

Ocena številčnosti rjavega medveda v Sloveniji v letu 2023 in nekaterih drugih demografskih parametrov

Končno poročilo

Ljubljana, avgust 2025

Izvajalec projekta:

Zavod za gozdove Slovenije, Večna pot 2, 1000 Ljubljana



**Zavod za gozdove
Slovenije**

Podizvajalci v projektu:

DivjaLabs d.o.o.

Lovska zveza Slovenije

Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta

Društvo Dinaricum

Dr. Klemen Jerina

Matson's Laboratory



Lovska zveza Slovenije



Naročnik in financer:

Ministrstvo za naravne vire in prostor, Dunajska 48, 1000 Ljubljana



**REPUBLIKA SLOVENIJA
MINISTRSTVO ZA NARAVNE VIRE IN PROSTOR**

Pri pripravi poročila so sodelovali:

Bartol Matej (ZGS), Boljte Barbara (DivjaLabs), Černe Rok (ZGS), Hrga Nuša (DivjaLabs), Hvala Tilen (LZS, ZGS), Jerina Klemen, Konec Marjeta (DivjaLabs), Marenče Miha (ZGS), Simčič Gregor (ZGS, DivjaLabs), Skrbinšek Tomaž (DivjaLabs, BF), Trajbarič Aleksander (ZGS).

Še posebno se zahvaljujemo naslednjim sodelavcem, brez katerih ne bi bilo mogoče izvesti genetskega vzorčenja medveda:

Abrahamsberg Jana, Adamič Aljaž, Ajdišek Bine, Albreht Alojz, Alič Katja, Alič Rok, Ambrož Janez, Ambrožič Janko, Ambrožič Miloš, Andlovec Blaž, Andrejasič Jožef, Andrejašič Valter, Andrejčič Damjan, Anzeljc France, Anzeljc Stanko, Anžič Bojan, Avguštin Tilen, Avsec Lidija, Avsec Žiga, Bajc Grega, Bajec Peter, Bajec Primož, Bambič Aleš, Bambič Miha, Barba Anton, Baričič Rok, Barret Fabien, Bartol Bogdan, Bartol Jože, Bartol Marica, Bartol Matej, Bartol Miran, Bartol Polona, Baša Mirko, Bauer Bojan, Bauer Siniša, Bekanovič Stanko, Bekanovič Marjan, Bele Černač Dunja, Benedik Peter, Berce Tomaž, Berkopce David, Bigec Jožef, Bijek Rafael, Biličič Radko, Bizjak Anton, Bizjak Miha, Blatnik Franc, Blatnik Jaka, Blatnik Matevž, Blatnik Tone, Bogatec Renato, Bogovič Gregor, Bokavšek Roman, Bolčina Aljoša, Bolčina Gregor, Bolčina Zoran, Bonča Bogdan, Borštnik Jan, Borštnik Janez, Borštnik Tadej, Boškin Peter, Boškin Vojko, Bošnjak Gorazd, Boštjančič Slavko, Boštjančič Franci, Boštjančič Marijan, Božeglav Matjaž, Božič Ivan, Božič Tine, Bradač Branko, Bradač Emil, Bradač Lado, Brčon Blaž, Bregar Anton, Breitenberger Bojan, Brenkuš Marko, Brinc Branko, Brožič Sandi, Brus Andrej, Brus Marjan, Brzek Peter, Buh Jaka, Burazer Gašper, Burazer Matic, Burazer Tadej, Burger Stanislav, Bursy Matic, Cantarutti Janez, Cantarutti Peter, Car Vid, Ceglar Edvard, Cej Matej, Cej Milenko, Cej Sebastjan, Celin Simon, Cof Nina, Colja Egon, Curl Janez, Cvar Andrija, Cvetan Stanko, Čamernik Samo, Čampa Žiga, Čar Anton, Čenčič Gropa, Čepar Davor, Čepar Sebastjan, Černač Gregor, Černe Blaž, Černe Rok, Černe Tomaž, Černilogar Jure, Česnik Boštjan, Česnik Danijel, Česnik Julijan, Česnik Stanko, Česnik Žan, Češarek Domen, Češarek Gregor, Češarek Marjan, Češnovar Janko, Čibej Drago, Čibej Mojca, Čikič Miroslav, Čonč Špela, Čop Simon, Črnetič Drago, Črnič Roman, Čuk Boštjan, Debeljak Andrej, Debeljak Leon, Debeljak Marko, Debeljak Rok, Debevec Aleksander, Debevec Borut, Debevec Marko, Dejak Franc, Dejak Marko, Dekleva Urban, Dekleva Aleksander, Dekleva Igor, Dekleva Jan, Demšar Janez, Demšar Miha, Derenda Janez, Derganc Marjan, Dernulc Štefan, Dežman Petra, Didović Edin, Dodič Vojko, Dolenc Jožef, Dolšak Klemen, Draškovič Pelc Stanko, Drganc Hudar Darinka, Drobnič Jože, Dular Blaž, Dular Žiga, Erjavec Dušica, Erjavec Iztok, Fabec Janez, Fabec Nuša, Fatur Andrej, Fatur Anže, Fatur Dušan, Fatur Franc, Ferjančič Samo, Filipič Zdenko, Filiput Aleš, Filiput Joško, Fink Joško, Fink Mitja, Flajnik Branko, Flajnik Damjan, Flajs Aleš, Flajs Luka, Fleišman Aleksander, Fležar Urša, Francelj Ivo, Francelj Stanislav, Francelj Tjaša, Frank Darjo, Frank Leon, Frank Marko, Frankovič Andrej, Frankovič Vincenc, Fujan Marko, Furlan Rok, Gale Janez, Galjot Anton, Gašperič Bojan, Gazvoda David, Gerlica Branko, Gerlica Darko, Gerželj Dejan, Glešč Boris, Glešč Marijan, Globokar Marjan, Gnezda Peter, Gnidovec Gašper, Gojkovič Andrej, Gojmerac Matic, Golob Benjamin, Gombač Darjo, Gorenčič Štefan, Gorjanc Marjan, Gorjup Hinko, Gorkič Aleš, Gornik Jože, Gorše Aleš, Gorše Marko, Gorše Slavko, Goršič Edvard, Gorup Klemen, Gotar Tine, Grabrijan Denis, Gradišar Martin, Grandič Aljoša, Grandovec Jernej, Grašak Igor, Gregorič Alojzij, Grlj Borut, Grlj Milan, Grossi Miha, Grošelj Boštjan, Gruden Miha, Grželj Jadran, Grželj Uroš, Habjan Mohor, Habjan Rudi, Hace Erik, Hace Vladimir, Hafner Miran, Hanc Živa, Hauptman Gregor, Henigman Jože, Himmelreich Kovač Jaka, Hočever Anton, Hočever Bojan, Hočever Herman, Hočever Janez, Hočever Lan, Hočever Stanislav, Hočever Špela, Hočever Tonček, Hodnik Igor, Horaček Dario, Horvat Borut, Horvat Marko, Hozanović Mirsad, Hribar Drago, Hribar Matic, Hribar Roman, Hrovat Franc, Hrovat Rok, Hrovat Srečko, Hrvat Marko, Hudak Miroslav, Hudoklin Dejan, Hudoklin Nejc, Hvala Tilen, Hvalič Danijel, Ihan Stanko, Ilc Jože, Imširovič Miralem, Indihar Bojan, Indihar Branko, Indihar Mark, Indihar Metod, Intihar Alojz, Intihar Srečo, Iskra Jernej, Iskra Vinko, Istenič Marjan, Istenič Miroslav, Ivančič Alojz, Iveta Nina,

Jakič Milan, Jakopič Sanja, Jakopin Blaž, Jaksetič Franc, Jaksetič Sandi, Janc Matija, Janovec Vili, Jarm Stanko, Javeršek Robert, Jelenič Robert, Jelovčan Janez, Jenko Jožef, Jereb Bogdan, Jernejčič Igor, Jernejčič Ivan, Jež Boštjan, Joh Igor, Jonozovič Marko, Jordan Aleksander, Juhant Valentina, Jurca Aleksander, Juretič Roman, Juršak Matjaž, Kalar Jan, Kalister Andrej, Kandare Andrej, Kaplan Damjan, Kapš Kristjan, Kapš Peter, Kastelec Klemen, Kastelec Matjaž, Kastelec Pavel, Kastelic Jože, Kavčič Danimir, Kavčič Gregor, Kavsek Stanislav, Kenk Milan, Kenk Samo, Kerle Ivan, Kersnič Bojan, Kete Ivo, Kidrič Franc, Kirn Roman, Klančar Nika, Klančar Peter, Klavs Ivan, Klavžar Miha, Klemenc Aleš, Klemenčič Janko, Klemenčič Rok, Kljun Daniel, Kljun Franc, Klobučar Marko, Klučar Peter, Klun Matjaž, Kmetič Janez, Knavs Dejan, Knavs Primož, Knific Eva, Kobe Janez, Kobe Matej, Kobetič Branko, Kocjančič Luka, Kočevar Borut, Kodat Rok, Kogej Matjaž, Kogovšek Franc, Komljen Dražen, Končan Tomaž, Konjar Matevž, Korelc Peter, Koren Grega, Koren Jožef, Koren Milan, Korošec Ferdinand, Korošec Rok, Kos Ivan, Kos Jože, Kos Miroslav, Kos Nejc, Košir Gabrijel, Košir Katarina, Košir Kristijan, Košir Pavle, Košir Urban, Kotnik Vekoslav, Kovač Aljaž, Kovač Andrej, Kovač Jože, Kovač Luka, Kovač Zoran, Kovačič Matej, Kovačič Rajko, Kovačič Rudolf, Kovačič Stanislav, Kozamernik Matej, Kozina Ivan, Kozlevčar Stane, Koželj Uroš, Koželj Vili, Krajec Janez, Kralj Damjan, Kralj Jožef, Kralj Mitja, Kranjc Blaž, Krapež Alfonz, Krapež Andrej, Krapež Darko, Krapež Ivan, Kraševac Bojan, Kraševac Evgenij, Kraševac Janez, Kraševac Matevž, Kraševac Rudi, Kravanja Marija, Kravcar Andrej, Krek Alojz, Kresevič Aleš, Krištof Darjan, Krivec Zlatko, Križan Stanislav, Križman Jože, Križman Nejc, Krma Peter, Krofel Miha, Kržič Igor, Kuhar Špela, Kumelj Marjan, Kumelj Roman, Kumelj Silvo, Kunc Katja, Kuralt Ingo, Kurbašič Ervin, Kuretič Mitja, Kuzma Peter, Lagoj Albert, Lah Ivan, Lah Matjaž, Lah Štefan, Lahajnar Damjan, Lakota Leo, Lapajne Milan, Lapanje Janez, Lavrič Dušan, Lavrič Janko, Lavrič Marko, Laznik Luka, Lepčihar Jaka, Lesar Tone, Leskovec David, Leskovec Franc, Leskovec Janko, Leskovec Miha, Levičnik Franci, Levstek Tilen, Likar Edvard, Lindič Franc, Lipovac Alen, Lipovac Blanka, Lipužič Benjamin, Logar Franci, Logar Špela, Logar Žiga, Lokovšek Nejc, Lovko Miran, Ložar Barbara, Ludvik Robert, Lugarič Miha, Lukše Franc, Maglica Bojan, Maklin Jan, Makuc Evgen, Malečkar Martin, Maljevac Vojko, Malnar Zlatko, Manfreda Aleš, Manfreda Jure, Manfreda Teja, Mar Alja, Mar Robert, Marinac Andrej, Marinac Franko, Marinac Nejc, Marinček Bojan, Markovčič Josip, Marolt Aleš, Marolt Gregor, Mate Janez, Mate Martin, Matičič Mitja, Matkovič Sebastjan, Meden Franc, Meden Klemen, Meden Viktor, Meden Vincencij, Mehle Špela, Mekina Andrej, Menard Martin, Merhar Rok, Mestek Boris, Mestek Ivan, Mihelič Anže, Mihelič Oražem Vesna, Mihelič Tina, Mijatovič Dragan, Mijatovič Ivo, Miketič Gregor, Miklavčič Blaž, Miklavčič Emil, Miklavčič Vasja, Miklavčič Viktor, Miklič Anton, Miklič Ivan, Mikulič Jan, Mikulič Mirjam, Milavec Bojan, Miloševč Štukl Dane, Milovanovič Dušan, Mirtič Marko, Mišič Peter, Mlakar Anton, Mlakar Bojan, Mlakar Franc, Močnik Jože, Modec Janez, Modic Milan, Mohorčič Aleš, Mohorič Maksimilijan, Mohorič Nika, Mokorel Grega, Moravec Niko, Morelj Erik, Morelj Miha, Moškon Miha, Mrak Bruno Ivan, Mravinec Martin, Mrhar Matic, Mršnik Valter, Mržek Marjan, Mudrinič Darko, Muhič Dejan, Muhič Šmuc Petra, Muren Jože, Muri Primož, Mušič Janez, Mutič Zdravko, Nadoh Erik, Nared Anton, Nared Anže, Nared Gašper, Nared Manca, Nared Marko, Nared Maša, Nared Peter, Nared Tilen, Nosan Franc, Nosan Peter, Novak Alojz, Novak Jadran, Novak Matjaž, Novič Marko, Nusdorfer Damir, Nusdorfer Srečko, Nusdorfer Zvone, Oberstar Drago, Oberstar Matic, Oblak Ciril, Ocvirk Milena, Ogrin Rok, Ojnik Branka, Okić Suvad, Omahen Anton, Omahen Rudi, Omahen Tomaž, Opeka Jernej, Oražem Franc, Orešar Aleš, Ostanek Evgen, Otoničar Uroš, Ovca Milan, Oven Silvo, Ozebek Marjan, Pagon Nives, Pajnič Blaž, Pajnič Matjaž, Pajnič Miran, Pantar Franc, Paragi Rudolf, Pavčič Miha, Pavčič Nika, Pavlin Dušan, Pavlovič Igor, Peček Jože, Peček Srečko, Pečkaj Janez, Pekolj Matjaž, Peljhan Marijan, Penko Dušan, Perhavec Bogomir, Perhavec Petra, Perpar Gregor, Peruci Justin, Perušek Mirko, Petan Roman, Petek Mark, Petek Simon, Petek Tomaž, Petelin Miha, Peterlin Boštjan, Peterlin Branko, Peteržinek Simon, Petretič Majda, Petrič Blaž, Petrič Božo, Petrič Jurko, Petrič Uroš, Petričič Sandi, Pičulin Aleš, Pičulin Igor, Pintar Franc, Pipan Boštjan, Pirc David, Pirc Dušan, Pirc Igor, Pirc Jure, Pirc Tim, Pirnat Aljaž, Pirnat Marko, Pirnat Zvone, Pivk Roman, Plankar Jože, Plankar Sara, Plavec Tone, Pleško Melhior, Počkar Denis, Poderžaj Jože, Podgornik Mitjan, Podgornik Tim, Podkrajšek Mitja, Podobnik Marijan, Podrzaj Dejan, Pogačnik Janko, Pohar Gašper, Poje Gorazd, Poje Ivan, Polanc Marko, Polanc Tanja, Ponikvar Lovrenc, Poreber Ivan, Porenta Damjan, Potisek Stanislav, Poznik Zvonimir, Praznik Slavko, Predalič Boštjan, Predalič Miha, Pregl Aleš, Prelec Frenk, Prelovec Barbara, Premrl Damijan, Premru Peter, Pridigar Igor, Prihavec Zlatko, Prijatelj Janez, Prijatelj Rok, Primc Aleksander, Primčič Boštjan,

Primec Primož, Primožič Franc, Prosen Iztok, Prosen Urban, Prostor Maruša, Prunk Andrej, Puc Tomaž, Puc Vojko, Pugelj Jože, Purnat Dejan, Puž Andrej, Radivojević Robert, Rajk Ladislav, Rakar Matej, Ramovš Barbara, Rauh Nika, Rauh Toni, Razpet Peter, Rebec Bogdan, Rebec Danimir, Rebec Jurij, Rebernik Jernej, Recek Ciril, Rednak Jernej, Rejec Anica, Remic Martin, Repar Luka, Reščič Matej, Robar Andrej, Robar Miha, Rode Venčeslav, Rojc Simon, Rok Anton, Rosa Robert, Rovtar Bine, Rožman Silvester, Rožnik Valter, Rupar Andrej, Rupar Matej, Rupar Simon, Rupar Tomaž, Rupnik Boštjan, Rupnik Branko, Rupnik Marko, Rupnik Slavko, Rupnik Tadej, Rus Mirko, Rutar Matjaž, Ržen Evgen, Ržen Srečko, Saftič Danjel, Saftič Toni, Samsa Filip, Sanković Petra, Schumet Edvard, Sedej Matej, Sedmak Andrej, Selan Milan, Semenič Stojan, Sever Maja, Sila Robert, Sila Sašo, Sinigoj Jakob, Sivec Jože, Skledar Rastko, Skok Cvetko, Skube Stanko, Slabanja Barbara, Slamič Janko, Slana Darja, Slapničar Marko, Slapničar Peter, Sluga Stojan, Smolčič Marko, Smolič Mitja, Smrdel Anton, Smrdel Robert, Smrekar Andrej, Smrekar Jan, Smuk Marko, Sočak Zdravko, Stamenković Dejan, Staniša Alojz, Starc Andrej, Starešinič Franc, Starešinič Janez, Stergar Matija, Sterle Janez, Stojanovič Milorad, Strah Matej, Strle Gregor, Strmole Ivan, Strmole Klemen, Strnad Tomaž, Struna Branko, Stupan Kobilica Mojca, Sušec Andrej, Svete Franc, Šabec Zorko, Šajn Bojan, Šajn Jaka, Šajn Matjaž, Šebenik Damjan, Šebenik Domen, Šega Franc, Šega Marjan, Šemrov Janez, Šenkinc Sandi, Šercer Branko, Šercer Ivan, Šercer Peter, Šestan Milan, Šilc Jan, Šimic Roman, Šincek Bruno, Šivic Marjan, Škapin Anton, Škoda Jože, Škrabec Alojzij, Škrbe Martin, Škrli Iztok, Škrli Janez, Škufca Jože, Škufca Marjan, Škulj Anton, Škulj Jure, Škulj Miran, Šmalcelj Kristjan, Šneljer Miroslav, Špeh Domen, Špehar Andrej, Špelko Anton, Špelko Gašper, Šporar Matej, Štavar Franc, Štavar Tine, Štemberger Jožef, Štemberger Mirka, Štepec Dušan, Štepec Duško, Šterbenc David, Šterk Alojzij, Štimac Robert, Štimac Stanko, Štimac Tomaž, Štimac Zoran, Štimec Barbara, Štok Anže, Štrbac Dragan, Štrubelj Mitja, Štrukelj Janko, Štrukelj Matic, Štukelj Jože, Štupica Blaž, Štupica Igor, Šubic Anton, Šubic Janez, Šubic Miha, Šulentič Maruša, Šuligoj Miha, Šuligoj Valter, Šumrada Franc, Šušmelj Jožef, Šuštaršič Janez, Šušteršič Klemen, Švigelj Anton, Tanko Boštjan, Tarman Janez, Tasič Mitja, Tašič Matjaž, Tehovnik Igor, Tekavec Franc, Tekavec Mitja, Tekavec Nejc, Telič Žan, Tepej Marko, Tkalec Jožef, Tolar Branko, Tomanič Anja, Tomanič Dušan, Tomažič Marjan, Tomažič Nataša, Tomažič Vilijem, Tomažin Gregor, Tomec Jože, Tomec Toni, Tomšič Aleš, Tomšič Dušan, Tomšič Gašper, Trajbarič Aleksander, Tratar Primož, Trebec Sergej, Treven Albin, Treven Pavel, Treven Robert, Trkman Marko, Troha Rajko, Truden Janez, Turk Anton, Turk Bernard, Turk Emil, Turk Herman, Turk Jernej, Turk Zdravko, Turšič Franc, Turšič Srečko, Tušar Feliks, Udovič Anton, Udovič Marko, Uhan Branko, Ule Damjan, Ule Franci, Ule Robert, Urbanija Miha, Urbas Mirko, Urbiha Jože, Urh Igor, Vajdetič Marko, Vasiljevič Dragan, Vasle Staš, Vavtar Stanislav, Vec Anton, Velikonja Andrej, Velikonja Ljubo, Velikonja Marko, Velikonja Tomaž, Velikonja Vladimir, Verbič Albin, Verderber Tine, Vergo Sašo, Vesel Damjan, Vesel Ladislav, Vesel Žan, Veselič Marko, Vičič Marjetka, Vičič Maša, Vičič Miha, Vičič Sebastijan, Vičič Tamara, Vidaković Brigita, Vidervol Borut, Vidic David, Vidmar Damjan, Vidmar Denis, Vidmar Janko, Vidmar Jožko, Vidmar Mitjan, Vidmar Tine, Vidmar Uroš, Vidmar Vinko, Vidojevič Valentin, Vizintin Andrej, Vlašič Jaka, Vlašič Miha, Volk Damijan, Volk Franka, Volk Tomaž, Vončina Jan, Vončina Jožef, Vončina Vlado, Vrh Denis, Vrlinič Rajko, Vukčević Dejan, Vuković Milosav, Weiss Anton, Zabukovec Franc, Zakrajšek Franci, Zalar Janko, Zalar Lilijana, Zalar Slavko, Zaletelj Jernej, Zalokar Igor, Zalokar Jakob, Zaman Jože, Zidarič Boštjan, Zore Dušan, Zorza Franc, Zorza Martin, Zrimšek Maj, Zupan Branko, Zupan Slavko, Zupan Žan, Zupančič Erik, Zupančič Gregor, Zupančič Jože, Zupančič Matej, Žagar Andrej, Žagar Bojan, Žagar Božidar, Žagar Dejan, Žagar Josip, Žagar Jože, Žagar Matjaž, Žagar Vida, Žagar Zvonko, Žalec Leon, Žalik Martin, Železnik Andrej, Železnik Rutar Matej, Železnikar Jože, Želodec Toni, Žgajnar Milan, Žgur Jernej, Žgur Tjaša, Židarič Boris, Žitnik Peter, Živic Branko, Žnidaršič Aleš, Žnidaršič Aljoša, Žnidaršič Andraž, Žnidaršič Črtomir, Žnidaršič Jernej, Žnidaršič Jože, Žnidaršič Miha, Žnidaršič Miroslav, Žnidaršič Uroš, Žunič Matjaž, Žunič Danimir, Žurga Laris, Žužek Martin, Žužek Miha, Žužek Vinko.

