e non dimostrasse nessun legame di parentela con gli individui del branco
- **non determinato (NA):** nel caso in cui non fosse stato possibile risalire a nessuna informazione

Si vuole sottolineare l'unicità di questo tipo di dato soprattutto considerata l'ampia scala spaziale analizzata. Difatti, riuscire ad ottenere un riconoscimento degli individui a livello di *pedigree* per lo studio di una popolazione di carnivori costituisce un *unicum* a livello internazionale e i risultati di questa analisi sono sicuramente un primo passo verso un potenziamento della conoscenza della specie a scala sociale-spaziale.

Lo status sociale degli individui è stato poi modellato come una variabile di stato categorica:

$$status_i \sim Categorical(\theta_{sex})$$

dove θ_{sex} è un vettore sesso-specifico che denota la proporzione di individui di ogni sesso in ogni categoria di stato sociale ($\sum \theta_{sex} = 1$).

Modello di contattabilità

Il modello di contattabilità descrive come la probabilità di rilevamento individuale varia nello spazio, cioè come la probabilità di poter campionare o meno un individuo dipende dalla sua posizione rispetto alla posizione dei *detectors*, ovvero una serie di covariate trasformate in una rete puntiforme, utilizzate per descrivere al meglio il variare della probabilità di riscontrare o meno segni di presenza della specie. Questo perché uno degli assunti fondamentali dei modelli SECR è che la contattabilità è massima quando il punto di campionamento potenziale, *detectors*, coincide con il centro degli AC, e diminuisce seguendo una funzione semi-normale, all'allontanarsi da quel punto nello spazio (Borchers & Efford 2008). Questo valore massimo di contattabilità (*baseline detection*) è definito p_0 , mentre il parametro spaziale σ , che è uguale a $p_0/2$, è ritenuto essere in relazione con la dimensione dell'*home range* dell'individuo, o meglio parlando in termini probabilistici, all'uso dello spazio specifico.

Quindi, p_{ij} , ovvero la probabilità per l'individuo i di essere rilevato al *detectors* j , è in funzione della distanza d_{ij} tra il centro di attività individuale s_i e il *detectors* j :

$$p_{ij} = p_{o_{ij}} e^{\frac{-d^2}{2\sigma_i^2}}$$

Con

$$\text{logit}(p_{o_{ij}}) = p_{0_{se_i status_i}} + \beta X_j$$

e

$$\sigma_i = \sigma_{se_i status_i}$$

dove $p_{0_{se_i status_i}}$ è la probabilità di contattabilità di base, specifica per sesso e status, mentre $\sigma_{se_i status_i}$ è il parametro spaziale specifico per sesso e status (Royle et al. 2013), X_j è il vettore delle covariate relative ai *detectors* e β è il vettore dei coefficienti ed esse associati. Per modellare la contattabilità, abbiamo quindi considerato le seguenti covariate:

- Lunghezza dei trangetti (Figura 3): Che rappresenta la somma delle lunghezze di tutti i trangetti percorsi durante la stagione di campionamento (ottobre 2023 - aprile 2024) per ogni cella della griglia dei *detectors*. Per ogni transetto abbiamo considerato l'esatta percentuale di distanza percorsa, questo perchè nelle Alpi durante la stagione invernale, alcuni tratti dei trangetti non sono percorribili quando c'è neve al suolo e quindi per una questione di sicurezza gli operatori devono fermarsi prima del raggiungimento di quelle porzioni di transetto, e quindi del completamento dell'intero percorso. Per ulteriori dettagli riguardo lo svolgimento dei trangetti e il calcolo dello sforzo si rimanda al cap. 3.1.
- Esperienza degli operatori (Figura 5): Oltre alle informazioni riguardanti lo sforzo del campionamento (lunghezza dei trangetti), abbiamo individuato la necessità di tenere conto dell'esperienza di formazione degli operatori coinvolti nell'attività di monitoraggio. Abbiamo ottenuto questo dato moltiplicando un primo parametro dato dagli anni di coinvolgimento nell'attività di monitoraggio del lupo, identificato per province, e l'esperienza di ogni operatore, data dalla categoria di appartenenza (es. i guardiaparco hanno un'esperienza maggiore dei volontari). Il dato finale utilizzato dal modello è stato determinato dalla media dell'indice ottenuto per ogni cella della griglia.