KAZALO VSEBINE

POVZETEK POROČILA	XI
SUMMARY OF THE REPORT	XV
1 UVOD	1
2 UPORABLJENE METODE	2
2.1 Vzpostavitev in vzdrževanje mreže za obveščanje o znakih prisotnosti rjavega medveda in pomoč pri terenski izvedbi monitoringa.....	2
2.1.1. Organizacija delavnic za vzorčevalce.....	2
2.1.2. Redno komuniciranje z odgovornimi osebami iz lovskih družin in gozdarji preko telefonskih klicev	4
2.1.3. Spodbujanje vzorčenja s pomočjo projektnih majic	5
2.1.4. Redno pošiljanje množičnih e-sporočil lovcem, ki so sodelovali pri vzorčenju	5
2.1.6 Komunikacija z vzorčevalci po obdobju vzorčenja	7
2.2 Sistematično neinvazivno genetsko vzorčenje na območju stalne prisotnosti rjavega medveda v Sloveniji.....	8
2.2.1 Zasnova študije	8
2.2.2 Material za vzorčenje	10
2.2.3 Spremljanje poteka vzorčenja	12
2.3 Priložnostno neinvazivno genetsko vzorčenje medvedov na območju občasne prisotnosti rjavega medveda.....	13
2.4 Genotipizacija genetskih vzorcev in analiza podatkov.....	13
2.4.1 Izbor vzorcev za genotipizacijo.....	13
2.4.2 Priprava neinvazivnih genetskih vzorcev	16
2.4.3 Preprečevanje kontaminacije	17
2.4.4 Ravnanje s tkivnimi vzorci	17
2.4.5 Laboratorijske analize	17
2.4.6 Genotipizacija	18
2.4.7 Ujemanje vzorcev z enakim genotipom in dodeljevanje posameznikov vzorcem ..	19
2.4.8 Modeliranje ulova - ponovnega ulova in ocena velikosti populacije	20
2.4.9 Korekcija učinka roba	21
2.4.10 Ocena genetske pestrosti in efektivne velikosti populacije	22
2.5 Določanje starosti rjavih medvedov, odvzetih iz narave v letih 2020-2022, s pomočjo brušenja zob.....	23
2.6 Rekonstrukcija spomladanske številčnosti rjavega medveda	24
2.7 Podatki in vzorci, ki jih ZGS zbira v okviru javne službe s področja ohranjanja narave	24
3 REZULTATI	26

3.1 Genetsko vzorčenje	26
3.2 Uspešnost genotipizacije	28
3.3 Rezultati genetskih analiz	30
3.3.1 Ocena številčnosti superpopulacije z modeliranjem ulova in ponovnega ulova ...	30
3.3.2 Korigirana ocena številčnosti za namene upravljanja vrste v Sloveniji	33
3.3.4 Populacijska dinamika	34
3.3.5 Osebki, poznani iz prejšnjega vzorčenja	35
3.3.6 Funkcionalna povezanost populacije	36
3.3.7 Efektivna velikost populacije	39
3.3.8 Genetska pestrost	41
3.4 Določanje starosti rjavih medvedov, odvzetih iz narave	42
3.5 Rekonstrukcija spomladanske številčnosti rjavega medveda	45
3.5.1 Rekonstrukcija spomladanske številčnosti za leto 2024	45
3.5.2 Rekonstrukcija spomladanske številčnosti za leto 2025 (ni del te projektne naloge)	47
3.6 Prostorska razširjenost populacije v Sloveniji	51
3.7 Opredelitev varstvenega stanja	53
4 VIRI IN LITERATURA	54
5 PRILOGE	59

KAZALO PREGLEDNIC

Preglednica 1: Delavnice za lovske družine, upravljavke lovišč v avgustu 2023.	3
Preglednica 2: Delavnice za zaposlene na ZGS in JZ TNP v juliju 2023.	4
Preglednica 3: Zbrani genetski vzorci ter število izločenih in analiziranih vzorcev.	28
Preglednica 4: Uspešnost genotipizacije vzorcev, število in spol zaznanih živali.	29
Preglednica 5: Ocena številčnosti rjavega medveda v letu 2023 v Sloveniji..	33
Preglednica 6: Razmerje med spoloma, modelne in neposredne ocene.	34
Preglednica 7: Ocene številčnosti in spolne strukture medvedov v genetskih monitoringih.	35
Preglednica 8: Številčnost medvedov severozahodno od AC Ljubljana–Koper.	37
Preglednica 9: Dinamika in spolna struktura populacije medveda na območju severozahodno od avtoceste Ljubljana–Koper.	38
Preglednica 10: Ocene efektivne velikosti populacije (N_e) iz genotipov, zaznanih v neinvazivnih genetskih vzorčenjih monitoringov medveda v severozahodnih Dinaridih.	39
Preglednica 11: Osnovni populacijsko-genetski parametri, zaznani v genetskih monitoringih medvedov 2015 in 2023.	41
Preglednica 12: Populacijsko-genetski parametri posameznih mikrosatelitskih markerjev, uporabljenih v genetskem monitoringu medvedov 2023.	41
Preglednica 13: Število in delež zob, uvrščenih v posamezno kategorijo kakovosti ugotovljene starosti osebkov rjavega medveda.	42

KAZALO SLIK

Slika 1: Prvi članek v reviji Lovec o tretji oceni številčnosti rjavega medveda v Sloveniji.	2
Slika 2: Delavnica za lovce, Most na Soči, 1. 8. 2023.	3
Slika 3: Primer projektne majice, ki so bile poslanih vzorčevalcem.	5
Slika 4: Primer enega od poslanih množičnih e-sporočil lovcem, ki so sodelovali pri vzorčenju.	6
Slika 5: Članek v septembrski številki Lovca - poziv lovcem k pričetku zbiranja vzorcev.	7
Slika 6: Primer individualiziranega poročila, s katerim smo sodelujočim vrnilo povratne informacije.	8
Slika 7: Območje občasne in stalne prisotnosti rjavega medveda v Sloveniji.	9
Slika 8: Komplet za genetsko vzorčenje iztrebkov medvedov.	11
Slika 9: Pričakovano število vzorcev po lovišču, ki smo ga uporabili za pripravo materiala in zagotavljanje enake intenzivnosti vzorčenja po celotnem območju.	12
Slika 10: Območja z najvišjo gostoto vzorcev (rdeče) in vsi zbrani vzorci.	14
Slika 11: Območja z višjo gostoto vzorcev (barvno), kjer smo postopno izločali vzorce z ocenjeno starostjo 5 dni, in vsi zbrani vzorci.	15
Slika 12: Neinvazivni genetski vzorci, ki smo jih zaradi omejenih finančnih sredstev izločili iz analize.	16
Slika 13: 96 kanalna pipeta in robotska izolacija DNA.	18
Slika 14: Graf parnih razdalj med lokacijami istih osebkov, ločeno za samce in samice.	22
Slika 15: Kumulativna vsota zbranih neinvazivnih genetskih vzorcev glede na teden v letu 2023.	26
Slika 16: Lokacije vseh zbranih neinvazivnih genetskih vzorcev.	27
Slika 17: Evidentirana smrtnost rjavega medveda v Sloveniji v obdobju genetskega vzorčenja (1. september do 31. december 2023).	28
Slika 18: Vsi uspešno genotipizirani vzorci rjavega medveda po spolu.	29

Slika 19: Saturacijski graf ulova - ponovnega ulova za celotno območje študije	31
Slika 20: Ocene minimalne letne številčnosti superpopulacije medvedov.	32
Slika 21: Prikaz gibanja medvedov v času genetskega vzorčenja.	34
Slika 22: Gibanje ocen številčnosti rjavega medveda v Sloveniji, pridobljenih na podlagi genetskega monitoringa.	35
Slika 23: Sankeyev diagram osebkov obeh spolov, zaznanih v vzorčenjih 2023 in 2015.....	36
Slika 24: Osebki, zaznani severozahodno od AC Ljubljana–Koper v 2023 in v prejšnjih genetskih vzorčenjih	37
Slika 25: Osebki, zaznani severozahodno od AC Ljubljana–Koper v vzorčenju 2023.....	38
Slika 26: Medvedi, ki smo jih zaznali severozahodno od avtoceste Ljubljana–Koper	39
Slika 27: Dinamika efektivne velikosti populacije, ocenjena v okviru neinvazivnih monitoringov medvedov v severozahodnih Dinaridih in dinamika številčnosti medvedov v Sloveniji.	40
Slika 28: Razlike v ocenah starosti med obema metodama: okularnega ocenjevanja starosti medvedov in štetja dentinskih slojev.	43
Slika 29: Gostote odvzetih medvedov glede na starost v obdobju med leti 1994 in 2023. ...	44
Slika 30: Prikaz frekvenc evidentiranih mrtvih medvedov glede na starost in spol po petletnih obdobjih	45
Slika 31: Rekonstrukcija populacijske dinamike medveda v Sloveniji za obdobje 1998–2024.	46
Slika 32: Dinamika relativne smrtnosti medveda zaradi odvzema, linearni trend dinamike odvzema, dinamika številčnosti medveda in povprečna višina odvzema, ki stabilizira številčnost v Sloveniji v obdobju 1998–2024	48
Slika 33: Rekonstrukcija populacijske dinamike medveda v Sloveniji za obdobje 1998–2025.	49
Slika 34: Izračun lokalnih gostot medveda v Sloveniji na podlagi podatkov v obdobju 2020–2024.....	50
Slika 35: Podatki o prisotnosti rjavega medveda v letih 2023–2024, ki smo jih uporabili za prikaz prostorske razširjenosti rjavega medveda v Sloveniji.	51
Slika 36: Prostorska razširjenost rjavega medveda na podlagi podatkov iz obdobja 2023–2024, prikazana na evropski prostorski mreži s kvadranti velikosti 10x10 km.....	52

POMEN OKRAJŠAV V BESEDILU

AC - avtocesta

AIC - ocena napake napovedi matematičnih modelov (*ang. Akaike Information Criterion*)

BF - Biotehniška fakultet

CI - Confidence Interval (*slov. interval zaupanja*)

CITES - konvencija o mednarodni trgovini z ogroženimi prostoživečimi živalskimi in rastlinskimi vrstami

CMR - metoda ulova, označevanja in ponovnega ulova (*ang. Capture Mark Recapture*)

DET - puferska raztopina za konzerviranje vzorcev DNA

DNA - deoksiribonukleinska kislina (*ang. deoxyribonucleic acid*)

GIS - geografski informacijski sistem

IZ - interval zaupanja

JZ - javni zavod

LD - lovska družina

LPN - lovišče s posebnim namenom

LZS - Lovska zveza Slovenije

NGS - sekvenciranje naslednje generacije (*ang. Next-Generation Sequencing*)

OE - območna enota

OŠ - osnovna šola

OZUL - območno združenje upravljavcev lovišč

PCR - verižna reakcija s polimerazo (*ang. Polymerase Chain Reaction*)

PID - povprečna verjetnost enakega genotipa (*ang. Probability of Identity*)

PIDSib - povprečna verjetnost enakega genotipa med brati in sestrami

QR - dvodimenzionalna črna koda (*ang. Quick Response*)

TNP - Triglavski narodni park

ZDA - Združene države Amerike

ZGS - Zavod za gozdove Slovenije

ZLD - zveza lovskih družin

POVZETEK POROČILA

Izhodišče

Poročilo prikazuje rezultate, pridobljene v okviru izvedbe projektne naloge *Ocena številčnosti rjavega medveda v Sloveniji v letu 2023 in nekaterih drugih demografskih parametrov*. Izvajalec projektne naloge je Zavod za gozdove Slovenije, naročnik in financer pa Ministrstvo za naravne vire in prostor. Glavni rezultat naloge je ocena številčnosti rjavega medveda (*Ursus arctos*) v letu 2023 na območju Slovenije na podlagi genetsko-molekularnih metod in metode ulova-označevanja-ponovnega ulova. Gre za tretje tovrstno spremljanje populacije rjavega medveda (prvi dve sta potekali leta 2007 in 2015). Temelj za pridobitev ocene številčnosti rjavega medveda so predstavljali neinvazivni genetski vzorci rjavega medveda, zbrani med 1. 9. 2023 in 31. 12. 2023 ter genotipizirani v genetskem laboratoriju DivjaLabs. Ker je uporabljena metodologija sledila razvoju metod v okviru prejšnjih ocen številčnosti, so tokratne ocene neposredno primerljive z rezultati prejšnjih tovrstnih študij. Poleg ocene številčnosti smo ocenili tudi nekatere druge parametre, pomembne za ugotavljanje stanja populacije rjavega medveda, pri čemer smo uporabili tudi vse podatke, ki se sistematično zbirajo v okviru izvajanja javne službe s področja ohranjanja narave, npr. podatke o štetju medvedov na stalnih števnih mestih, podatke, ki jih glede opažanja znakov prisotnosti medveda poročajo upravljavci lovišč, podatke o škodah in drugih konfliktih, ki jih povzročajo medvedi ter podatke o smrtnosti medvedov v Sloveniji. Na podlagi omenjenih podatkov smo izvedli rekonstrukcijo spomladanske številčnosti populacije rjavega medveda za leto 2024 in ocenili prostorsko razširjenost samcev in samic rjavega medveda v času izvedbe projektne naloge.

Metode

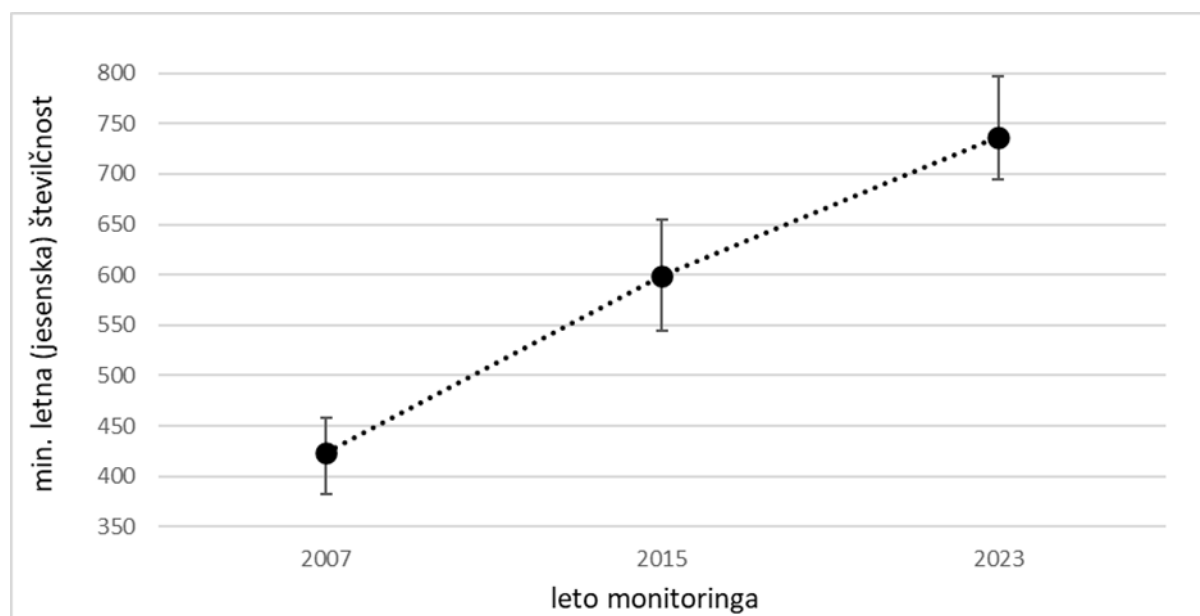
Za oceno številčnosti rjavega medveda je bilo treba zbrati zadostno število neinvazivnih genetskih vzorcev. Da bi vzorčenje uspelo, smo poleg osebja ZGS in podizvajalcev mobilizirali obsežno mrežo prostovoljcev (predvsem lovcev), ki so sodelovali pri vzorčenju in zagotavljali vzorce. Terensko mrežo smo pred pričetkom vzorčenja usposobili na 13 delavnicah, na katerih smo sodelujočim razdelili tudi material za vzorčenje in navodila. Sistematično neinvazivno vzorčenje je bilo skladno s projektno nalogo treba izvesti na celotnem območju stalne prisotnosti rjavega medveda. Vzorčenje izven območja stalne prisotnosti rjavega medveda je potekalo priložnostno. Skupno smo z izvedbo sistematičnega in priložnostnega neinvazivnega vzorčenja zbrali 2863 vzorcev. Od teh je največ iztrebkov ($n = 2856$), prejeli pa smo tudi 5 vzorcev dlake in 2 vzorca sline. 2634 vzorcev smo zbrali na območju stalne prisotnosti medveda v JV Sloveniji, preostale vzorce pa na območju širitve medveda v Alpe in območjih občasne prisotnosti medveda. Vzorce je zbralo in nam posredovalo 964 oseb iz različnih institucij, med katerimi so bili lovci iz kar 113 lovskih družin. Ker je bilo zbranih več vzorcev, kot smo imeli na razpolago sredstev za analizo, je bilo treba izvesti izbor vzorcev za analizo. Skupaj smo analizirali 2500 vzorcev, od tega 2438 neinvazivnih in 62 tkivnih. Za genotipizacijo je laboratorij uporabil metodo NGS, in sicer na enak način kot leta 2015. Pomnožilo se je 13 mikrosatelitnih markerjev in dodatni marker za identifikacijo spola. Za izračun ocene najmanjše letne številčnosti je bila uporabljena metoda CMR. Ločeno smo ocenili tudi najmanjšo letno številčnost medveda na območju severozahodno od primorske avtoceste.