- Neve al suolo: Per ottenere una stima delle quantità di neve caduta al suolo abbiamo calcolato la media, per ogni cella della griglia dei detectors, del totale della neve accumulata sulla superficie terrestre (in metri di acqua equivalente) durante la stagione di campionamento (ottobre 2023 - aprile 2024), dato originariamente ottenuto dalla rianalisi ERA-5 (<https://cds.climate.copernicus.eu/>).
- Densità della popolazione umana: Stessa variabile, ed elaborazione, della covariata utilizzata per la modellizzazione degli AC nel modello spaziale, vedi il paragrafo ‘Modello Spaziale’.

Infine, le informazioni ottenute riguardanti la contattabilità y_{ij} sono modellate come la realizzazione di un processo binomiale condizionato dallo status individuale, dal sesso e dalla probabilità di contattabilità specifica del *detectors*:

$$y_{ij} \sim \text{Binomial}(p_{ij} \cdot z_i, \text{size}_j)$$

Il prodotto p_{ij} è usato per imporre che gli individui aumentati nel modello non possano essere rilevati.

Per tenere conto del fatto che i lupi potrebbero essere rilevati in maniera opportunistica ovunque all'interno dell'area di studio (quindi non solamente durante lo svolgimento dei transetti sistematici, data la presenza di personale formato ovunque nelle regioni alpine), abbiamo sovrapposto una griglia di 5x5 km sull'intera area di studio e abbiamo usato i centroidi delle celle di questa griglia per definire le posizioni spaziali dei *detectors*. Ogni cella della griglia, durante la modellizzazione, è stata suddivisa in ulteriori 25 celle (*sub-detectors*) da 1x1 km utilizzando un modello Binomiale Parzialmente Aggregato (PAB, Miller et al. 2018) così da poter modellizzare la probabilità di contattabilità in ogni cella 5x5 invece di avere solamente valori 0 o 1 come invece si sarebbe ottenuto con una distribuzione di Bernoulli.

Abbiamo poi rimosso tutte le celle della griglia che erano coperte da più del 50% di neve perenne (ghiacciai) o più del 50% di grandi laghi o con densità di popolazione umana superiore a 5000 ab/km², ritenendole a priori non idonee alla presenza del lupo.

Nel modello SCR sono stati rimossi tutti i detector ricadenti in Liguria, poiché per questa regione non erano disponibili campioni NGS. L'inclusione di aree prive di dati avrebbe infatti introdotto porzioni di spazio in cui il processo di rilevamento non era attivo, con il rischio di interpretare in modo errato l'assenza di osservazioni.

In modo coerente, sono stati rimossi anche i transetti dalla matrice di effort. Di conseguenza, nelle aree liguri la probabilità di rilevamento di base è azzerata, riflettendo il fatto che in queste zone non è stato svolto alcun campionamento e non è quindi possibile stimare direttamente una probabilità di contatto. In queste aree, la stima deriva esclusivamente dall'informazione proveniente dalle aree limitrofe e dall'effetto delle variabili ambientali utilizzate per stimare la densità dei centri di attività, senza contributo diretto da parte dei dati di rilevamento locali.

Fitting del modello e post-processing

Per sviluppare i modelli SECR abbiamo utilizzato o il pacchetto NIMBLE versione 0.6-9 (de Valpine et al. 2017) implementato nel linguaggio statistico R (versione 3.5.2, R Development Core Team 2018). Al fine di ottenere dei risultati robusti abbiamo eseguito 4 diverse catene (Catena di Markov Monte Carlo, MCMC) aventi 50.000 interazioni ciascuna e infine scartato i primi 10.000 campioni come *burn-in*, portando ad un totale di 160.000 campioni MCMC. Abbiamo valutato la convergenza fra le catene MCMC guardando il valore potenziale di riduzione di scala, che combina il tasso di variabilità totale tra catene con la variabilità interna alle catene,

per tutti i parametri e la miscelazione delle catene usando dei *trace-plot* (Brooks e Gelman 1998). I campioni ottenuti dalle catene MCMC sono stati assottigliati selezionando un valore ogni 10 (*thinning rate*, che permette di ridurre il calcolo computazionale salvando solamente un iterazione ogni 10 e ridurre la correlazione fra campioni MCMC). Le stime dei nostri modelli SECR sono dunque basate su un campione di 16000 valori della distribuzione a posteriori. Per poter ottenere una stima dell'abbondanza per ogni area, quindi sia per l'intera regione di studio, per l'area alpina o considerando la divisione di Est e Ovest, abbiamo sommato il numero di posizioni dei centri di attività previsti dal modello che cadevano nell'area di interesse per ogni iterazione delle catene MCMC, generando così una distribuzione a posteriori dell'abbondanza per ogni area di interesse.

BIBLIOGRAFIA

AA.VV. (2021) Linee guida per la gestione degli ibridi lupo-cane nelle Regioni alpine - Progetto LIFE18 NAT/IT/000972 LIFE WolfAlps EU – AZIONE A6

Ausband D. E. (2022). Inherit the kingdom or storm the castle? Breeding strategies in a social carnivore. *Ethology*, 128, 152– 158. <https://doi.org/10.1111/eth.13250>

Avanzinelli E. e Marucco F. (2018) Lo stato di presenza del lupo in provincia di Torino nel periodo 2014-2018. In Marucco F. e Avanzinelli E. (2018): Lo Status del lupo in Regione Piemonte 2014-2018. In: Marucco et al. (2018). Lo Status della popolazione di lupo sulle Alpi Italiane e Slovene 2014-2018 Relazione tecnica, Progetto LIFE 12 NAT/IT/00080 WOLFALPS – Azione A4 e D1.

Bischof R., Brøseth, H., & Gimenez, O. (2016). Wildlife in a Politically Divided World: Insularism Inflates Estimates of Brown Bear Abundance. *Conservation Letters*, 9(2), 122–130. <https://doi.org/10.1111/CONL.12183>

Bischof R., Milleret, C., Dupont, P., Chipperfield, J., Tourani, M., Andr', A., Ordiz, A., de Valpine, P., Turek, D., Royle, J. A., Gimenez, O., Flagstad, Ø., Mikaelakesson, M. M., Svensson, L., Brøseth, H., & Kindberg, J. (2020). Estimating and forecasting spatial population dynamics of apex predators using transnational genetic monitoring. <https://doi.org/10.1073/pnas.2011383117/-DCSupplemental.y>

Bischof R., & Swenson, J. E. (2012). Linking noninvasive genetic sampling and traditional monitoring to aid management of a trans-border carnivore population. *Ecological Applications*, 22(1), 361–373. <https://doi.org/10.1890/11-0013.1>

Boitani L., and R. A. Powell (2012). *Carnivore Ecology and Conservation: A Handbook of Techniques*. Oxford University Press, New York, New York, 506 pp.