Točne starosti evidentiranih mrtvih medvedov smo pridobili z metodo rezanja, kontrastnega barvanja in štetja dentinskih plasti medvedjih zob (predmeljakov). Izvedli smo analizo

manjkajočih vrednosti za osebkke, katerih zob ni bilo mogoče odvzeti oziroma so bili vzorci preslabi, ter primerjavo z okularnimi ocenami starosti mrtvih medvedov. Pridobljene točne starosti medvedov smo skupaj s podatki o evidentirani smrtnosti rjavega medveda in podatki s štetja medvedov na stalnih števnih mestih (oboje se zbirajo v okviru javne službe ohranjanja narave) uporabili za izračune relativne rodnosti in smrtnosti medvedov ter rekonstrukcijo dinamike številčnosti rjavega medveda do leta 2024. Vse podatke, ki se zbirajo v okviru javne službe ohranjanja narave (poleg zgoraj omenjenih še škode po rjavem medvedu, in poročanja upravljavcev lovišč o opaženih znakih prisotnosti medvedov), in podatke, pridobljene v okviru genetskega vzorčenja, smo skupaj uporabili za opredelitev prostorske razširjenosti rjavega medveda v Sloveniji in prostorske razširjenosti samic. Z novo oceno številčnosti medveda, ki temelji na neinvazivni genetiki, smo lahko empirično preverili robustnost ocen, ki jih vsako leto pripravljamo z metodami matematičnega modeliranja na osnovi podatkov evidentirane smrtnosti medveda in podatkov monitoringa medveda na stalnih števnih mestih.

Rezultati

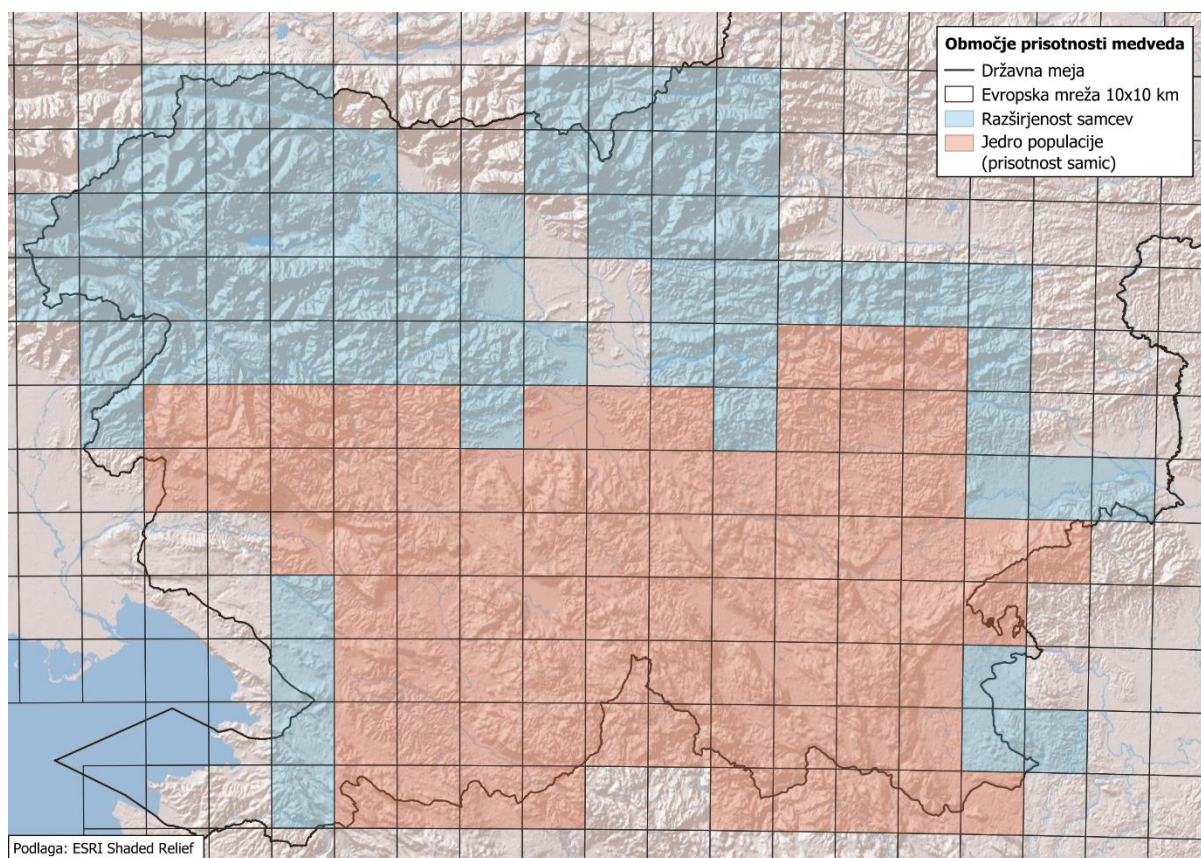
Najmanjša letna (jesenska) številčnost za leto 2023 znaša 737 oziroma 695–797 (95 % IZ) rjavih medvedov. Ocena pomeni število osebkov ob koncu leta 2023, po celotni smrtnosti, ki se je v populaciji zgodila v letu 2023, in pred poleanjem nove generacije mladičev pozimi 2023/2024. Primerjava rezultatov s prejšnjima dvema tovrstnima študijama v letih 2007 in 2015 pokaže, da je populacija rjavega medveda v Sloveniji v omenjenem obdobju približno linearno naraščala. Spolna struktura ostaja na osrednjem območju prisotnosti rjavega medveda v veliki meri stabilna **~40 % samcev in ~60 % samic**.



Slika 1: Gibanje ocen (minimalna letna oziroma jesenska) številčnosti rjavega medveda v Sloveniji, pridobljenih na podlagi genetskega monitoringa z intervali zaupanja (95 % IZ).

Populacija se **počasi prostorsko širi**, tudi samice s pomočjo genetskih metod zaznavamo vedno dlje proti severu in zahodu države. Pri rjavem medvedu je prostorsko širjenje zelo počasno, sploh v primerjavi z nekaterimi drugimi vrstami, npr. volkom. Medtem, ko je v splošnem številčnost med leti 2007 in 2023 naraščala, pa na podlagi zbranih genetskih vzorcev ugotavljamo, da se je med letoma 2015 in 2023 na zahodu države (Hrušica, Nanos, Trnovski gozd) rast številčnosti rjavega medveda ustavila (spolno razmerje se sicer še vedno

pomika v prid samic in se približuje tistemu na vzhodni strani avtoceste). V celotnem obdobju vzorčenja smo na severozahodni strani primorske avtoceste zaznali zgolj 45 različnih osebkov (21 samic in 24 samcev). Od teh 45 osebkov smo le 9 osebkov zaznali na obeh straneh avtoceste, kar daje slutiti, da **primorska avtocesta predstavlja oviro** pri prehajanju medvedov med Dinaridi in Alpami. Z izjemo omenjene ovire, je sicer življenjski prostor rjavega medveda v Sloveniji dobro povezan, neovirano je tudi prehajanje medvedov čez državno mejo s Hrvaško. V Alpsem prostoru še vedno zaznavamo le samce, za katere je znano, da odhajajo bistveno dlje iz območij, v katerih so se polegli, kot samice. Območje prisotnosti samic je zato znatno manjše od območja prisotnosti samcev.



Slika II: Prostorska razširjenost rjavega medveda na podlagi podatkov iz obdobja 2023–2024, prikazana na evropski prostorski mreži s kvadranti velikosti 10x10 km. Rožnato pobarvano območje prikazuje jedro območje populacije (prisotnost samcev in samic), na modro pobarvanem območju pa smo zaznali le prisotnost samcev. Poleg podatkov genetskega monitoringa 2023 so v prikaz zajeti tudi drugi podatki o prostorski razširjenosti vrste, zbrani v letih 2023 in 2024.

V poročilu prikazujemo tudi rezultate rekonstrukcije številčnosti rjavega medveda do leta 2025, ki sicer ni del te projektne naloge, so pa rezultati študije zelo pomembni za upravljanje populacije. Omenjena študija temelji na rezultatih te projektne naloge (ocena številčnosti 2023, spolna struktura populacije), na ocenah številčnosti v letih 2007 in 2015 ter vseh podatkov, ki se sistematično zbirajo v okviru javne službe ohranjanja narave. Izračuni so pokazali, da imamo **spomladi 2025 v Sloveniji 954 medvedov (880–1050; 95 % IZ)**, pri čemer gre tukaj za največjo letno številčnost (po poganju mladičev in pred smrtnostjo, ki se bo zgodila tekom leta). S primerjavo rezultatov metod smo pokazali, da so uporabljeni pristopi matematičnega modeliranja za vsakoletno ocenjevanje številčnosti medveda na osnovi podatkov odvzema in drugih podatkov izredno točni. **Ocena za leto 2023, tj. 8 let po kalibraciji modelov, se je od ocene genetskega cenusa razlikovala le za 2,7 %;** povprečna razlika v 8 letnem obdobju

pa je znašala manj kot 1 % (oz. 8 živali). Za rabo v praksi bi bila še sprejemljiva do 15-krat večja (do ≈ 20 %) napaka/razlika; 8 letni interval med genetskimi cenzi je upoštevajoč dosedanje rezultate analiz ustrezen.

Zaključek

Pričujoče poročilo prikazuje rezultate že tretjega zaporednega genetskega monitoringa, s katerim smo pridobili zelo natančno oceno številčnosti rjavega medveda za leto 2023 (pred tem že v letih 2007 in 2015). Lahko rečemo, da imamo v Sloveniji vzpostavljen stabilen sistem monitoringa rjavega medveda. Ta temelji na ponovitvah genetskih ocen številčnosti na vsakih 8 let in vsakoletnem ocenjevanju številčnosti na osnovi podatkov smrtnosti medveda in monitoringa na števnih mestih, kar preverjeno omogoča dobro poznavanje in kakovostno upravljanje populacije rjavega medveda pri nas.

Od zadnjega genetskega monitoringa populacije leta 2015 smo zabeležili postopno prostorsko širitev samic proti severovzhodu (Zasavje) in severozahodu (Banjška planota), kar je ugodno z vidika zagotavljanja koridorja za prehajanje rjavega medveda med Dinaridi in Alpami. Kljub temu, da je življenjski prostor medveda dobro ohranjen, je v prihodnje treba več pozornosti posvetiti povezljivosti habitata rjavega medveda, predvsem varovanju koridorjev, ki povezujejo posamezne habitatne krpe. Najpomembnejša ovira za prehajanje medvedov v Slovenskem prostoru ostaja avtocesta Ljubljana–Koper, kar bi v znatni meri omilili z gradnjo vsaj enega ekodukta, primerne za prehajanje večjih prostoživečih živali.

Številčnost rjavega medveda je v zadnjih desetletjih večinoma naraščala, od leta 2022 pa ta upada, kar je posledica načrtnega postopnega zniževanja populacije na ciljno spomladansko številčnost okoli 800 osebkov (pri takšni številčnosti so v preteklosti konflikti pričeli nelinearno naraščati) z namenom zagotavljanja pogojev za soobstoj medveda in ljudi v istem prostoru in torej tudi trajno varstvo medveda v državi. Velika večina smrtnosti rjavega medveda v Sloveniji je tako posledica načrtovanega odstrela. Povez na prometnicah na dinamiko medveda ne vpliva ključno, poginov medvedov zaradi kužnih bolezni ne opažamo, obseg nezakonitih usmrtitev pa je izjemno majhen. Slednje je posledica dobrega upravljanja tako populacije rjavega medveda kot konfliktov, ki jih medvedi povzročajo. V prihodnje se je treba še naprej truditi vzdrževati visoko toleranco prebivalcev do prisotnosti rjavega medveda, pri čemer je ključna zaščita premoženja, nameščanje medvedovarnih smetnjakov in kompostnikov ter druge oblike preventivnega preprečevanja konfliktov. Prav tako menimo, da je za vzdrževanje tolerance ključen reden odstrel osebkov rjavega medveda (še posebej tistih najbolj problematičnih). **Na podlagi vseh podatkov lahko varstveno stanje rjavega medveda zanesljivo opredelimo kot ugodno.**

SUMMARY OF THE REPORT

Background

The report presents the results obtained from the implementation of the project task *Assessment of the Brown Bear Population in Slovenia in 2023 and Other Demographic Parameters*. The project was carried out by the Slovenian Forest Service, and funded by the Ministry of Natural Resources and Spatial Planning. The main result of the task is an estimate of the population size of the brown bear (*Ursus arctos*) in Slovenia based on genetic-molecular methods and the capture-mark-recapture (CMR) method. This is the third such population census of the brown bear in Slovenia (the first two were carried out in 2007 and 2015). The foundation for obtaining the population size estimate were non-invasive genetic samples of brown bears, collected between September 1, 2023, and December 31, 2023, and genotyped at the DivjaLabs genetic laboratory. Since the methodology used followed the development of methods from previous population assessments, the current estimates is directly comparable with the results of previous studies. In addition to the population size estimate, several other parameters important for determining the status of the brown bear population were also assessed. This included data systematically collected under the public service for nature conservation, such as bear counts at permanent counting sites, reports of bear presence signs from hunting ground managers, damages and other conflicts caused by bears, and bear mortality data in Slovenia. Based on these data, we reconstructed the spring population size of the brown bear for 2024 and assessed the spatial distribution of male and female brown bears during the project.

Methods

To estimate the brown bear population size, a sufficient number of non-invasive genetic samples had to be collected. In addition to the Slovenian Forest Service staff, an extensive network of volunteers (mainly hunters) was mobilized to participate in the sampling and providing samples. A training for the staff and volunteers was organized before the sampling began, with 13 workshops where materials and instructions for sampling were distributed. Systematic non-invasive sampling was conducted across the entire area of the brown bear's permanent presence. Sampling outside of the permanent presence area was done opportunistically. In total, 2,863 samples were collected through systematic and opportunistic non-invasive sampling, including scats ($n = 2,856$), as well as 5 hair samples and 2 saliva samples. Of the total samples, 2,634 were collected in the permanent bear presence area in southeastern Slovenia, while the remaining samples came from areas where the bear's range is expanding into the Alps and areas of occasional bear presence. A total of 964 individuals from various institutions, including hunters from 113 hunting clubs, contributed samples. As more samples were collected than could be analyzed within the available budget, a sample selection was necessary. A total of 2,500 samples were analyzed, including 2,438 non-invasive and 62 tissue samples. The laboratory performed genotyping using the NGS method, following the same procedure as in 2015. Thirteen microsatellite markers were amplified, along with an additional marker for sex identification. The CMR method was used to calculate the minimum annual population size. Additionally, we separately estimated the bear population in the northwestern part of Slovenia, beyond the Ljubljana-Koper highway.

Exact ages of recorded dead bears were determined using the method of cutting, contrast staining, and counting dentinal layers in the bear's teeth (premolars). We performed an analysis of missing values for animals whose teeth could not be collected or whose samples were too poor, and compared these with ocular estimates of dead bears' ages. The precise ages of the bears, along with data on bear mortality and bear counts at permanent counting sites (both collected as part of the public service for nature conservation), were used to calculate relative bear fertility and mortality rates, as well as to reconstruct the dynamics of the brown bear population up to 2024. We combined all the data collected under the public service for nature conservation (including bear damages and reports of bear presence signs by hunting ground managers) and data obtained from genetic sampling to define the spatial distribution of brown bears in Slovenia, as well as the distribution of female bears. With the new population estimate based on non-invasive genetics, we were able to empirically verify the robustness of the estimates generated annually using mathematical modeling methods based on bear mortality data and monitoring data from permanent counting sites.

Results

The minimum (autumn) population size for 2023 is estimated to be 737, with a confidence interval of 695–797 (95% CI) brown bears. This estimate represents the number of individuals at the end of 2023, after accounting for all mortality that occurred in the population during 2023, but before the birth of the new generation of cubs in winter 2023/2024. A comparison of the results with the previous two similar studies in 2007 and 2015 shows that the brown bear population in Slovenia has been steadily increasing at a roughly linear rate. The sex ratio remains largely stable in the central bear presence area, with approximately 40% males and 60% females.

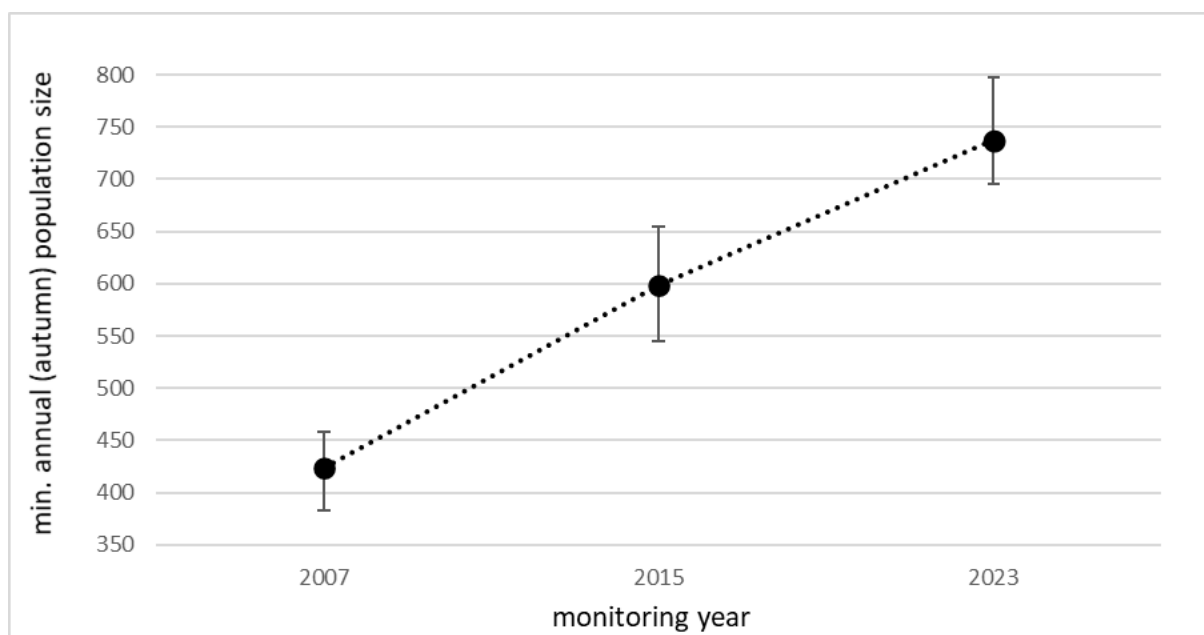


Figure 1: Estimates (minimum annual = autumn) of the brown bear population size in Slovenia based on genetic monitoring with confidence intervals (95% CI).

The population is **slowly expanding spatially**, with females increasingly detected farther to the north and west of the country (using genetic methods). Spatial expansion of the brown bear is very slow, especially compared to some other species, such as the wolf. While the

overall population has been increasing between 2007 and 2023, based on the collected genetic samples, we observe that between 2015 and 2023, the growth of the brown bear population in the western part of the country (Hrušica, Nanos, Trnovski Gozd) has stalled (the sex ratio is still shifting in favor of females, and it is approaching that on the eastern side of the Ljubljana-Koper highway). Throughout the sampling period, we detected only 45 different individuals (21 females and 24 males) on the northwestern side of the highway. Of these 45 individuals, only 9 were detected on both sides of the highway, suggesting that **the highway is a barrier to bear movement between the Dinarics and the Alps**. Aside from this barrier, the brown bear's habitat in Slovenia is well connected, and movement across the state border with Croatia is unhindered. In the Alpine region, we still only detect males, which are known to travel much farther from their birth areas than females. As a result, the area occupied by females is significantly smaller than that of males.