Boitani L., Alvarez F., Anders O., Andren H., Avanzinelli E., Balys V., Blanco J. C., Breitenmoser U., Chapron G., Ciucci P., Dutsov A., Groff C., Huber D., Ionescu O., Knauer F., Kojola I., Kubala J., Kutil M., Linnell J., Majic A., Mannil P., Manz R., Marucco F., Melovski D., Molinari A., Norberg H., Nowak S., Ozolins J., Palazon S., Potocnik H., Quenette P.-Y., Reinhardt I., Rigg R., Selva N., Sergiel A., Shkvyria M., Swenson J., Trajce A., Von Arx M., Wolf M., Wotschikowsky U., Zlatanova D. (2015) Key actions for Large Carnivore populations in Europe. Institute of Applied Ecology (Rome, Italy). Report to DG Environment, European Commission, Bruxelles. Contract no. 07.0307/2013/654446/SER/B3

Boitani L., Phillips M. & Jhala Y. (2018) *Canis lupus* (errata version published in 2020). The IUCN Red List of Threatened Species 2018: e.T3746A163508960. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2018-2.RLTS.T3746A163508960.en>.

Borchers D.L. and Efford M.G. (2008) Spatially Explicit Maximum Likelihood Methods for Capture–Recapture Studies. *Biometrics*, 64: 377-385. <https://doi.org/10.1111/j.1541-0420.2007.00927.x>

Caniglia R., Fabbri E., Konec M., Marucco F., Mattucci F., Mucci N., Pilgrim K.L., Schwartz M.K., Skrbinšek T., Stronen A.V., Velli E. (2021) International genetic protocols for cost-effective monitoring of the Alpine wolf population and detection of hybridization. Report for LIFE WolfAlps EU project LIFE18 NAT/IT/000972 Action A5-A6.

Chandler, R.B. and Royle, J.A. (2013) Spatially explicit models for inference about density in unmarked or partially marked populations. *Ann. Appl. Stat.* 7, 936–954. doi:10.1214/12-AOAS610

Chapron G., Kaczensky P., Linnell J.D.C., ... , Boitani L. (2014). Recovery of large carnivores in Europe's modern human-dominated landscapes. *Science*. 346 (6216) : 1517-1519. http://resolver.scholarsportal.info/resolve/00368075/v346i6216/1517_rolciemhl.xml.

Ciucci P., e Boitani L., (2011) Il monitoraggio del lupo (*Canis lupus*) in Italia: inquadramento, finalità e obiettivi. Università La Sapienza, Roma.

Cubaynes S., Pradel R., Choquet R. et al (2010) Importance of accounting for detection heterogeneity when estimating abundance: the case of French wolves. *Conserv Biol* 24:621–626

Cubaynes S., Lavergne C., Marboutin E. and Gimenez, O. (2012). Assessing individual heterogeneity using model selection criteria: How many mixture components in capture-recapture models? *Methods in Ecology and Evolution*, 3, 564–573.

Duchamp C., Boyer J., Briaudet P., Leonard Y., Moris P., Bataille A., Dahier T., Delacour G., Millisher G., Miquel C., Poillot C. and Marboutin E. (2012). Wolf monitoring in France : a dual frame process to survey time- and space-related changes in the population. *Hystrix, the Italian Journal of Mammalogy*, 23(1), pp.14-28. <https://doi.org/10.4404/hystrix-23.1-4559>

Dufresnes C., Remollino N., Stoffel C., Manz R., Weber J.-M., Fumagalli L. (2019). Two decades of non-invasive genetic monitoring of the grey wolves recolonizing the Alps support very limited dog introgression. *Sci. Rep.* 9, 148. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-37331-x>

Efford M. G. (2004). Density estimation in live-trapping studies. *Oikos* 106:598–610.

Efford M. G. and Fewster R. M. (2013). Estimating population size by spatially explicit capture-recapture. *Oikos*, 122(6), 918–928. <https://doi.org/10.1111/J.1600-0706.2012.20440.X>

Efford M. G. and Schofield M. R. (2020). A spatial open-population capture-recapture model. *Biometrics*, 76(2), 392–402. <https://doi.org/10.1111/BIOM.13150>

Evett I.W. & Weir B.S. (1998) Interpreting DNA Evidence: Statistical Genetics for Forensic Scientists. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts USA.