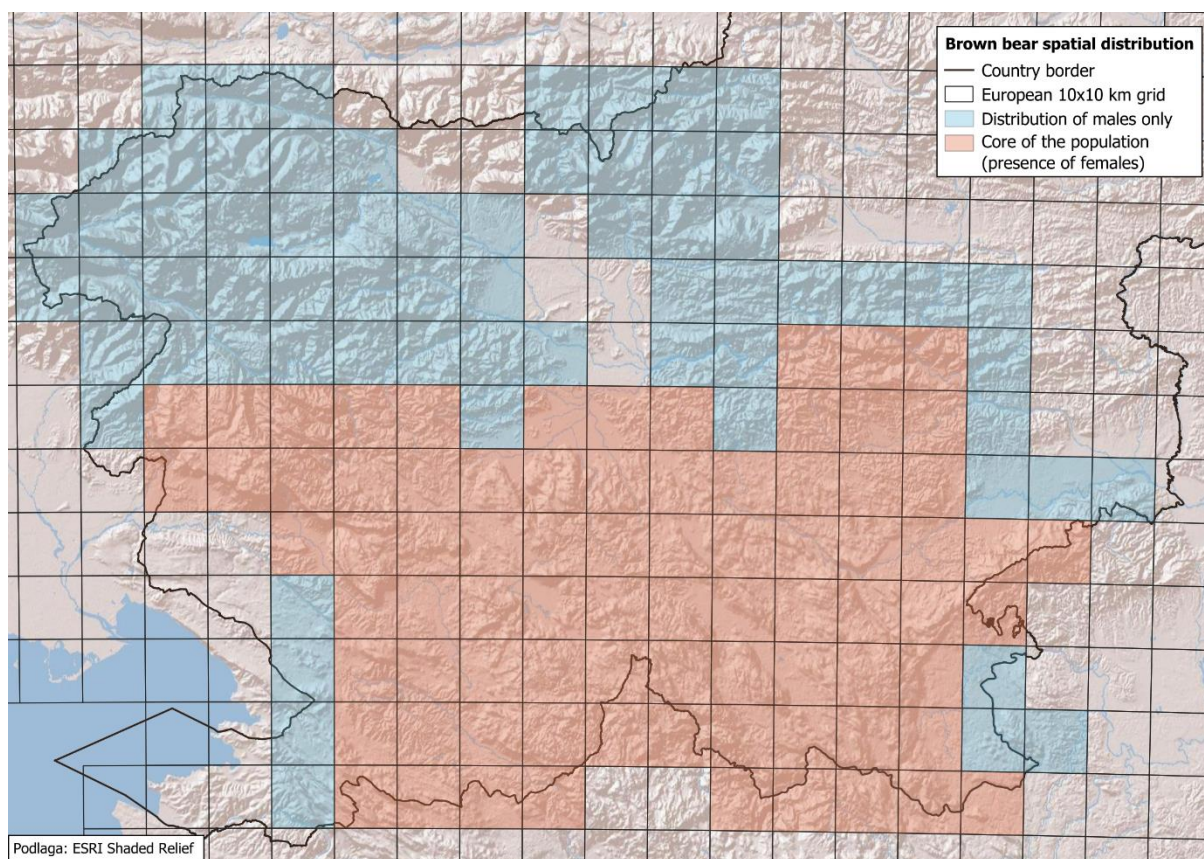


Figure II: Spatial distribution of the brown bear based on data from the 2023–2024 period, shown on the European 10x10 km spatial grid. The pink-shaded area represents the core area of the population (presence of both males and females), while the blue-shaded area indicates the presence of males only. Besides the data from the 2023 genetic monitoring, the display also includes other data on the spatial distribution of the brown bear collected in 2023 and 2024.

The report also presents the results of the reconstruction of the brown bear population size up to 2025, which is not part of this project task but is highly important for population management. This study is based on the results of this project task (2023 population census, sex structure), population estimates from 2007 and 2015, and all data systematically collected as part of the public service for nature conservation. The calculations showed that **in the spring of 2025, Slovenia had 954 brown bears (880–1050; 95% CI)**, which represents the maximum annual population size (after cub births and before mortality that will occur during the year). A comparison of methods showed that the mathematical modeling approaches used

for annual population assessments based on removal and other data is highly accurate. The 2023 estimate, eight years after model calibration, differed from the genetic census estimate by only 2.7%; the average difference over the 8-year period was less than 1% (or 8 animals). A 15 times larger error/difference ($\approx 20\%$) would still be acceptable for practical use. It was assessed that the 8-year interval between genetic censuses, considering the results of previous analyses, is adequate.

Conclusion

This report presents the results of the third (after 2007 and 2015) consecutive genetic monitoring of brown bear in Slovenia, which provided a very precise population size estimate for 2023. We can say that **Slovenia has established a stable brown bear monitoring system, based on repeated genetic population census** every 8 years and annual population estimates based on bear mortality data and monitoring at counting sites. This system has proven to enable good knowledge and effective management of the brown bear population in Slovenia.

Since the last genetic population monitoring in 2015, we have recorded a gradual spatial expansion of females towards the northeast (Zasavje) and northwest (Banjška Planota), which is favorable for ensuring a corridor for brown bear movement between the Dinarides and the Alps. Although the bear's habitat is well-preserved, more attention should be paid in the future to habitat connectivity, particularly protecting corridors that link different habitat patches. The most significant barrier to bear movement in Slovenia remains the Ljubljana–Koper highway, which could be significantly mitigated by building at least one green bridge suitable for wildlife.

The brown bear population has mostly been increasing over the last decades, but since 2022, it has been declining due to a planned gradual reduction in the population to a target spring population size of around 800 individuals, in order to secure conditions for coexistence between bears and humans in the same space and thus ensure the long-term protection of bears in the country. The vast majority of brown bear mortality in Slovenia is a result of planned culling. Roadkill (the most important reason for bear mortality, aside from culling) does not significantly affect the bear population dynamics, also no deaths due to infectious diseases have been observed, and the scope of illegal killings is extremely low. This is due to effective management of both the brown bear population and the conflicts caused by bears. In the future, efforts should continue to maintain a high level of tolerance among residents towards the presence of bears, with key measures including property protection, installation of bear-proof garbage cans and composters, and other forms of conflict prevention measures. Regular culling (particularly of problem bears) is also crucial for maintaining tolerance. **Based on all available data, the conservation status of the brown bear in Slovenia can be confidently classified as favorable.**

1 UVOD

Poročilo prikazuje rezultate, pridobljene v okviru izvedbe projektne naloge *Ocena številčnosti rjavega medveda v Sloveniji v letu 2023 in nekaterih drugih demografskih parametrov* na podlagi pogodbe št. 2550-23-330015, sklenjene med Zavodom za gozdove Slovenije kot izvajalcem (v nadaljevanju: ZGS) in Ministrstvom za naravne vire in prostor kot naročnikom.

Predmet omenjene projektne naloge je spremljanje stanja populacije rjavega medveda (v nadaljevanju tudi: medveda) v Sloveniji na podlagi genetskih in drugih metod, ki vključuje izvedbo terenskega dela, obdelavo pridobljenih podatkov in vzorcev ter pripravo poročil. Glavni del projektne naloge predstavlja izvedba neinvazivnega genetskega vzorčenja rjavega medveda v letu 2023 in izvedba tretje zaporedne ocene številčnosti rjavega medveda v Sloveniji s pomočjo molekularne genetike. Ta se je izvedla na podlagi genotipizacije zbranih genetskih vzorcev in metode ulova-označevanja-ponovnega ulova. Uporabljena metodologija je sledila razvoju metod v okviru prejšnjih ocen številčnosti za leti 2007 in 2015. Tokratni rezultati so zato neposredno primerljivi z rezultati prejšnjih tovrstnih študij. V pričujočem poročilu so predstavljeni tudi drugi rezultati projektne naloge, med drugim analiza starosti mrtvih medvedov na podlagi metode štetja dentinskih plasti, rekonstrukcija spomladanske številčnosti medveda v Sloveniji za leto 2024, določitev prostorske razširjenosti samcev in samic rjavega medveda v času izvedbe projektne naloge ter parametri, vezani na genetsko sliko, rodnost in smrtnost populacije.

Poleg rezultatov izvedbe projektne naloge so v poročilu predstavljeni tudi nekateri drugi podatki, katerih zbiranje in analiza sta bila financirana iz drugih finančnih virov, a so ključni za celovit vpogled v trenutno stanje populacije rjavega medveda v Sloveniji. Tak primer so podatki, ki jih ZGS zbira v okviru javne službe ohranjanja narave, in rekonstrukcija spomladanske številčnosti medveda za leto 2025.

2 UPORABLJENE METODE

2.1 Vzpostavitev in vzdrževanje mreže za obveščanje o znakih prisotnosti rjavega medveda in pomoč pri terenski izvedbi monitoringa

2.1.1. Organizacija delavnic za vzorčevalce

Vzorčenje je bilo načrtovano na zelo velikem območju v zelo kratkem času, zato ga je bilo praktično nemogoče izvesti s projektnim osebjem izvajalca in podizvajalcev. Da bi vzorčenje uspelo, smo vzpostavili obsežno mrežo prostovoljcev, ki so sodelovali pri vzorčenju in zagotavljali vzorce. Z namenom zagotavljanja ustrezno homogene prostorske pokritosti ter motiviranosti vzorčevalcev (lovcev, revirnih gozdarjev in prostovoljcev) po celotnem območju stalne prisotnosti medveda, smo pred pričetkom vzorčenja organizirali delavnice za bodoče vzorčevalce. Organizirali smo 3 delavnice za revirne gozdarje ter poklicne lovce (zaposlene v LPN) ter 10 delavnic za lovce, ki so člani lovskih družin, upravljavk lovišč (slika 2). Lokacije in datume organiziranih delavnic prikazujemo v preglednicah 1 in 2. Delavnic za zaposlene se je udeležilo 147 oseb, delavnic za lovce, člane lovskih družin, pa 334 oseb iz 142 lovskih družin.

Ker je od zadnjega genetskega vzorčenja rjavega medveda preteklo osem let, smo že pred jesenskim pričetkom vzorčenja in izvedbo delavnic o tem opozorili v poletni (7-8/2023) številki revije Lovec (slika 1; <https://clan.lovska-zveza.si/userfiles/Lovec/pdf/Lovec-2023-07.pdf>).



Slika 1: Prvi članek v reviji Lovec o tretji oceni številčnosti rjavega medveda v Sloveniji.



Slika 2: Delavnica za lovce, Most na Soči, 1. 8. 2023.

Preglednica 1: Delavnice za lovske družine, upravljavke lovišč v avgustu 2023.

Občina	Datum	Točen naslov lokacije
Tolmin	1. 8. 2023	OŠ Dušana Muniha Most na Soči (Most na Soči 18a, 5216 Most na Soči)
Idrija	2. 8. 2023	Prostori ZLD Idrija (Slovenska cesta 13, 5281 Spodnja Idrija)
Šmartno pri Litiji	3. 8. 2023	Prostori LD Šmartno pri Litiji (Črni Potok 9A, 1275 Šmartno pri Litiji)
Črnomelj	7. 8. 2032	Obrtno podjetniška zbornica Črnomelj (Ulica 21. oktobra 10, 8340 Črnomelj)
Ilirska Bistrica	8. 8. 2023	Okrepčevalnica Zemonska Vaga (Dolnji Zemon 87, 6250 Ilirska Bistrica)
Naklo	9. 8. 2023	Gostilnica Kresnik (Kranjska cesta 2a, 4202 Naklo)
Žužemberk	10. 8. 2023	Sejna soba LD Plešivica Žužemberk (Grajski trg 29, 8360 Žužemberk)
Postojna	16. 8. 2023	Lovska koča LD Hrenovice (Hruševje 14, 6225 Hruševje)

Ribnica 17. 8. 2023 Lovski dom LD Ribnica (Opekarska cesta 4, 1310 Ribnica)

Ig 18. 8. 2023 Sejna soba Center Ig (Banija 4, 1292 Ig)

Preglednica 2: Delavnice za zaposlene na ZGS in JZ TNP v juliju 2023.

Sodelujoči	Datum	Lokacija
OE Bled, OE Kranj, OE Tolmin, OE Nazarje, JZ Triglavski narodni park	27. 7. 2023	Info center Triglavska roža, Bled
LPN Kočevsko, OE Kočevje, OE Novo mesto, OE Brežice	25. 7. 2023	OE ZGS Kočevje, Kočevje
LPN Jelen, LPN Ljubljanski vrh, OE Postojna, OE Sežana, OE Ljubljana	26. 7. 2023	ZGS center Mašun, Mašun

Na delavnicah je predstavnik BF sodelujočim predstavil pomen tovrstnih projektov in razložil logistiko ter potek monitoringa. Prisotne smo seznani z novostmi na področju zbiranja neinvazivnih genetskih vzorcev medveda ter jih podučili o pravilnem (novem, sodobnejšem) načinu vzorčenja. Vsako od predavanj je trajalo približno dve uri. Po končanem predavanju smo predstavnikom lovskih družin razdelili komplete za vzorčenje, njihova naloga pa je bila komplete nadalje razdeliti med zainteresirane člane znotraj vsake lovske družine in jih podučiti o pravilnem vzorčenju. Poleg kompleta za vzorčenje je predstavnik lovske družine prejel tudi »vpisni list o razdeljenem materialu«, katerega so člani lovske družine ob prevzemu materiala izpolnili s svojimi podatki (ime in priimek, e-naslov (opcijsko) ter pogostost obiska lovišča v jesenskem času) in ga podpisali. Omenjeni vpisni list je predstavnik lovske družine moral vrniti ZGS najkasneje do 31. 8. 2023. Tako smo pridobili kontakte vseh lovcev, ki so prevzeli material za vzorčenje, in kontakte uporabili za pošiljanje množičnih e-poštnih sporočil za namene obveščanja lovcev o poteku vzorčenja.

Ob pričetku vzorčenja (1. 9. 2023) smo vzpostavili različne komunikacijske mreže, s katerimi smo vzdrževali terensko mrežo vzorčevalcev ter ohranjali visoko mero motiviranosti za zbiranje vzorcev. Terenske in komunikacijske mreže smo vzpostavili na različnih ravneh, ki so opisane v nadaljevanju.

2.1.2. Redno komuniciranje z odgovornimi osebami iz lovskih družin in gozdarji preko telefonskih klicev

Med terenskim zbiranjem vzorcev smo redno komunicirali z osebami, ki so bile odgovorne za razdeljevanje materiala za genetsko vzorčenje (predstavniki lovskih družin in regionalni koordinatorji na OE ZGS in LPN). Poleg tega smo telefonsko komunicirali tudi z vodstvi lovskih

družin (predsedniki in gospodarji). Tovrstne klice smo izvajali na tedenski ravni, še posebej na območjih, kjer smo tekom vzorčenja ugotovili, da primanjkuje vzorcev. Na ta način smo prispevali k temu, da so bile omenjene osebe seznanjene s trenutnim stanjem zbranih vzorcev na njihovem območju, ter jih s tem spodbudili k povečanju napora iskanja medvedjih iztrebkov.

2.1.3. Spodbujanje vzorčenja s pomočjo projektnih majic (komuniciranje na ravni posameznika – osebe, ki je že poslala vzorec)

Vsem vzorčevalcem, ki so v obdobju vzorčenja na centralno enoto ZGS poslali vzorec, smo v najkrajšem možnem času po prejemu prvega vzorca poslali projektno majico (slika 3) z namenom motivacije za nadaljnje zbiranje vzorcev. Majica je poleg tega služila kot zahvala vzorčevalcem za sodelovanje v monitoringu. Hkrati so lovci z nošenjem majic pokazali, da sodelujejo pri monitoringu, in na tak način tudi druge spodbujali k zbiranju vzorcev.



Slika 3: Primer projektna majice, ki so bile poslana vzorčevalcem.

2.1.4. Redno pošiljanje množičnih e-sporočil lovcem, ki so sodelovali pri vzorčenju (komuniciranje na ravni posameznikov – lovcev, ki vzorčijo ali ki morda še niso zbrali nobenega vzorca)

Za lovce, ki so svoj e-poštni naslov navedli na vpisni list ob prevzemu materiala za vzorčenje, smo na vsaka dva tedna pripravili množična e-sporočila (slika 4), s katerimi smo jih seznanili s trenutnim potekom monitoringa (število nabranih vzorcev, karte s prikazom lokacij nabranih vzorcev, območja, na katerih primanjkuje vzorcev, nasveti za čim učinkovitejše nabiranje vzorcev ipd.). Ta sporočila so se izkazala za zelo učinkovita za doseganje lovcev, ki morda še niso uspeli nabrati vzorca in smo jih lahko na tak način dodatno motivirali. Prav tako so preko teh sporočil vsi lovci, ki so bili vključeni v monitoring, neprenehoma dobivali povratne informacije o nabranih vzorcih na njihovih območjih. S pomočjo množičnih sporočil smo dosegli 981 različnih e-poštnih naslovov, torej skoraj 1000 lovcev.

Pozdravljeni,

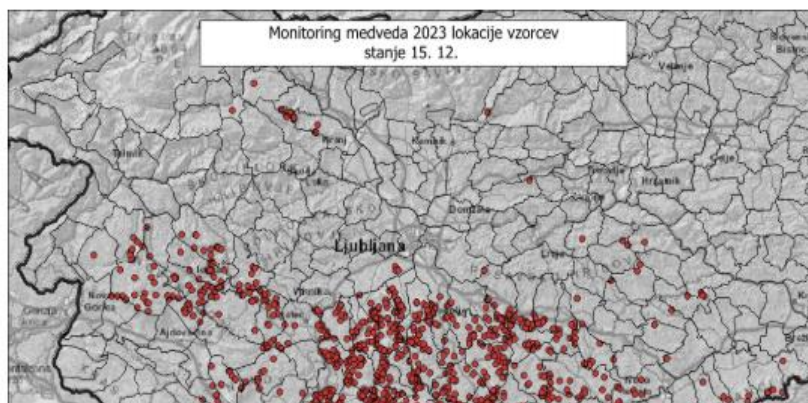
božično-novoletni prazniki se vztrajno bližajo in s tem tudi uraden zaključek letošnjega monitoringa medveda (loči nas samo še 16 dni).

Da pa bo čas praznikov še lepši, vas obveščamo, da smo **uspeli preseči 2500 zbranih vzorcev rjavega medveda na območju Slovenije**. Na tem mestu bi se vsem lovcem in drugim, ki ste kakorkoli prispevali k tako uspešni akciji zbiranja vzorcev, iskreno zahvalili!

Pregled zbranih vzorcev

Do danes (15. 12. 2023) je na centralno enoto Zavoda za gozdove Slovenije prišlo **2711 vzorcev**. Pred pričetkom terenskega zbiranja vzorcev smo si zastavili cilj 2500 vzorcev, ki smo ga do sedaj že presegli za preko 200 vzorcev. S tem smo lovci ponovno pokazali kako ključni smo pri izvedbi tovrstnih raziskav in kako lahko doprinesemo nadaljnjemu ugodnemu stanju rjavega medveda na območju Slovenije in k znanstveno podprtem ter utemeljenem upravljanju s to vrsto.

Spodaj prilagamo karti do sedaj zbranih vzorcev:



Slika 4: Primer enega od poslanih množičnih e-sporočil lovcem, ki so sodelovali pri vzorčenju.