European Union, Copernicus Land Monitoring Service 2018, European Environment Agency (EEA)

Fabbri E., Miquel C., Lucchini V., Santini A., Caniglia R., Duchamp C., Weber J.M., Lequette B., Marucco F., Boitani L., Fumagalli L., Taberlet P. and Randi E. (2007). From The apennines to the Alps: colonization genetics of naturally expanding Italian wolf *Canis lupus* population. *Molecular Ecology* 16:1991–1671 10.1111/j.1365-294X.2007.03262.x.

Francisco L.V., Langston A.A., Mellersh C.S., Neal C.L., Ostrander E.A. (1996). A class of highly polymorphic tetranucleotide repeats for canine genetic mapping. *Mamm Genome* 7: 359–362.

Fredholm M. and Winteroe A.K. (1995). Variation of short tandem repeats within and between species belonging to the Canidae family. *Mamm Genome* 6: 11–18.

Genovesi P. (2006). Manuale per il monitoraggio del lupo. Documento interno. Ministero dell'Ambiente e della Tutela del Territorio e del Mare, INFS.

Green, J. P. (1995). Reversible jump Markov chain Monte Carlo computation and Bayesian model determination. *Biometrika*, 82, 711–732.

Hindrikson, M., Remm J., Pilot M., Godinho R., Stronen A.V., Baltrūnaitė L., ..., Saarma U. (2017). Wolf population genetics in Europe: a systematic review, metaanalysis and suggestions for conservation and management. *Biol. Rev.* 92, 1601–1629.

Kalinowski S.T., Taper M.L. (2006) Maximum likelihood estimation of the frequency of null alleles at microsatellite loci. *Conserv Genet* 7, 991–995 <https://doi.org/10.1007/s10592-006-9134-9>

Kellner, K. F., & Swihart, R. K. (2014). Accounting for imperfect detection in ecology: a quantitative review. *PloS one*, 9(10), e111436.

La Morgia V. , Marucco F. , Aragno P., Salvatori V., Gervasi V., De Angelis D., Fabbri E., Caniglia R., Velli E., Avanzinelli E., Boiani M.V., Genovesi P., 2022. Stima della distribuzione e consistenza del lupo a scala nazionale 2020/2021.

Relazione tecnica realizzata nell'ambito della convenzione ISPRA-Ministero della Transizione Ecologica "Attività di monitoraggio nazionale nell'ambito del Piano di Azione del lupo".

Lebreton J.-D., Burnham K.P., Clober, J. and Anderson D.R. (1992) Modeling survival and testing biological hypothesis using marked animals: a unified approach with case studies. *Ecological Monographs*, 62, 67–118.

Leonard J., Echegaray J. Rand E. Vilà C. (2015). Impact of hybridization with domestic dogs on the conservation of wild canids. *Free-Ranging Dogs Wildl. Conserv.* <https://doi.org/10.1093/acprof:osobl/9780199663217.003.0007>

Linnell J.D.C., Salvatori V. and Boitani L. (2008). Guidelines for population level management plans for large carnivores in Europe. Pages 1-78. A Large Carnivore Initiative for Europe (LCIE) report prepared for the European Commission (contract 070501/2005/424162/MAR/B2).

López-Bao, J. V., Godinho, R., Pacheco, C., Lema, F. J., García, E., Llaneza, L., ... & Jiménez, J. (2018). Toward reliable population estimates of wolves by combining spatial capture-recapture models and non-invasive DNA monitoring. *Scientific reports*, 8(1), 2177.

Louvrier J., Duchamp C., Lauret V., Marboutin E., Cubaynes S., Choquet R., Miquel C. and Gimenez O. (2018), Mapping and explaining wolf recolonization in France using dynamic occupancy models and opportunistic data. *Ecography*, 41: 647-660. <https://doi.org/10.1111/ecog.02874>

Lucchini V., Fabbri E., Marucco F., Ricci S., Boitani L., & Randi E. (2002). Noninvasive molecular tracking of colonizing wolf (*Canis lupus*) packs in the western Italian Alps. *Molecular Ecology*, 11, 857–868

Marucco F., Pletscher D. H. , Boitani L., Schwartz M. K., Pilgrim K. L., & Lebreton J. D. (2009) Wolf survival and population trend using non-invasive capture-recapture techniques in the Western Alps. *Journal of Applied Ecology* 46:1003-1010.