2.1.5 Priprava člankov za revijo Lovec o poteku monitoringa (obveščanje vseh lovcev, tudi tistih, ki niso vključeni v shemo pošiljanja množičnih e-poštnih sporočil)

Za septembrsko (9/2023) številko revije Lovec (slika 5; <https://clan.lovska-zveza.si/userfiles/Lovec/pdf/Lovec-2023-09.pdf>) smo pripravili kratek članek, v katerem smo pozvali lovce k začetku vzorčenja. Ker revijo Lovec prejemajo vsi slovenski lovci, smo s tem želeli doseči največje možno število lovcev, ki bi lahko prispevali k vzorčenju in boljši terenski pokritosti območja vzorčenja. Omenjeni članek smo tudi izkoristili za obnovo znanja lovcev o pravilnem načinu jemanja vzorca ter s tem povečali verjetnost, da bodo vzorci uspešno prestali genotipizacijo. V članek smo vnesli tudi QR kodo, ki vodi do Youtube posnetka (<https://www.youtube.com/watch?v=or72PuaKbNc>), v katerem je praktični prikaz pravilnega odvzema vzorca na dejanskem iztrebku rjavega medveda.



Slika 5: Članek v septembrski številki Lovca - poziv lovcem k pričetku zbiranja vzorcev.

2.1.6 Komunikacija z vzorčevalci po obdobju vzorčenja

Ob koncu vzorčenja smo za poletno številko (7-8/2024) revije Lovec pripravili kratek članek o preliminarnih ugotovitvah vzorčenja (koliko različnih vzorcev je bilo nabranih, koliko lovcev, gozdarjev in prostovoljcev je sodelovalo pri vzorčenju ter kaj tovrstne akcije pomenijo za varstvo narave v širšem pomenu) (<https://clan.lovska-zveza.si/userfiles/Lovec/pdf/Lovec-2024-07.pdf>). Zelo pomembno je namreč, da sodelujočim ažurno pošiljamo povratne informacije in s tem vzdržujemo zainteresiranost tudi za morebitne prihodnje tovrstne aktivnosti.

Ob zaključenem postopku genotipizacije vzorca in prepoznavi posameznih osebkov smo za vsakega vzorčevalca pripravili personalizirano poročilo (slika 6), v katerem smo z besedilom in kartami predstavili, kakšen je bil uspeh genotipizacije posameznih vzorcev (delujoč vzorec ali vzorec, ki ne deluje oziroma ali je šlo za netačno vrsto), koliko različnih medvedov je posamezen vzorčevalec zaznal ter na karti prikazali, na katerih drugih območjih so drugi

vzorčevalci uspeli pridobiti vzorec istega medveda. Omenjena poročila so bila po pošti poslana na naslove lovskih družin oziroma v elektronski obliki posredovana zaposlenim na ZGS.



Miha Predalič 1/3

MONITORING MEDVEDA 2023

ZGS CE

Poročilo o zbranih vzorcih osebe Miha Predalič

Spoštovani,

pošiljamo vam delne rezultate izvedbe genetskega štetja rjavega medveda, pri katerem ste sodelovali lansko jesen. Skupaj smo v letu 2023 zbrali zadostno število vzorcev za zelo dobro oceno številčnosti. Ta bo dokončana in javno predstavljena v začetku leta 2025, trenutno pa že vemo, kateremu medvedu je pripadal posamezni vzorec. V nadaljevanju so prikazani rezultati analize vzorcev, ki ste nam jih posredovali. Trudili smo se analizirati čim več zbranih vzorcev, a čisto vseh zaradi omejenih sredstev ni bilo mogoče analizirati. Za dodatne informacije nas lahko kontaktirate na naslov: matej.bartol@zgs.si

Iskrena hvala za vaše sodelovanje!

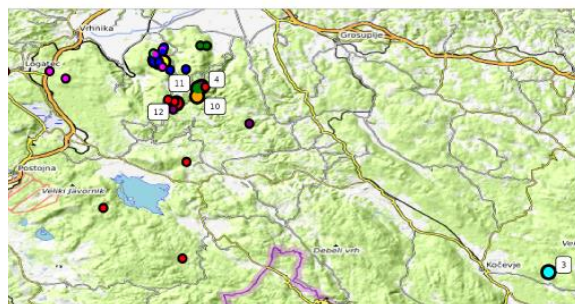
Preglednica 1: VZORCI

St. zbranih vzorcev	23
St. analiziranih vzorcev*	15
Od tega:	
Medved	12
Notarčna vsota/Ne dela	3

* Zaradi finančnih omejitev projekta je bilo potrebno opraviti selekcijo vzorcev, ki so bili analizirani.

Preglednica 2: Analizirani vzorci medveda. Številke se ujemajo s tistimi na sliki 1.

St.	Tip vzorca	Žival	Datum
12	Iztrebek	M0UMK	2023-09-17
1	Iztrebek	M17A5	2023-11-18
2	Iztrebek	M17A5	2023-11-24
6	Iztrebek	M17A5	2023-11-18
9	Iztrebek	M17A5	2023-11-24
11	Iztrebek	SLM0AP	2023-10-25
7	Iztrebek	SLM443	2023-10-23
10	Iztrebek	SLM44F	2023-10-23
4	Iztrebek	SLM454	2023-10-06
3	Iztrebek	SLM4M8	2023-11-02
8	Iztrebek	SLM538	2023-11-24
5	Iztrebek	SLM5JM	2023-11-24



Vzorčenje ŽIVAL

■ M0UMK ■ SLM0AP ■ SLM44F ■ SLM4M8 ■ SLM5JM
■ M17A5 ■ SLM443 ■ SLM454 ■ SLM538

Preglednica 3: Medvedi, katerih vzorce ste zbrali. Barve se ujemajo s tistimi iz slike 1.

■ M0UMK	Samec. Tekom monitoringa je bilo zbranih 9 vzorcev tega medveda.
■ M17A5	Samica. Tekom monitoringa je bilo zbranih 10 vzorcev tega medveda.
■ SLM0AP	Samica. Tekom monitoringa je bilo zbranih 3 vzorcev tega medveda.
■ SLM443	Samica. Tekom monitoringa je bilo zbranih 1 vzorec tega medveda.
■ SLM44F	Samec. Tekom monitoringa je bilo zbranih 1 vzorec tega medveda.
■ SLM454	Samec. Tekom monitoringa je bilo zbranih 3 vzorcev tega medveda.
■ SLM4M8	Samec. Tekom monitoringa je bilo zbranih 1 vzorec tega medveda.
■ SLM538	Samec. Tekom monitoringa je bilo zbranih 6 vzorcev tega medveda.
■ SLM5JM	Samica. Tekom monitoringa je bilo zbranih 2 vzorcev tega medveda.

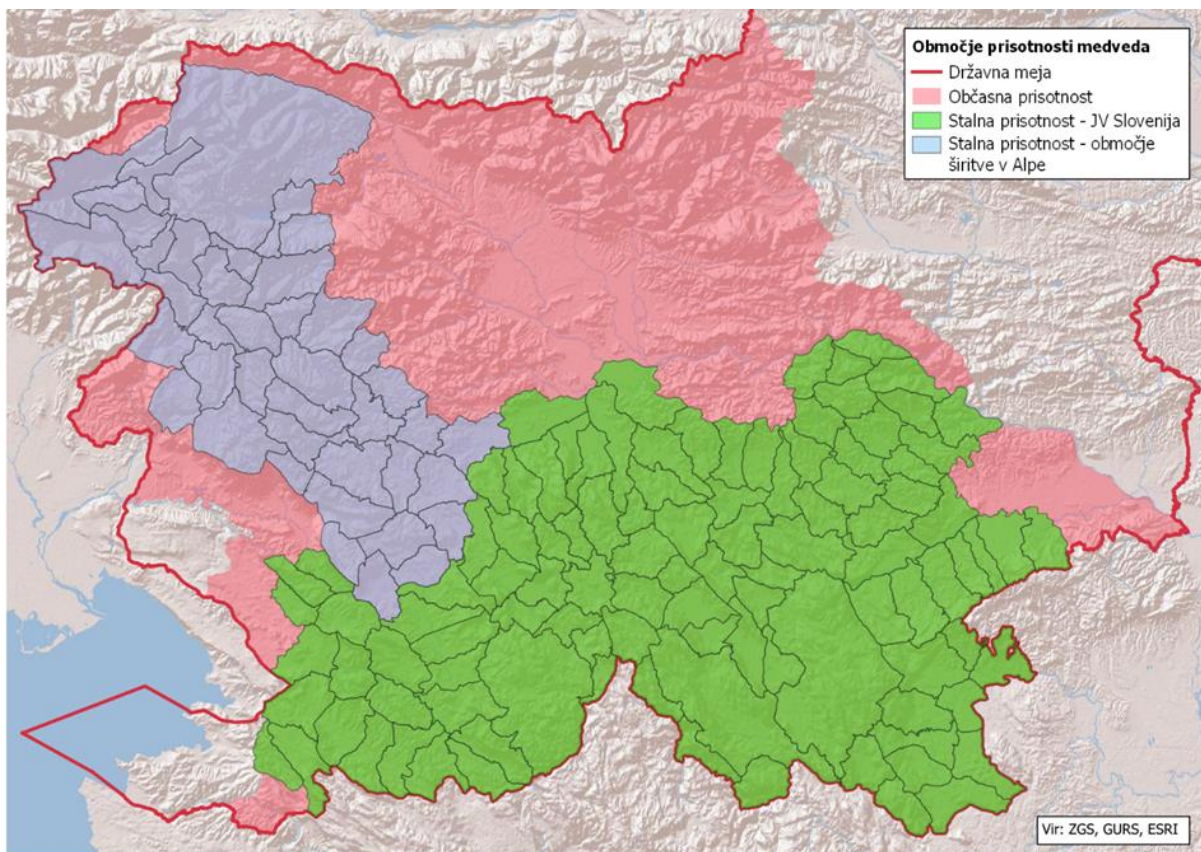


Slika 6: Primer individualiziranega poročila, s katerim smo sodelujočim vrnilli povratne informacije.

2.2 Sistematično neinvazivno genetsko vzorčenje na območju stalne prisotnosti rjavega medveda v Sloveniji

2.2.1 Zasnova študije

Prve raziskave, ki so temeljile na neinvazivnem genetskem vzorčenju rjavega medveda, so bile v Sloveniji izvedene v letih 2003-2008. Takrat je bilo ugotovljeno, da je kakovosten genotip medveda iz vzorcev iztrebkov (najvišja uspešnost genotipizacije) najlažje doseči iz iztrebkov, zbranih jeseni in zgodaj pozimi (Skrbinšek in sod., 2010; Skrbinešek in sod., 2007). Omenjene študije so prav tako potrdile, da se populacija rjavega medveda obnaša kot približno demografsko zaprta tudi na majhnih raziskovalnih območjih, če so bili vzorci zbrani v kratkem (trimesečnem) časovnem okviru (Skrbinšek in sod., 2007). Ta izkušnja je bila uspešno uporabljena pri prejšnjih intenzivnih genetskih vzorčenjih medvedov v Sloveniji (Skrbinšek in sod., 2008, Skrbinešek in sod., 2019a, Skrbinešek in sod., 2017) in je bila podlaga za odločitev, da tudi tokrat načrtujemo intenzivno, trimesečno neinvazivno genetsko vzorčenje, in sicer od 1. septembra do 31. decembra 2023.



Slika 7: Območje občasne prisotnosti rjavega medveda v Sloveniji (rožnato) ter območje stalne prisotnosti, razdeljeno na osrednje območje prisotnosti medveda (zeleno) in območje širjenja populacije v alpski prostor (modro).

Sistematično neinvazivno vzorčenje je bilo skladno s projektno nalogo treba izvesti na celotnem območju stalne prisotnosti rjavega medveda (slika 7). Ker je bilo vzorčenje načrtovano na zelo velikem območju v zelo kratkem času, ga je bilo praktično nemogoče izvesti le z osebjem, zaposlenim pri izvajalcu in podizvajalcih projektne naloge. Da bi vzorčenje uspelo, smo organizirali veliko mrežo terenskega osebja, sestavljeno tako iz prostovoljcev kot zaposlenih (glej podpoglavje 2.1), ki so sodelovali pri vzorčenju in zagotavljali vzorce. Intenzivno sistematično vzorčenje smo organizirali na območju stalne prisotnosti medvedov tako v Alpah kot v Dinaridih.

Da bi določili obseg vzorčenja, potrebnega za pridobitev uporabnega intervala zaupanja ocene številčnosti, smo že v fazi priprav na izvedbo vzorčenja opravili analizo statistične moči s simulacijsko študijo v programu MARK (White in Burnham, 1999). Pri analizi statistične moči simuliramo proces ulova – ponovnega ulova (kot bi se dogajal v neki teoretični naravni populaciji), pri tem pa določimo »dejansko« simulirano število živali in število zbranih vzorcev. Te simulirane podatke potem z istimi metodami, kot bi jih uporabili na dejanskih podatkih, analiziramo in pogledamo koliko pri opredeljenih parametrih simulacije (»dejansko« simulirano število osebkov, število »zbranih« simuliranih vzorcev) številčnost, ocenjena z modeliranjem ulova – ponovnega ulova, odstopa od simuliranega števila, torej ocenimo napako. Simulacije velikokrat ponovimo in dobimo distribucijo pričakovane napake. Na podlagi znanih podatkov predpostavimo zgornjo realistično mejo dejanske velikosti populacije (na ta način se izognemo precenjevanju moči in podcenjevanju potrebnega napora). Simuliramo različne intenzivnosti vzorčenja (različno število zbranih vzorcev) in tako ocenimo koliko vzorcev bi morali najmanj zbrati v dejanski študiji, da bi še vedno dobili dovolj dober rezultat za potrebe upravljanja. Na

ta način lahko ocenimo optimalen potreben napor vzorčenja, ki bi nam še dal zadovoljiv rezultat ob čim manjšem naporu (in s tem povezanih stroških) vzorčenja in laboratorijskih analiz. Uporabili smo 1200 živali kot najboljšo oceno zgornje meje velikosti populacije, 70-odstotno pričakovano stopnjo uspešnosti genotipizacije in preprost Hugginsov model ulova – ponovnega ulova (Huggins, 1989) z enako verjetnostjo prvega ulova in ponovnega ulova ($p=c(.)$) kot simulacijski in ocenjevalni model. Simulirali smo različne intenzivnosti vzorčenja, da bi razumeli širino intervala zaupanja, ki bi ga dobili v idealnih okoliščinah. Rezultate smo uporabili za načrtovanje zbiranja vzorcev in obseg vzorčenja.

2.2.2 Material za vzorčenje

Za čim boljšo izvedbo vzorčenja smo pripravili brošuro s kratkimi in jasnimi navodili za neinvazivno genetsko vzorčenje iztrebkov *Navodila za zbiranje genetskih vzorcev medveda* in jo grafično oblikovali. Natisnili smo jo v 3000 izvodih. Grafično je bil oblikovan tudi logotip projekta, ki se navezuje na logotip projekta LIFE DINALP BEAR, v sklopu katerega je potekalo prejšnje vzorčenje medveda v Sloveniji. Logotip smo uporabili pri oblikovanju in izdelavi navodil za zbiranje vzorcev. Oblikovali in natisnili smo tudi prednaslovljene kuverte s plačano poštnino, da se zbrane vzorce enostavno dostavi preko pošte.

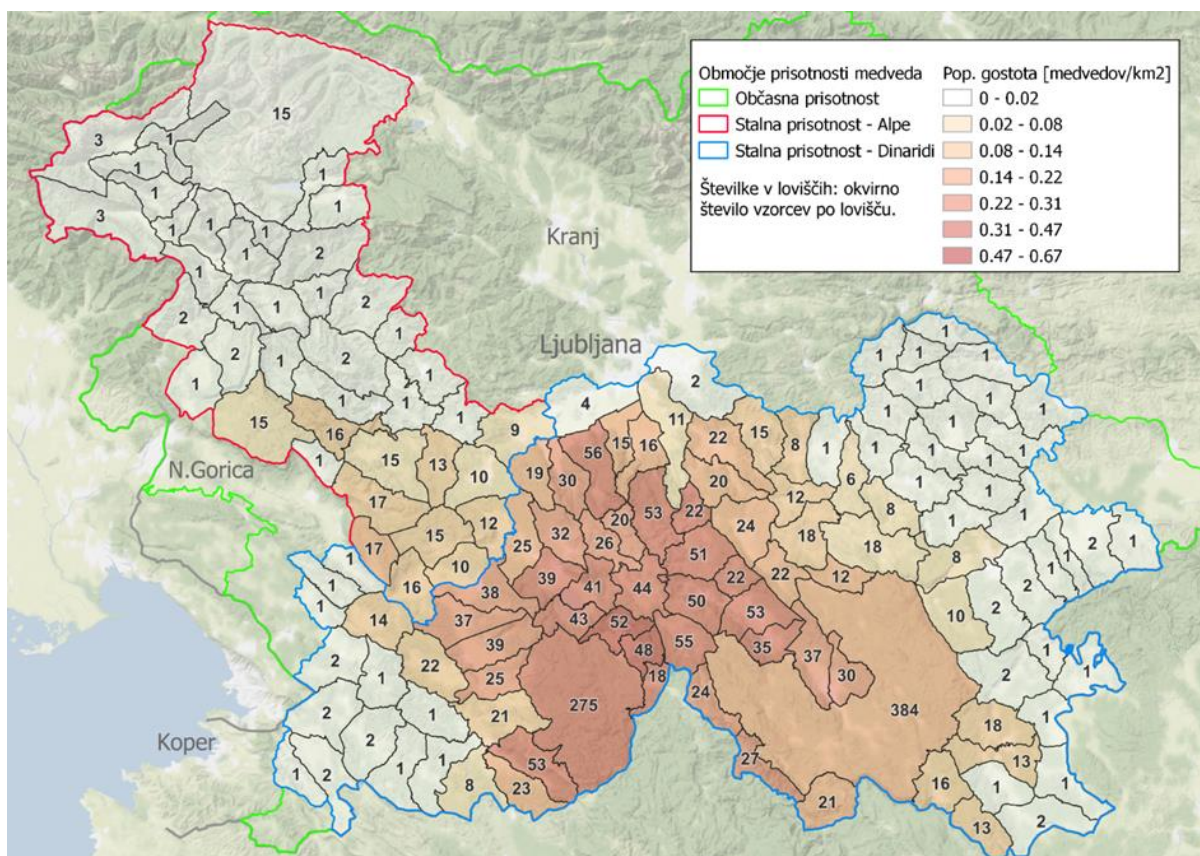
Sestavili smo komplete za vzorčenje, ki jih je sestavljala škatlica iz lepenke, v kateri so bila navodila za genetsko vzorčenje ter več enot za vzorčenje iztrebkov in enako število kuvert s predplačano poštnino (slika 8).

Enote za vzorčenje neinvazivnih genetskih vzorcev so vsebovale vrečko z 2 ml epruveto, napolnjeno z 1,25 ml DET pufra, in vatiranec, s katerim se odvzame vzorec iztrebka. Na sprednji strani vsake vrečke je bila etiketa, na katero se je zabeležilo podatke o vzorcu. Zadnja stran vrečke je bila dveh različnih tipov i.) etiketa, namenjena lovcem iz lovskih družin, na kateri se je zabeležilo velikost majice ter ii.) etiketa, namenjena poklicnim lovcem in ostalim. Oba tipa etiket sta vsebovala izjavo, da se vzorčevalec strinja z obdelavo podatkov za namene monitoringa.



Slika 8: Komplet za genetsko vzorčenje iztrebkov medvedov.