Marucco F., Avanzinelli E., S. Dalmasso S. & Orlando L. (2010). Rapporto 1999-2010 - Progetto Lupo Piemonte. Pages 1-136. Regione Piemonte, Torino

Marucco, F., E. Avanzinelli & M. Colombo. (2012) Il Monitoraggio del lupo in regione Piemonte. I dati raccolti nell'inverno 2011-2012. Centro Gestione e Conservazione Grandi Carnivori Regione Piemonte, Torino.

Marucco F., Mattei L., Papitto G., Bionda R., Ramassa E., Avanzinelli E., Pedrini P., Bragalanti N., Martinelli L., Canavese G., Sigaudo D., Pedrotti L., Righetti D., Bassano B., Agreiter A., Stadler M., Groff C., Fattori U., Tironi E., Malenotti E., Calderola S., Potocnik H. & Skrbinek T. (2014). Strategia, metodi e criteri per il monitoraggio dello stato di conservazione della popolazione di lupo sulle Alpi italiane. Progetto LIFE WOLFALPS, Azione A2.

Marucco, F., E. Avanzinelli, B. Bassano, R. Bionda, F. Bisi, S. Calderola, C. Chioso, U. Fattori, L. Pedrotti, D. Righetti, E. Rossi, E. Tironi, F. Truc & K. Pilgrim, Engkjer C. & Schwartz M. (2018). La popolazione di lupo sulle Alpi Italiane 2014-2018. Relazione tecnica, Progetto LIFE 12 NAT/IT/00080 WOLFALPS – Azione A4 e D1.

Marucco F., La Morgia V., Aragno P., Salvatori V., Caniglia R., Fabbri E., Mucci N. e P. Genovesi., (2020). Linee guida e protocolli per il monitoraggio nazionale del lupo in Italia. Realizzate nell'ambito della convenzione ISPRA-Ministero dell'Ambiente e della Tutela del Territorio e del Mare per "Attività di monitoraggio nazionale nell'ambito del Piano di Azione del lupo".

https://www.isprambiente.gov.it/files2020/notizie/linee-guida-e-protocolli_monitoraggio_lupo.pdf

Marucco F., E. Avanzinelli, M. V. Boiani, A. Menzano, S. Perrone, P. Dupont, R. Bischof, C. Milleret, A. von Hardenberg, K. Pilgrim, O. Friard, F. Bisi, G. Bombieri, S. Calderola, S. Carolfi, C. Chioso, U. Fattori, P. Ferrari, L. Pedrotti, D. Righetti, M. Tomasella, F. Truc, P. Aragno, V. La Morgia, P. Genovesi (2022). La popolazione di lupo nelle regioni alpine Italiane 2020-2021. Relazione tecnica dell'Attività di monitoraggio nazionale nell'ambito del Piano di Azione del lupo ai sensi della Convenzione ISPRAMITE e nell'ambito del Progetto LIFE 18 NAT/IT/000972 WOLFALPS EU. https://www.lifewolfalps.eu/wp-content/uploads/2022/05/REPORT_REGIONI_ALPINE_16_05_2022_FINAL.pdf

Marucco, F., Boiani, M. V., Dupont, P., Milleret, C., Avanzinelli, E., Pilgrim, K., ... & Bischof, R. (2023). A multidisciplinary approach to estimating wolf population size for long-term conservation. *Conservation Biology*, 37(6), e14132. <https://doi.org/10.1111/cobi.14132>

Marucco , F., Andren, H., Boiani, M.V., Boitani, L., Chapron, G., Hatlauf, J., Huber, D., Kindberg, J., Molinari-Jobin, A., Ranc, N., Rigg, R., Kaczensky P. and Reinhardt, I. (2025) Monitoring Standards for Large carnivores in Europe. Document prepared after the Large Carnivore Initiative for Europe, LCIE, IUCN SSC group. www.lcie.org.