Z namenom zagotavljanja čim bolj prostorsko enakomerne intenzivnosti vzorčenja smo število kompletov za vzorčenje za vsako lovsko družino/LPN na podlagi GIS analize prilagodili površini gozda v lovišču (slika 9). Da bi dosegli višjo stroškovno učinkovitost, smo število enot za vzorčenje v kompletu prilagodili glede na predhodne informacije o pričakovanih gostotah medvedov (tj. na osrednjih območjih smo zagotovili 5 enot na komplet, na robnih območjih z občasno prisotnostjo medvedov pa 2 enoti na komplet). Komplete za vzorčenje smo terenskem osebju razdelili na delavnicah, opisanih v poglavju 2.1.1.



Slika 9: Pričakovano število vzorcev po lovišču, ki smo ga uporabili za pripravo materiala in zagotavljanje enake intenzivnosti vzorčenja po celotnem območju.

Z vključevanjem gozdarjev, zaposlenih pri ZGS, ter lovcev - članov lovskih družin in poklicnih lovcev (na območju LPN, ki jih upravljata ZGS in Javni zavod Triglavski narodni park) smo zagotovili dve osnovni vzporedni mreži vzorčenja. Na območjih, kjer vzorčenje iz takšnih ali drugačnih razlogov ni potekalo po pričakovanjih, so teren dodatno pregledali člani ožje ekipe ZGS in prostovoljci Društva Dinaricum. Na ta način smo zagotavljali, da je bilo celotno območje stalne prisotnosti medveda ustrezno pregledano in povzorčeno.

2.2.3 Spremljanje poteka vzorčenja

Vsi vzorci so se zbirali na centralni enoti ZGS, kamor smo jih prejeli po dveh poteh: po pošti v kuvertah s predplačano poštnino (vzorci lovcev iz lovskih družin) in z osebnim prevzemom na organizacijskih enotah ZGS (vzorci zaposlenih na ZGS). Vse vzorce smo takoj, ko so prispeli v prostore centralne enote ZGS, polepili z unikatnimi 2D črtnimi kodami in jih vnesli v spletno podatkovno zbirko MBase (<https://portal.mbase.org/>). Podatkovna zbirka MBase je samodejno izrisovala lokacije vzorcev na zemljevidih, kar nam je omogočalo stalno spremljanje napredka zbiranja vzorcev. Redno smo preverjali zemljevide, da bi ugotovili, ali obstajajo kakšna območja, kjer se vzorci niso zbirali, da bi lahko ustrezno ukrepali.

Ker smo potek vzorčenja spremljali v realnem času skozi spletno podatkovno zbirko MBase, smo lahko sproti načrtovali ukrepe, ki so nam omogočili hiter odziv na morebitne težave. V primeru, ko je bilo katero koli območje iz kakršnega koli razloga premalo povzorčeno, smo a) najprej stopili v stik z lokalnimi lovci in zaposlenimi na ZGS, da bi ugotovili vzrok težave, in b) če nismo našli rešitve, smo organizirali zbiranje vzorcev na teh območjih z uporabo drugih lokalnih vzorčevalcev ali ožje ekipe ZGS oziroma prostovoljcev Društva Dinaricum.

2.3 Priložnostno neinvazivno genetsko vzorčenje medvedov na območju občasne prisotnosti rjavega medveda

Izven območja stalne prisotnosti rjavega medveda smo genetske vzorce medvedov zbirali priložnostno. Upravljalci lovišč so avgusta 2023 poročali o opaženih znakih prisotnosti medvedov. Na podlagi teh in drugih (priložnostno pridobljenih) informacij smo usmerili pozornost na območja, kjer so se domnevno pojavljali medvedi. Uslužbenice ZGS, ki delujejo na teh območjih, smo opremili z materialom za vzorčenje in jih ustrezno usposobili za neinvazivno genetsko vzorčenje. Priložnostno vzorčenje izven območja stalne prisotnosti rjavega medveda smo izvajali na enak način in v istem obdobju, kot je že opisano v prejšnjem poglavju. Na tak način smo poskušali zbrati čim večje število genetskih vzorcev.

2.4 Genotipizacija genetskih vzorcev in analiza podatkov

2.4.1 Izbor vzorcev za genotipizacijo

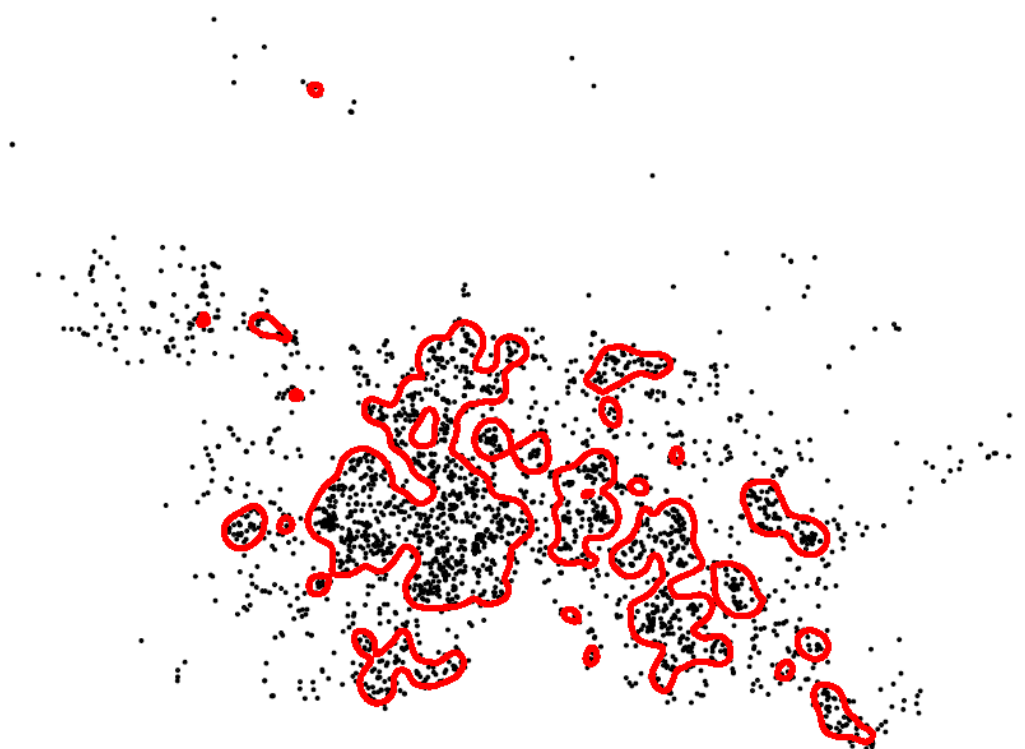
Skupno število zbranih genetskih vzorcev je preseglo finančne zmožnosti, namenjene genotipizaciji. Skladno s projektno nalogo smo imeli zagotovljena finančna sredstva za analizo 2500 genetskih vzorcev (tkivnih in neinvazivnih). Ker smo z vzorčenjem omenjeno število presegli, je bilo treba izvesti izbor vzorcev, ki smo jih nato posredovali v genotipizacijo. Pri tem smo izločili 425 neinvazivnih genetskih vzorcev, in sicer na v nadaljevanju opisan način.

Najprej smo izločili vzorce, zbrane v letu 2024 in pomotoma vnesene v podatkovno bazo ($n = 1$), nato vzorce dlake, zbrane na osrednjem območju pojavljanja medveda ($n = 2$) in vzorce dlake, shranjene v DET fiksativu ($n = 1$). Vzorci dlake so bili odstranjeni zaradi nižje verjetnosti za uspešno ekstrakcijo uporabnega genotipa. Preostalih 421 vzorcev smo izločili glede na prostorsko in časovno soodvisnost, gostoto zbranih vzorcev v prostoru ter zastopanost vzorcev po loviščih. Pri določanju skupin vzorcev, ki so zbrani na podobnih lokacijah ob istem času, smo uporabili metodo hierarhičnega gručenja. Gre za metodo podatkovnega rudarjenja, kjer osnovne entitete (v našem primeru vzorce) združujemo v skupine (gruče) glede na razdalje med atributi teh entitet (v našem primeru: koordinata x , koordinata y in datum zbranega vzorca). Uporabili smo združevalni način hierarhičnega gručenja. Pri združevalnem načinu je na začetku vsak primer v podatkovni množici svoja gruča, nato pa metoda v vsakem koraku združi dve najbližji gruči. Dodelitev vzorca v gručo pa je opravljena na podlagi različnih pravil. V našem primeru smo uporabili metodo popolne povezave (angl. »complete linkage«) ki maksimizira razdaljo med gručami na podlagi razdalje med najbolj oddaljenima članoma gruče. Prek izvedbe hierarhičnega gručenja smo vzorce razdelili v 2438 časovno in prostorsko neodvisnih skupin (število skupin je bilo določeno glede na končno število analiziranih neinvazivnih vzorcev). Kot kriterij za določitev prostorske in časovne soodvisnosti smo določili razdalje med vzorci manjše od 1000 m, ki so zbrani znotraj časovnega okna treh dni. Večina vzorcev je bila določena v gruče z enim samim vzorcem ($n = 2150$), ostale gruče so vsebovale med 2 in 9 vzorcev (skupaj 709 vzorcev). Za vse vzorce, vključene v gruče z dvema ali več vzorci ($n = 709$), smo v GIS programu izvedli ročni pregled in izločevanje vzorcev. S tovrstnim izločevanjem smo želeli doseči, da v vsaki gruči ostane najmanj 1 vzorec. Zaradi narave zbiranja neinvazivnih vzorcev, predvsem vzorčenja na krmiščih za divjad, kjer se v ozkem časovnem oknu lahko pojavlja več različnih osebkov, je bilo v večini primerov izločevanje

nekoliko manj strogo. V povprečju smo iz posamezne gruče z več kot enim vzorcem, odstranili 50 % vzorcev. Pri izboru vzorcev smo sledili določenim kriterijem:

- močnejša selekcija se izvaja v osrednjem območju pojavljanja medveda, ki ga v grobem določa linija Ilirska Bistrica – Postojna – Ljubljana – Novo mesto – Črnomelj;
- znotraj skupine se izloča starejše vzorce, saj se zaradi postopnega razpadanja dednine verjetnost za uspešno genotipizacijo s starostjo iztrebka oziroma vzorca manjša;
- kjer je v isti gruči in istem dnevu vzorce zbiralo več vzorčevalcev, se ohrani le vzorce enega vzorčevalca, saj s tem zmanjšamo verjetnost analize podvojenih vzorcev;
- pri vzorčevalcih imajo prednost vzorci poklicnih lovcev in gozdarjev pred člani LD in ti pred ostalimi vzorčevalci;
- če ni velikih razlik v starosti, imajo prednost vzorci s podano GPS lokacijo pred ostalimi tipi lokacije (lovski kvadrant, ledinsko ime);
- močnejša selekcija se znotraj gruče izvaja na območjih, kjer je več vzorcev zbranih tudi v ostalih gručah z območja (prostorsko sorodne gruče, ki se časovno razlikujejo).

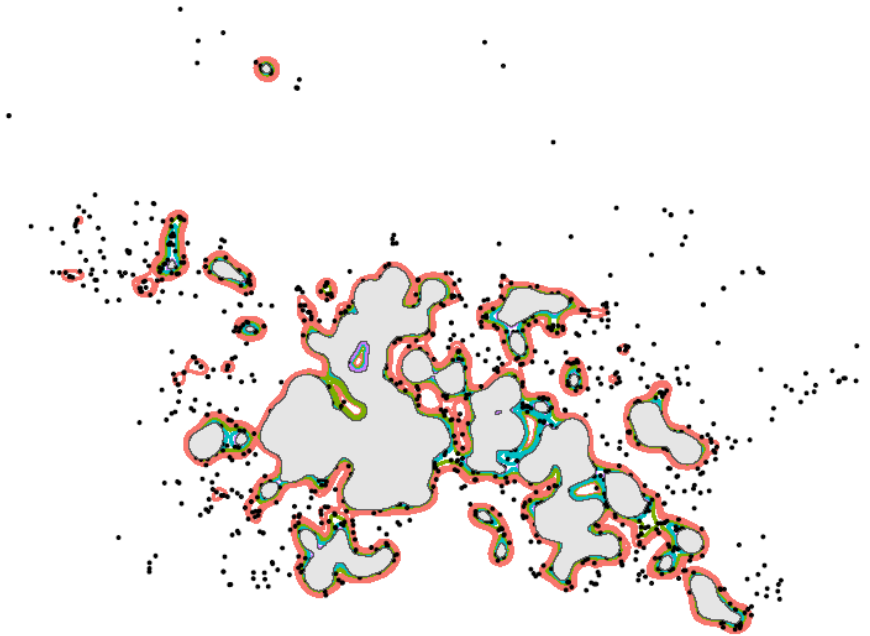
Na ta način smo obdelali 709 vzorcev, od tega jih je bilo 461 izbranih za analizo, 248 pa je bilo odstranjenih.



Slika 10: Območja z najvišjo gostoto vzorcev (rdeče) in vsi zbrani vzorci

Preostale vzorce smo izločili iz gruč, ki so vsebovale le en vzorec ($n = 2150$). Pri izločanju teh vzorcev smo se osredotočili na območja z zelo visoko gostoto vzorcev. Za opredelitev teh območij smo uporabili metodo gostote jedra (angl. »kernel density«), ki ocenjuje, kako gosto so vzorci razporejeni v prostoru. Za vsak vzorec smo izračunali gostoto sosednjih vzorcev v

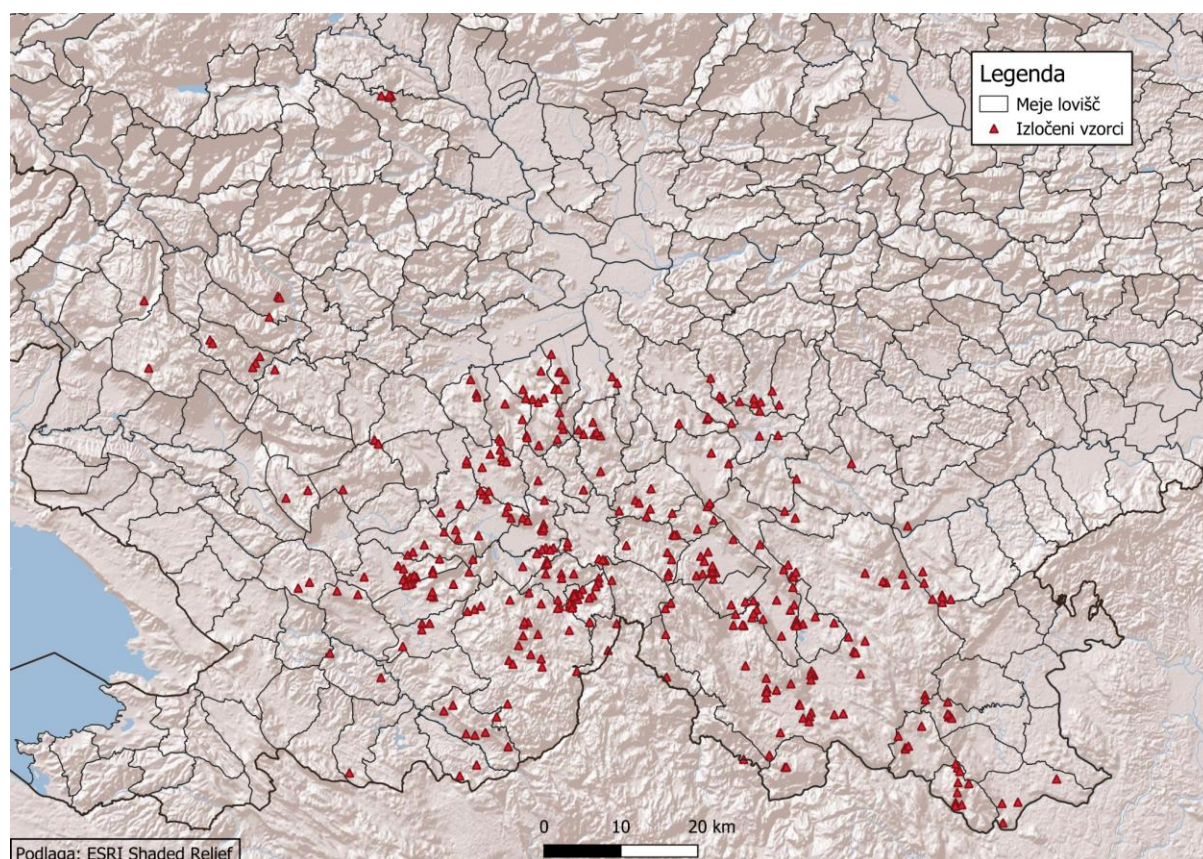
radiju 10 km. Tako smo dobili zvezno površino gostote, preko katere smo določili območje z največjo koncentracijo vzorcev (slika 10). Iz tega območja smo izločili vse starejše vzorce (tiste, ki so imeli ocenjeno starost 4 ali 5 dni), saj je verjetnost uspešne genotipizacije pri teh manjša kot pri svežih vzorcih. Rezultate smo preverili po posameznih loviščih in tam, kjer je bilo odstranjenih več kot 25 % vzorcev, hkrati pa nismo dosegli pričakovanega števila vzorcev, izvedli korekcijo. V teh loviščih smo ponovno vključili vzorce s starostjo 4 dni. Na ta način smo odstranili dodatnih 131 vzorcev.



Slika 11: Območja z višjo gostoto vzorcev (barvno), kjer smo postopno izločali vzorce z ocenjeno starostjo 5 dni, in vsi zbrani vzorci

Preostale vzorce smo odstranili z razširitvijo območja gostot vzorcev (slika 11). Območje smo razširili za eno enoto gostote (en vzorec na 10 km²) in iz njega odstranili vse vzorce, stare 5 dni. Ta korak smo izvedli štirikrat zapored. Po vsakem izločanju smo preverili, koliko vzorcev ostane za analizo v posameznem lovišču. Če je bilo odstranjenih več kot 30 % vzorcev, smo v analizo ponovno vključili vzorce s starostjo 5 dni iz trenutnega pasu izločanja. S tem

postopkom smo odstranili dodatnih 32 vzorcev. Skupno smo pri izločanju vzorcev iz gruč z le enim vzorcem iz analize odstranili 163 vzorcev (131 + 32).



Slika 12: Neinvazivni genetski vzorci, ki smo jih zaradi omejenih finančnih sredstev izločili iz analize.

Prek izločanja po opisani metodologiji smo izločili 415 vzorcev (1 - zbrano v 2024, 3 - dlaka, 248 - gruče, 164 - posamezni vzorci). Za doseg cilja 425 izločenih vzorcev (slika 12) smo preostalih 10 vzorcev izločili »ročno«; s tem smo na slabše povzročenih območjih izločili starejše vzorce (ocenjena starost 5 dni oziroma brez navedbe ocene starosti).

2.4.2 Priprava neinvazivnih genetskih vzorcev

Vsak neinvazivni vzorec je ob vpisu v bazo podatkov prejel unikatno 2D črtno kodo, da bi se tako popolnoma izognili ročnemu označevanju vzorcev in ročnemu vnosu ID vzorca. Ta črtna koda je vzorcu sledila ves čas analize. Vtiranci z vzorci so bili shranjeni v DET (DMSO, EDTA, Tris, NaCl) pufru in sicer v istih epruvetah, v katere so bili zbrani, pri -20 °C do ekstrakcije DNA. Po ekstrakciji DNA so bili vzorci hranjeni pri -20 °C dokler niso bile končane vse nadaljnje analize. Vsi vzorci so bili do zaključka naloge shranjeni v ločenih zamrzovalnikih, ki so namenjeni izključno neinvazivnim in zgodovinskim genetskim vzorcem, bodisi v posebnem laboratoriju za neinvazivno DNA bodisi v prostorih, kjer ni možnosti kontaminacije s PCR produkti. Izolirana DNA se hrani pri -20 °C po enakih postopkih za preprečevanje kontaminacije.

Vse DNA izolate smo uredili, vnesli v podatkovno bazo in jih spremljali s črtnimi kodami. Hramba originalnega tkiva je smiselna za primere, ko bi bilo potrebno ponovno izolirati DNA, saj je DNA v tkivu veliko bolj stabilna kot izolirana DNA, ki na -20 °C počasi propada.

2.4.3 Preprečevanje kontaminacije

DNA v neinvazivnih genetskih vzorcih je zelo slabe kakovosti in v nizki koncentraciji, tako da predstavlja kontaminacija (zlasti s PCR produkti) resen problem. Za ekstrakcijo DNA iz neinvazivnih genetskih vzorcev in pripravo PCR smo uporabili poseben laboratorij za neinvazivne genetske vzorce. Laboratorij in prostor ob njem sta bila uporabljena tudi za shranjevanje potrošnega materiala in vzorcev. Vsi nadaljnji laboratoriji (PCR, čiščenje knjižnic, shranjevanje PCR produktov) so bili fizično ločeni na drugi strani stavbe. Da bi preprečili kontaminacijo, smo izvajali stroga pravila glede gibanja osebja, opreme in materiala ter ves čas uporabljali negativne kontrole. Najosnovnejše pravilo je, da oprema ali material, ki je bil na območjih po PCR, ne sme nikoli v laboratorij za neinvazivne vzorce, osebje, ki je bilo na območjih po PCR, pa se lahko vrne v laboratorij šele, ko se preobleče in oprha.

2.4.4 Ravnanje s tkivnimi vzorci

V laboratorij smo dostavili tkivne vzorce vseh medvedov, katerih smrtnost je bila evidentirana v času med septembrom in decembrom 2023 (N = 62; zbiranje tkivnih vzorcev ni del te projektne naloge). Vzorci tkiv mrtvih medvedov imajo veliko večjo kakovost in količino DNA kot neinvazivni vzorci in so zato lahko vir kontaminacije. Z njimi se zato ravna v "tkivnem laboratoriju", ločenem prostoru, za katerega veljajo nižje zahteve za preprečevanje kontaminacije. V tem ločenem prostoru se hrani tudi iz tkiv pridobljena DNA.

2.4.5 Laboratorijske analize

Laboratorijska analiza ima štiri ključne korake – izolacijo DNA, pomnoževanje tarčnih markerjev v PCR, pripravo knjižnic in sekvenciranje knjižnic na sekvenatorju naslednje generacije (NGS). Temu sledi bioinformacijska analiza rezultatov in produkcija končnih genotipov. Čim več korakov v postopku smo avtomatizirali z laboratorijsko avtomatiko, vzorce in knjižnice pa sledili s črtnimi kodami, da smo s tem minimalizirali možnost človeške napake.

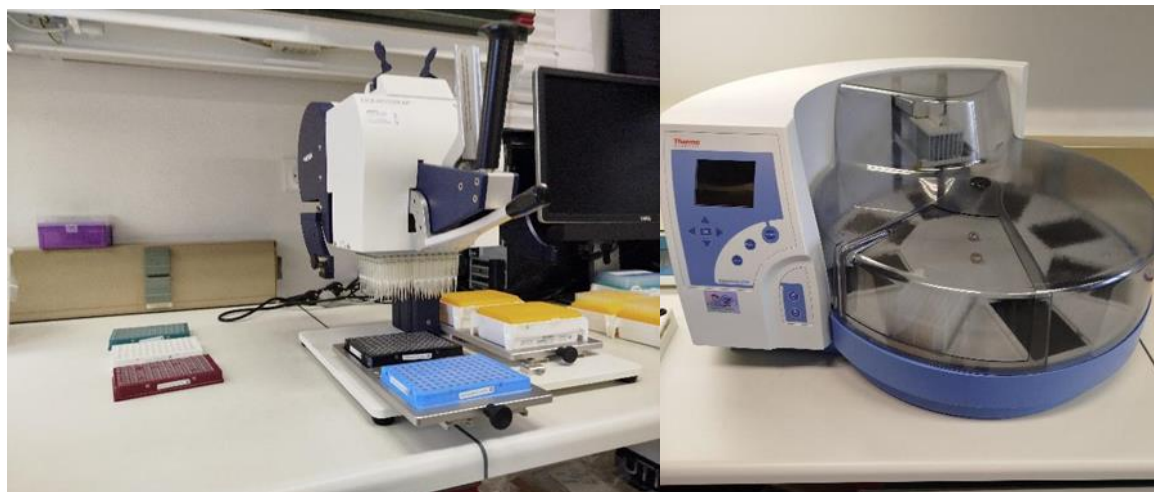
Izolacija DNA in priprava PCR sta potekali v laboratoriju za neinvazivne genetske vzorce, kjer veljajo zelo strogi režimi za preprečevanje kontaminacije tarčne DNA. Po začetni predpripravi vzorca poteka izolacija DNA s pomočjo robota KingFisher Flex 96 (Thermo Fisher Scientific), ki omogoča sočasno avtomatizirano izolacijo DNA iz 96 vzorcev v formatu mikrotitrne plošče s 96 pozicijami. V praksi izvajamo izolacijo iz 83 vzorcev naenkrat, ker pustimo že na mikrotitrski plošči z izolirano DNA prostor za pozitivne kontrole, negativne kontrole in kontrole sistema označevanja z DNA značkami (»tagging«). Pozitivne kontrole (predhodno analizirani dobro delujoči vzorci) nam omogočajo nadzor kakovosti PCR in sekvenciranja, negativne pa nadzor kontaminacije. Negativne kontrole imamo tako ekstrakcijske (kjer naredimo celotno ekstrakcijo, namesto vzorca pa damo vodo) kot PCR (kjer dodamo vodo namesto vzorca v PCR), s čimer lahko zaznamo kje v procesu bi prišlo do kontaminacije. Kontrole »tagging« sistema so specifične za metodo analize mikrosatelitov s sekvenciranjem naslednje generacije. Metoda je podrobno opisana v De Barba s sod. (2017), tukaj bomo skrajšano povzeli osnovni koncept. Vzorci so označeni s kombinacijo DNA značk (kratko DNA zaporedje) na »forward« in »reverse« začetnih oligonukleotidih za PCR, ki je v vsaki jamici mikrotitrne plošče unikatna, kar nam po sekvenciranju omogoča prepoznavo posameznih vzorcev s pomočjo bioinformatičnih orodij. Kontrole »tagging« sistema so pravzaprav prazne jamice v mikrotitrski plošči. Ker imamo potem na teh lokacijah mikrotitrne plošče kombinacije značk, ki jih ne bi smelo biti v končnih podatkih, nam te kontrole omogočajo zaznavo

problemov v sistemu, do katerih lahko pride pri pripravi knjižnic za Illumina sekvenciranje (»tag jump«, »cross-talk«).

Ker je število tkivnih vzorcev obvladljivo, smo ekstrakcijo DNA iz vzorcev tkiva opravili z ročnim kompletom za ekstrakcijo DNA (Sigma GenElute) v "tkivnem laboratoriju".

Celotna analiza po izolaciji DNA se je izvajala v osmih tehničnih replikatih, da smo lahko obvladali napake genotipizacije, ki so pri neinvazivnih genetskih vzorcih neogibne. Priprava PCR se izvaja neposredno iz celotne plošče izolatov s pomočjo 96-kanalne pipete (Gilson; slika 13), da se popolnoma izognemo možnosti napak pri pipetiranju. PCR smo naredili v fizično ločenem laboratoriju v 96 ali 384 formatu v Eppendorf termociklerjih. PCR produkte smo združili v knjižnico in sekvencirali DNA s sekvenatorjem Illumina NovaSeq, kjer za vsako knjižnico (86 vzorcev v 8 tehničnih replikatih) zberemo 25 milijonov obojestranskih sekvenc (DNA zaporedij). Dolžine sekvenc se razlikujejo glede na amplificiran produkt, so pa dolge največ 150 baznih parov, kar je dolžinska meja prebranih sekvenc na Illumina platformah, ki se uporabljajo za tovrstne raziskave. Sistem markerjev, ki smo ga uporabili, je optimiziran za to omejitev dolžine sekvenc.

Rezultate (sekvence) smo bioinformacijsko obdelali, da smo dobili genotipe, in jih vnesli v laboratorijsko bazo ter združili s terenskimi podatki o vzorcih.



Slika 13: 96 kanalna pipeta omogoča hitro delo in praktično izniči verjetnost napak pri pipetiranju (levo). Robotska izolacija DNA (Thermo Scientific King Fisher Flex 96) omogoča visoko učinkovitost in hitro procesiranje velikega števila vzorcev, ob tem pa prav tako zmanjša verjetnost človeških napak (desno).

2.4.6 Genotipizacija

Za genotipizacijo smo uporabili metodo s sekvenciranjem naslednje generacije (De Barba in sod., 2017), ki je bila standardizirana že v okviru prejšnje genetske ocene številčnosti rjavega medveda (Skrbinšek in sod., 2017). Pogoji PCR, zaporedja začetnih oligonukleotidov (primerjev), postopki označevanja z DNA oznakami in združevanja so opisani v De Barba in sod. (2017). Začetni oligonukleotidi so podaljšani z oznakami DNA (kratкими specifičnimi zaporedji DNA). Namesto dveh primerjev se za vsak lokus uporabi niz primerjev z različnimi oznakami (v našem primeru 24 F in 32 R). Vsak vzorec se pomnoži v PCR z uporabo primerjev z unikatno kombinacijo oznak (enakih na vseh analiziranih lokusih), ki bodo v podatkih o zaporedju, pridobljenih z NGS sekvenciranjem, edinstveno identificirali ta specifični vzorec. V praksi to pomeni, da ima vsaka vdolbina v PCR mikroplošči unikatno kombinacijo oznak

primerja. S tem sistemom lahko unikatno označimo vzorce v osmih mikroploščah s po 96 jamicami ali 768 vzorci. Ključni korak je priprava plošč s primerji za hibridizacijo DNA oznak (mikroplošče, kjer je v vsaki vdolbinici mešanica primerjev za vse lokuse v multipleksu in unikatna kombinacija oznak), saj lahko napake pri pipetiranju na tej stopnji povzročijo precejšnje težave pri nadaljnjih analizah. To smo rešili z uporabo pipetirnega robota za pripravo mikroplošč s primerji, zaradi česar je verjetnost napak pri pipetiranju zanemarljiva. Ker se postopek precej razlikuje od običajnega načina genotipizacije, zainteresiranemu bralcu svetujemo, da za dodatne informacije preuči zgoraj navedeni članek.

V eni reakciji PCR smo hkrati pomnožili 13 mikrosatelitnih markerjev in marker za identifikacijo spola. PCR produkte vseh vzorcev iz vseh osmih mikroplošč in z vsemi markerji smo združili v eno epruveto (knjižnica), očistili s kompletom za čiščenje Minelute (Qiagen), kvantificirali na instrumentu Qubit in sekvencirali na sekvenatorju Illumina HiSeq, pri čemer smo dobili približno 10 milijonov branj zaporedja DNA na knjižnico. V eno samo serijo HiSeq smo vključili 12 ali 13 knjižnic.

Ko smo prejeli nukleotidna zaporedja (v bistvu gre za veliko besedilno datoteko), smo z bioinformatičnimi orodji izločili zaporedja za posamezne vzorce in označevalce ter določili posamezne alele. Uporabili smo bioinformatična orodja, ki so jih razvili De Barba in sod. (2017), nato pa smo v programskem okolju R (R Development Core Team, 2017) programirali lastne funkcije za »klicanje« alelov. V našo aplikacijo laboratorijske zbirke podatkov (MisBase) smo sprogramirali tudi funkcionalnost za upravljanje in vizualizacijo teh podatkov, ki nam je omogočila vizualno preverjanje točnosti vsakega genotipa.

Uporabili smo modificiran »multiple tube« pristop (Adams in Waits, 2007; Taberlet in sod., 1996) z 8 tehničnimi replikati analize vsakega vzorca. Izdelali smo »konsensus« genotip, za vsak vzorec pa sta bila izračunana tudi indeks kakovosti (Miquel in sod., 2006) in zanesljivost genotipa po metodi največjega verjetja (Miller in sod., 2002).

Metodo NGS smo uporabili tudi za genotipizacijo tkivnih vzorcev, s tem da se je priprava za PCR naredila ločeno v »tkivnem laboratoriju«.

2.4.7 Ujemanje vzorcev z enakim genotipom in dodeljevanje posameznikov vzorcem

Čeprav se zdi odkrivanje vzorcev z enakim genotipom (ki bi načeloma morali pripadati istemu osebk) preprosto, je to pogosto precej težaven del analize. Nepravilno ujemanje bodisi "združi" dejanske posameznike, če je informacij v analiziranih lokusih premalo, bodisi ustvari "nove" virtualne posameznike, če se zaradi napak pri genotipizaciji napačno šteje, da imajo vzorci različne genotipe. Prva težava se zmanjšuje z večanjem števila uporabljenih lokusov, vendar se s tem povečuje druga težava. Pri neinvazivnih vzorcih se napakam pri genotipizaciji ni mogoče izogniti niti z najstrožjimi protokoli zagotavljanja kakovosti (Taberlet in sod., 1999; Waits in Paetkau, 2005). Nepravilno ujemanje lahko povzroči precejšnje napake v ocenah številčnosti z ulovom in ponovnim ulovom (Roon in sod., 2005). Predlagana je bila rešitev za analizo najmanjšega števila lokusov, ki še vedno zagotavljajo zadostno ločljivost za zanesljivo identifikacijo posameznih živali, pri čemer se napaka čim bolj zmanjša (Paetkau, 2005). Čeprav je to intuitivno smiselno, je težava v tem, da se v neinvazivnih vzorcih posamezni lokusi v vzorcu ne bodo zanesljivo pomnožili, tako da tudi pri majhnem številu analiziranih lokusov napake zaradi izpadanja alelov (angl. »allelic dropout«) ostanejo pomemben problem. V takem primeru bo veliko število vzorcev zavrženih, s čimer se bodo izgubili podatki, omejilo

se bo število ponovnih ulovov in zmanjšale možnosti za uspeh študije, hkrati pa bo zanesljiva prepoznavnost osebkov še vedno ostala problematična. Prav tako nekateri vzorci ne bodo dosegli meril zanesljivosti genotipa z nobenim smiselnim številom ponovitev, lahko pa zagotovijo zanesljivo ujemanje genotipov z drugim, zanesljivo genotipiziranim vzorcem. Druga težava, ki je v literaturi še nismo zasledili omenjene, vendar postane zelo realna, ko je v študijo vključeno veliko število živali, je težava večkratnega testiranja. Za določitev števila lokusov, potrebnih za pridobitev zadostne ločljivosti za razlikovanje med živalmi, se običajno upošteva ocenjena verjetnost enakega genotipa (Waits in sod., 2001), vendar takšna PID ali PIDsib velja le za eno primerjavo. V študiji je $N(N-1)/2$ primerjav (kjer je N število osebkov, vključenih v študijo), zato je treba za popravek vrednosti PID in PIDsib za študijo uporabiti ustrezen popravek večkratnega testiranja. Ko je N veliko, postane ločljivost skromnega nabora lokusov zelo kmalu premajhna.

Uporabili smo drug pristop, in sicer analizo velikega števila lokusov in dopuščanje nekaterih neskladij, ki so podobna izpadu alela (»allelic dropout« - alel, ki se ne pomnoži, kar je najpogostejša napaka pri genotipizaciji v neinvazivnih vzorcih - glej Broquet in Petit, 2004). Za pregled porazdelitve neskladij smo uporabili velik nabor podatkov o rjavih medvedih iz iste populacije, genotipiziranih z vzorci tkiva, ki imajo zelo nizko stopnjo napak (Skrbinšek in sod., 2012a), in to porazdelitev neskladij uporabili za določitev pragov za dopustna neskladja v genotipih. Če opaženih neskladij ni bilo mogoče razložiti z izpadom alelov (npr. 3 ali 4 različni aleli na istem lokusu v obeh vzorcih), se je šlo, da vzorci pripadajo različnim živalim.

2.4.8 Modeliranje ulova - ponovnega ulova in ocena velikosti populacije

Za modeliranje ulova – ponovnega ulova je razvitih veliko metod pristopov in modelov, izbira pa je odvisna od ciljev študije in načina zbiranja podatkov. Pogosto se lahko za analizo istih podatkov uporabijo različni pristopi, vsak pa ima določene prednosti in slabosti. Tudi v našem primeru smo uporabili različne pristope in modele, potem pa primerjali skladnost dobljenih rezultatov ob kritičnem obravnavanju prednosti in slabosti vsakega pristopa. Uporabili smo pristop Capwire (Miller, Joyce in Waits, 2005) s paketom R Capwire (Pennell, Stansbury, Waits in Miller, 2013). Uporabili smo tudi pristop z generaliziranimi linearnimi modeli in informacijsko-teoretično izbiro modelov (Burnham in Anderson, 2002), kot je uporabljen v programu MARK (White & Burnham, 1999). Ob tem smo uporabili tudi nekaj »klasičnih« modelov, ki so zajeti v R paketu RCapture (Baillargeon in Rivest, 2007): Mh Darroch, Mh Poisson in Mh Chao (LB).

Modeli Capwire predvidevajo neprekinjeno vzorčenje, kar ustreza načinu zbiranja naših vzorcev. Dodatna prednost teh modelov je, da so precej robustni pri heterogenosti ulovljivosti. Pri programu Capwire smo za izbiro med modelom enakomerne ulovljivosti (ECM) in modelom dveh stopenj ulovljivosti (TIRM) uporabili test razmerja verjetnosti (»likelihood ratio test«). Zdi se, da je Capwire robusten pri precejšnji heterogenosti ulovljivosti in v majhnih populacijah (C. R. Miller, Joyce in Waits, 2005).

Kot verjetno najbolj robusten model smo uporabili model Mh Chao (Chao, 1987), ki naj bi bil robusten tudi pri heterogenosti ulovljivosti (»capture heterogeneity«), izpeljali pa smo ga s Capture modulom programa MARK. Model Mh Chao je robusten v širokem razponu pogojev. Čeprav pri nizki intenzivnosti vzorčenja ni dovolj natančen, se njegove ocene znatno izboljšajo, ko se poveča velikost vzorca. V majhnih populacijah druge metode delujejo bolje

(zlasti Capwire), z večanjem populacij pa postaja vedno boljši (Miller s sod., 2005). Uporabili smo tudi izvedenko modela Mh Chao (LB), ki oceni spodnjo mejo številčnosti populacije, podobno kot Capwire pa lahko uporabi podatke neprekinjenega vzorčenja. Podatke neprekinjenega vzorčenja lahko uporabijo tudi nekateri drugi »klasični« modeli (uporabil smo Mh Darroch in Mh Poisson), ki smo jih uporabili kot primerjavo, v paketu RCapture pa je tudi razvit sistem za informacijsko-teoretsko izbiro najboljšega med temi modeli z Akaikovim informacijskim kriterijem (AIC).

Pristop MARK zahteva diskretna vzorčenja (ko se zbirajo vzorci), ločena z obdobji brez zbiranja vzorcev, česar v naši študiji iz praktičnih razlogov nismo mogli neposredno izvajati. Za analizo naših podatkov smo kljub temu uporabili tudi MARK zaradi dobro razvitih postopkov izbire modela in prilagodljivosti, ki omogoča neposredno vključitev dodatnih informacij (npr. spola) v modele. Da bi zadostili zahtevi po diskretnih vzorčenjih, smo podatke, zbrane v določenem časovnem intervalu (vzorčni interval), obravnavali kot posamezno vzorčenje. Dodatna prednost tega je, da se z združevanjem podatkov v manjše število diskretnih vzorčnih intervalov vsi ulovi posamezne živali znotraj intervala združijo v en sam ulov, kar zmanjša heterogenost ulovljivosti in poveča zanesljivost analize. Po drugi strani pa združevanje v vzorčne intervale vedno pomeni izgubo podatkov (Petit in Valiere, 2006). Da bi našli idealne meje vsakega vzorčnega intervala, smo v programskem jeziku R (R Development Core Team, 2016) sprogramirali rekurzivno optimizacijsko rutino, ki je iterirala skozi vse možne kombinacije neenakomernih trajanj intervalov za določeno število intervalov in našla rešitev z najmanjšo izgubo podatkov in največjim številom ujetih živali v vsakem intervalu.