Mech L.D. & Boitani L. (2003) Wolves: Behavior, Ecology, and Conservation. Chicago & London: University of Chicago Press.

Milleret, C.. Dupont, P., Semper-Pascual, A., Brøseth, H., Flagstad, Ø., Kindberg, J., Svensson, L., & Bischof, R. (2025). Estimates of wolf density, abundance, and population dynamics in Sweden and Norway, 2015-2025. [10.13140/RG.2.2.32707.72486](https://doi.org/10.13140/RG.2.2.32707.72486).

Milleret, C., Duchamp, C., Bauduin, S., Kaerle, C., Pirog, A., Queney, G., & Gimenez, O. (2025). Estimating wolf population size in France using non-invasive genetic sampling and spatial capture recapture models. arXiv preprint arXiv:2508.12434.

Montana L, Caniglia R, Galaverni M, Fabbri E, Randi E. (2017) A new mitochondrial haplotype confirms the distinctiveness of the Italian wolf (*Canis lupus*) population. *Mamm. Biol.* 84, 30–34.

McDonald T.L. and S.C. Amstrup (2001) Estimation of Population Size Using Open Capture-Recapture Models, *Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics* Vol. 6, No. 2, in *Estimation of Animal Abundance and Related Parameters* (Jun., 2001), pp. 206-220 (15 pages)

McKelvey K.S. & Schwartz M.K. (2004). Genetic error associated with population estimation using non-invasive molecular tagging: problems and new solutions. *The Journal of Wildlife Management*, 68: 439-448. [https://doi.org/10.2193/0022-541X\(2004\)068\[0439:GEAWPE\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.2193/0022-541X(2004)068[0439:GEAWPE]2.0.CO;2)

McKelvey K.S. & Schwartz M.K. (2005), dropout: a program to identify problem loci and samples for noninvasive genetic samples in a capture-mark-recapture framework. *Molecular Ecology Notes*, 5: 716-718. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2005.01038>.

Milleret C., Dupont P., Brøseth H., Kindberg J., Royle J.A. & Bischof R. (2018) Using partial aggregation in spatial capture recapture. *Methods Ecol Evol*; 9: 1896– 1907. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13030>

Neff M.W., Broman K.W., Mellersh C.S., Ray K., Ackland G.M., Aguirre G.D., Ziegler J.S., Ostrander E.A. & Rine J. (1999). A second-generation genetic linkage map of the domestic dog, *Canis familiaris*. *Genetics* 151:803–820.

O'Hara, R. B., & Sillanpää, M. J. (2009). A review of Bayesian variable selection methods: What, how and which. *Bayesian Analysis*, 4(1), 85–117.

Ostrander E.A., Sprague G.F., Rine J. (1993). Identification and characterization of dinucleotide repeat (CA)n markers for genetic mapping in dogs. *Genomics* 16: 207–213.

Paetkau, D, & Strobeck C. 1994. Microsatellite analysis of genetic variation in black bear populations. *Molecular Ecology*. 3. 489-95.

Peakall R. & Smouse P.E. (2006). GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes* 6, 288-295.

Peakall R. & Smouse P.E. (2012). GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics* 28, 2537-2539.

Pilgrim K., C. Engkjer C., Schwartz M. (2018) Genetic Analysis Summary and Preliminary Population (2018) Genetic Evaluation of Wolves (*Canis lupus*) in the Italian Alps in 2014-2018. In: Marucco et al. (2018). Lo Status della popolazione di lupo sulle Alpi Italiane e Slovene 2014-2018 Relazione tecnica, Progetto LIFE 12 NAT/IT/00080 WOLFALPS – Azione A4 e D1.

Pledger S., Pollock K.H. and Norris J.L. (2003) Open capture-recapture models with heterogeneity: I. Cormack-Jolly-Seber model. *Biometrics*, 59, 786–794.

R Core Team, R: A language and environment for statistical computing (R Version 3.6.1). <https://www.r-project.org/>
Accessed 27 November 2019.

Randi E. V Lucchini, MF Christensen, N Mucci, SM Funk, G Dolf & V. Loeschcke (2000) Mitochondrial DNA Variability in Italian and East European Wolves: Detecting the Consequences of Small Population Size and Hybridization. *Conservation Biology*, 14(2), 464–473.

Ražen N., Brugnoli A., Castagna C., Groff C., Kaczensky P., Kljun F., Knauer F., Kos I., Krofel M., Luštrik R., Majić A., Rauer G., Righetti D. and Potočnik H. (2016). Long-distance dispersal connects Dinaric-Balkan and Alpine grey wolf (*Canis lupus*) populations. *European Journal of Wildlife Research*, 62, 137–142.
<https://doi.org/10.1007/s10344-015-0971-z>

Reinhardt I., Kluth G., Nowak C., et al. (2019). Military training areas facilitate the recolonization of wolves in Germany. *Conservation Letters*. 2019;e12635. <https://doi.org/10.1111/conl.12635>

Royle J.A., Karanth K.U., Gopalaswamy A.M. & Kumar N.S. (2009) Bayesian inference in camera trapping studies for a class of spatial capture–recapture models. *Ecology*, 90: 3233–3244. <https://doi.org/10.1890/08-1481.1>

Royle J.A., Chandler R.B., Gazenski K.D. & Graves T.A. (2013) Spatial capture–recapture models for jointly estimating population density and landscape connectivity. *Ecology*, 94: 287–294. <https://doi.org/10.1890/12-0413.1>

Royle J.A., Chandler R.B., Sun C.C. & Fuller A.K. (2014) Reply to Efford on ‘Integrating resource selection information with spatial capture–recapture’. *Methods Ecol Evol*, 5: 603–605. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12205>

Schwartz et al. (2015) Summary of the Genetic Workshop, organized in the framework of the 8th Wolf Alpine Group Workshop “Wolf monitoring over the Alps - towards a unique genetic approach” organized in Bormio, Italy, on 28/10/20105.

Thompson W.L. (2004) Sampling Rare or Elusive Species. Island Press, Covelo, Ca.

Tourani, M. (2022). A review of spatial capture–recapture: Ecological insights, limitations, and prospects. *Ecology and Evolution*, 12(1), e8468.

Valière N., Fumagalli L., Gielly L., Miquel C., Lequette B., Pouille M.-L., Weber J.M., Arlettaz R., Taberlet P. (2006). Long-distance wolf recolonization of France and Switzerland inferred from non-invasive genetic sampling over a period of 10 years. *Animal Conservation*. 6. 83 - 92. 10.1017/S1367943003003111.

de Valpine P., Turek D., Paciorek C.J., Anderson-Bergman C., Temple Lang D. and Bodik R. (2017) Programming with models: writing statistical algorithms for general model structures with NIMBLE. *J. Comput. Graph. Stat.* 26, pp. 403–413. doi:<https://doi.org/10.1080/10618600.2016.1172487>.

Wolf Alpine Group (2014). Wolf population status in the alps: pack distribution and trends up to 2012.

Wolf Alpine Group (2018). Wolf population status in the Alps: pack distribution and trend in 2015–2016.

Wolf Alpine Group (2022). The integrated monitoring of the wolf alpine population over 6 countries. Report for LIFE WolfAlps EU project LIFE18 NAT/IT/000972, Action A5. 5 https://www.lifewolfalps.eu/wp-content/uploads/2022/05/A5_Deliverable_Monitoring-Standards-of-the-Wolf-alpine-population-1.pdf

WorldPop Data (2021) WorldPop, University of Southampton, Southampton, UK. 2021.
http://www.worldpop.org.uk/data/data_sources.