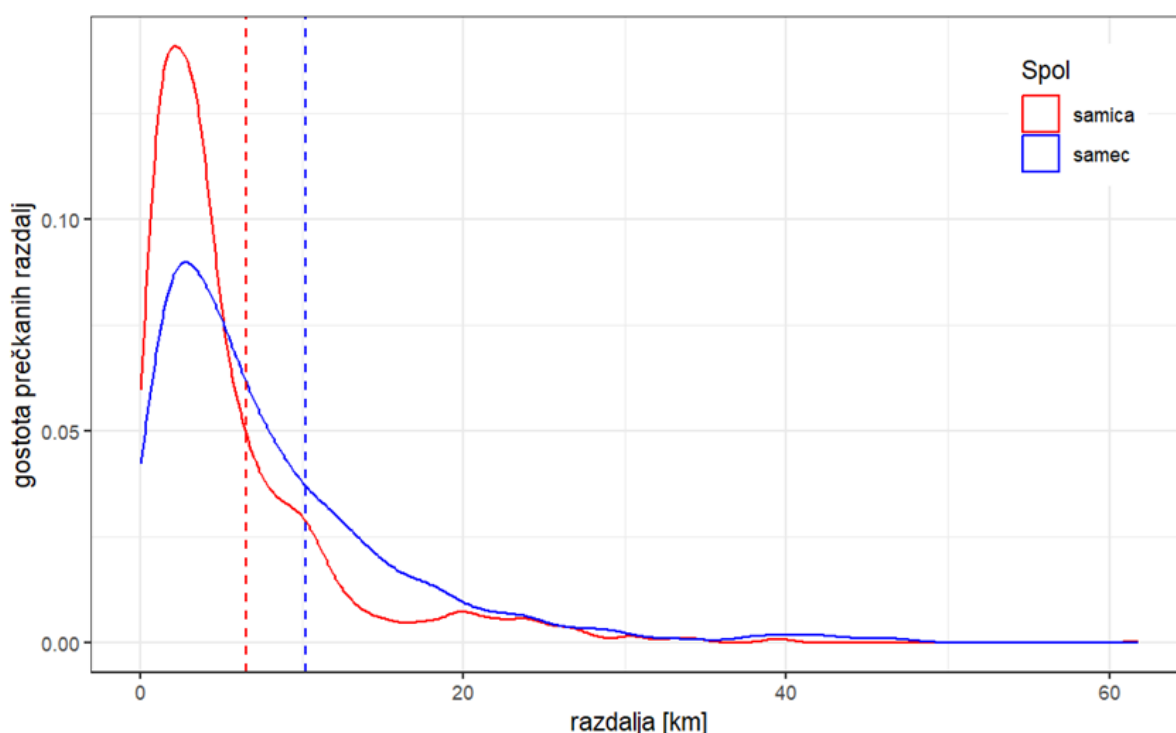
Modeli, ki smo jih uporabili, predvidevajo demografsko zaprto populacijo in so statistično močnejši od modelov za odprte populacije. Izbiro modelov za zaprte populacije podpirajo izkušnje iz prejšnjih vzorčenj in testi zaprtosti populacije, ki smo jih naredili v programih MARK in RCapture. Uporabo modelov za zaprte populacije podpirajo tudi dejstva, da je bilo vzorčenje izvedeno v kratkem času, smrtnost medvedov med vzorčenjem beležena in mrtvi medvedi zajeti med vzorce (kar smo lahko vključili v modele), poleg tega pa je celotna vzorčena populacija razmeroma dobro zaprta s treh strani, le del meje s Hrvaška lahko povzroča določeno kršenje predpostavke o zaprtosti.

2.4.9 Korekcija učinka roba

Populacija je demografsko popolnoma odprta med Hrvaško in Slovenijo, državna meja pa prečka življenjski prostor medveda, ne da bi predstavljala večje fizične ovire za njegovo gibanje. Ker se jedro območja prisotnosti medveda (visoke gostote medvedov) razteza tudi na območje preko državne meje, je treba upoštevati učinek roba. Z modeliranjem ulova – ponovnega ulova smo ocenili velikost za "superpopulacijo" (populacijo, ki je vključevala tudi čezmejne živali). Za korekcijo učinka roba in oceno velikosti populacije "v nekem trenutku" (število medvedov, ki naj bi bilo v določenem trenutku prisotno v naši državi) smo uporabili popravek, ki so ga predlagali Wilson in sod. (1985) in ki smo ga uporabili že pri prejšnjem monitoringu (Skrbinšek in sod., 2017). Ugotovljene parne razdalje med lokacijami vzorcev iste živali smo uporabili za izračun W , tj. širine obmejnega pasu, kjer bi živali imele nezanemarljivo verjetnost, da bodo vključene v vzorčenje. W se izračuna kot $\frac{1}{2}$ povprečne maksimalne zabeležene razdalje za vsako žival (MMDM – Mean Maximum Distance Moved). Ker je distribucija razdalj izrazito asimetrična, smo pred računanjem tega parametra odstranili 5 % ekstremnih vrednosti (kratkih in dolgih razdalj). Zaradi pričakovanih razlik v rabi habitata in

velikosti domačega okoliša je bil W izračunan ločeno za vsak spol. Za pridobitev trenutne ocene velikosti populacije smo kot korekcijski faktor za našo oceno superpopulacije uporabili A_s / A_t , pri čemer je A_s površina, ki se vzorči v naši državi vzhodno od avtoceste Ljubljana–Koper (od koder medvedi stalno prehajajo na Hrvaško), A_t pa skupna površina, vključno z robnim pasom na Hrvaškem.

Ocenjen MMDM je bil 6,53 km za samice in 10,24 km za samce. Širina obmejnega pasu za korekcijo roba (W) je bila tako 3,27 km za samice in 5,12 km za samce (slika 14). Pri korekciji smo upoštevali zgolj populacijo vzhodno od AC Ljubljana–Koper, ki ima dejansko možnost prehajanja preko državne meje s Hrvaško. Korekcija je 44 (41–47) samic in 37 (35–40) samcev, skupaj torej 81 osebkov. Po korekciji nam ocenjena številčnost pove število medvedov, ki bi jih lahko v nekem trenutku pričakovali v Sloveniji, čeprav imajo nekateri med njimi čezmejne domače okoliše in niso vedno prisotni pri nas.



Slika 14: Graf parnih razdalj med lokacijami istih osebkov, ločeno za samce in samice. Črtkane črte označujejo povprečje maksimalnih zabeleženih razdalj za vsako žival (MMDM), ki se uporablja za izračun korekcije populacije.

2.4.10 Ocena genetske pestrosti in efektivne velikosti populacije

Efektivno velikost populacije smo ocenjevali z metodo vezavnega neravnovesja (angl. "linkage disequilibrium") (Waples, 2006, Waples in Do., 2010). Uporabili smo genotipe vseh zaznanih živali v vzorčenju 2023, prav tako pa smo zaradi spremljanja dinamike tega parametra naredili izračune tudi za prejšnja dva genetska monitoringa (2007, 2015). V vzorčenju 2007 je bil sicer uporabljen drugi nabor mikrosatelitov (Skrbinšek in sod. 2019a), kar pa ne bi smelo imeti pomembnejšega vpliva na izračune. Ker pri neinvazivnih vzorcih ne poznamo starosti osebkov, metode niso popolnoma identične kot metode, ki so bile pri izračunih tega parametra uporabljene v nekaterih prejšnjih študijah (Skrbinšek in sod., 2017; Skrbinešek in sod., 2023).

Osnovne populacijsko – genetske parametre (heterozigotnost, alelsko pestrost, odstopanje od Hardy-Weinbergovega ravnovesja) smo ocenili na ravni vseh vzorcev iz Slovenije in

Hrvaške. Tako smo vzorcem, analiziranim v tej študiji, dodali tudi vzorce zbrane v prejšnjih študijah. Za analize smo uporabili programsko okolje R (R Core Team, 2024) in paket adegenet (Jombart, 2008).

2.5 Določanje starosti rjavih medvedov, odvzetih iz narave v letih 2020-2022, s pomočjo brušenja zob

Določanje starosti rjavih medvedov s pomočjo brušenja zob ima v Sloveniji že dolgo tradicijo, ki sega že v začetek 90-ih let prejšnjega stoletja. V okviru izvajanja javne službe s področja ohranjanja narave ZGS poleg tkivnih vzorcev, vsakemu evidentiranemu mrtvemu medvedu odvzame tudi zob za namene določanja točne starosti (običajno prvi predmeljak). Točno starost osebkov se določa na podlagi štetja dentinskih cementnih slojev, pri čemer je treba najprej korenine zob razrezati na rezine in jih kontrastno pobarvati. To storitev je v preteklih študijah opravljala laboratorij iz Združenih držav Amerike Matson's Laboratory. Zaradi popolne primerljivosti z rezultati preteklih let smo tudi za potrebe te projektne naloge izbrali omenjeni laboratorij. Pred pošiljanjem smo zobe temeljito očistili in odstranili mehka obzobna tkiva in pri pripravi pošiljke upoštevali navodila izvajalca storitve. Za izvoz zob v ZDA je Ministrstvo za naravne vire in prostor izdalo izvozno dovoljenje na podlagi Uredbe Sveta (ES) št. 338/97. Vsi poslani zobje so prek unikatne številke povezani s podatkovno bazo o odvzemu rjavega medveda. V laboratorij smo poslali 441 zob rjavih medvedov, zbranih med leti 2020 in 2022. Preostanek od 458 zbranih zob se je med čiščenjem zob izkazal kot neustrezen za nadaljnje analize (zlomljeni ali preveč odkrušeni). Laboratorij nam je rezultate vrnil decembra 2023.

Dobljene rezultate smo povezali z bazo odvzema in jih pregledali za prisotnost morebitnih grobih napak. Primerjali smo okularne ocene starosti odvzetih medvedov upravljavcev lovišč z referenčnimi ocenami, ki temeljijo na štetju dentinskih/cementnih plasti, in s tem ocenili zanesljivost okularne metode ocenjevanja starosti. Nato smo izvedli analizo manjkajočih vrednosti (angl. "missing value analysis") starosti za tiste medvede, za katere so manjkali vzorci zob in jih zato nismo poslali na brušenje oziroma so bili vzorci zob preslabe kakovosti, da bi lahko v laboratoriju starost določili na podlagi preštevanja dentinskih plasti. Starost smo modelirali na podlagi rastnih funkcij treh telesnih mer v odvisnosti od starosti; standardizirana neto masa, telesna dolžina in obseg vratu glede na spol. Masa je bila standardizirana na podlagi starostnih kategorij (enoletniki, dvoletniki, triletniki, štiriletniki in medvedi stari 5+ let) in glede na spol. Za vsako telesno mero so bile izvedene tri rastne funkcije: Von Bertalanffy, Gompertz in logistična funkcija. Model, ki najbolje pojasnjuje podatke, je bil izbran na podlagi AIC kriterija in navzkrižno validiran z »bootstrap« metodo, pri kateri smo dve tretjini podatkov vzorca uporabili za napovedovanje, tretjino vzorca pa za testiranje pojasnjevalne moči modela. V primeru, da za posameznega medveda nismo imeli podatka o masi, telesni dolžini in obsegu vratu, smo za določitev starosti dotičnega medveda uporabili modelne vrednosti iz preteklih let (Jerina in Adamič, 2008; Jerina in Krofel, 2012; Jerina, 2021; Jerina in Ordiz, 2021). Pri medvedih, odvzetih v prvem življenjskem letu, smo kot korektno upoštevali okularno oceno starosti, saj je pri teh medvedih na podlagi izračuna zobovja mogoče zelo natančno določiti starost osebkov. Ob tem smo za potrjevanje pravilnosti vnesene starosti osebkov (0+) ročno pregledali tudi ostale biometrične podatke za vse medvede, odvzete v tem življenjskem letu. V kolikor za posameznega medveda, odvzetega v obdobju po letu 2019, nismo imeli na voljo podatkov o starosti iz laboratorija Matson's Laboratory in so prav tako v podatkovni bazi manjkali biometrični podatki, ki bi omogočali modeliranje starosti, smo za določanje starosti tega medveda kot končno vrednost upoštevali okularno oceno starosti.

Bazo odvzema rjavih medvedov, dopolnjeno s podatki, prejetimi iz ZDA, o starostih medvedov in modelnimi napovedmi za manjkajoče vrednosti je ZGS posredoval dr. Klemnu Jerini za namene izvedbe rekonstrukcije spomladanske številčnosti rjavega medveda (glej poglavje 2.6).

2.6 Rekonstrukcija spomladanske številčnosti rjavega medveda

Poznavanje populacijske dinamike oz. spreminjanja številčnosti populacije v času je eden ključnih parametrov pri upravljanju in raziskavah prostoživečih živalskih vrst. Ažuren podatek o številčnosti je še zlasti dragocen pri ohranitvenem upravljanju populacij zavarovanih vrst, ki so v močni interakciji s človekom, kot je to primer rjavega medveda v Sloveniji. Dr. Klemen Jerina je zato v okviru izvedbe projektne naloge izvedel rekonstrukcijo spomladanske številčnosti rjavega medveda za leto 2024, pri čemer je uporabil vse razpoložljive podatke (evidentirana smrtnost, starosti iz narave odvzetih medvedov, podatki s štetij na stalnih števnih mestih, podatki o evidentirani smrtnosti medveda na Hrvaškem itd.).

Z namenom oceniti dinamiko številčnosti rjavega medveda v Sloveniji je bilo: (i) preizkušenih in uporabljenih več metod, ki temeljijo na različnih predpostavkah (npr. demografsko zaprta/odprta populacija; delež samic in rodnost se spreminjata/sta konstantni) in vhodnih podatkih, npr. podatkih monitoringa smrtnosti medveda, podatkih monitoringa medveda na stalnih števnih mestih in rezultatih cenзов medveda z neinvazivno genetiko, (ii.) opredeljene so bile ključne predpostavke uporabljenih metod in njihova stvarnost, (iii.) določeni so bili vplivi kršenja predpostavk na rezultate, (iv.) na osnovi vseh informacij je bila pripravljena najbolj zanesljiva končna ocena številčnosti z intervali zaupanja ter (v.) izdelani so bili tudi scenariji odvzema rjavega medveda v letu 2024 za različne številčnosti populacije (za vrednosti znotraj intervalne ocene številčnosti).

Rekonstrukcija spomladanske številčnosti rjavega medveda na podlagi modeliranja je bila izvedena tudi za leto 2025 (ni del te projektne naloge), pri čemer je bila za kalibracijo modelov uporabljena ocena številčnosti 2023, pridobljena na podlagi genetskih metod.

2.7 Podatki in vzorci, ki jih ZGS zbira v okviru javne službe s področja ohranjanja narave

V okviru javne službe ohranjanja narave ZGS opravlja različne naloge, pri čemer zbira tudi podatke o velikih zvereh. Glede rjavega medveda ZGS sistematično zbira naslednje podatke in vzorce:

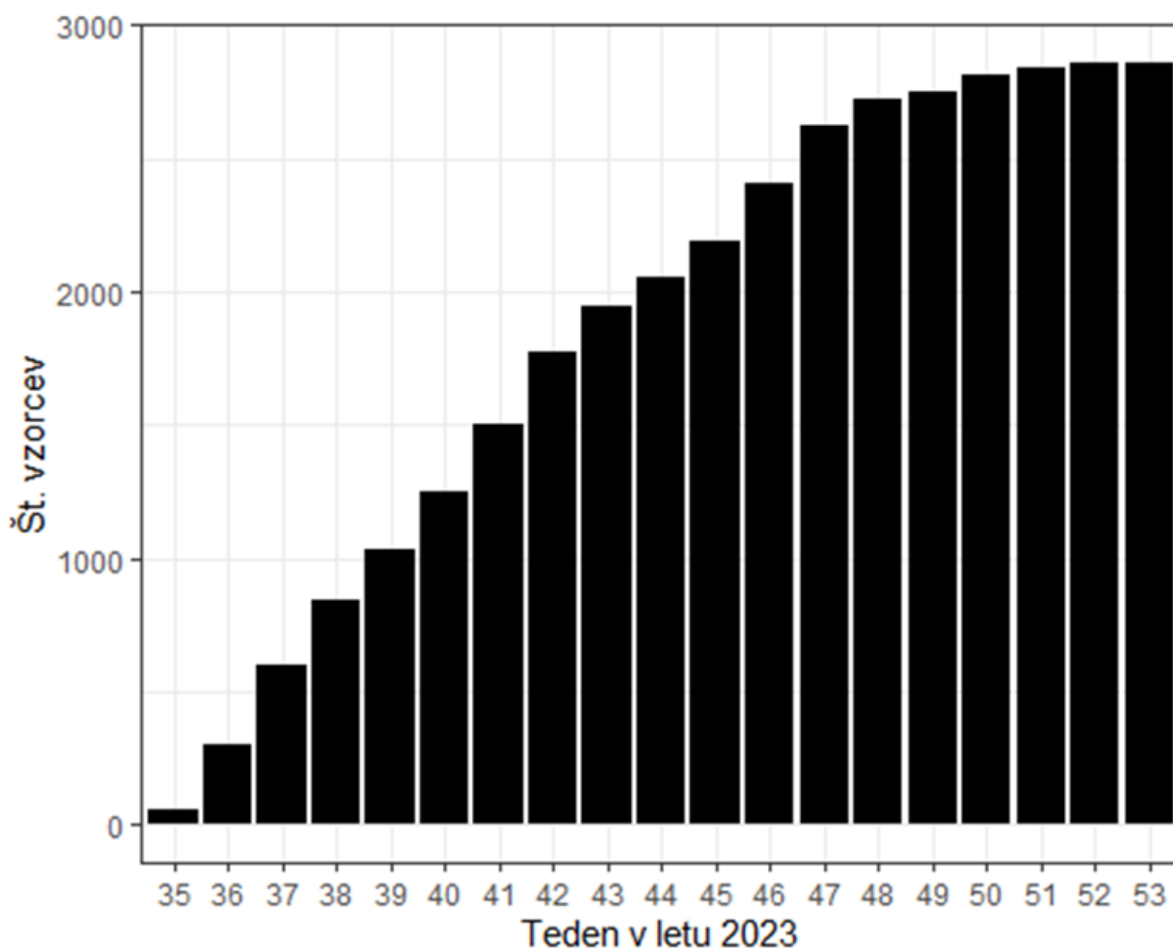
- zaznana smrtnost rjavega medveda (biometrični podatki, podatki o načinu, kraju in času odvzema osebka iz narave ter morebitne zaznane bolezni/poškodbe osebka);
- tkivni vzorci mrtvih osebkov;
- zob (predmeljak) mrtvih osebkov za ugotavljanje točne starosti;
- škodni dogodki, ki jih povzroči rjavi medved (vrsta poškodovanega premoženja, znaki plenjenja, varovanje premoženja, ocenjena višina škode, čas in kraj nastanka);
- štetje medvedov na mreži stalnih števnih mest (dvakrat letno; v sodelovanju z LZS in OZUL-i);
- znaki prisotnosti rjavega medveda, ki jih upravljavci lovišč opazijo v lovišču/revirju (dvakrat letno; v sodelovanju z LZS in OZUL-i).

Našteti podatki in vzorci so bili uporabljeni oziroma vključeni v ostale metode, uporabljene pri izvedbi pričujoče projektne naloge. Vse razpoložljive podatke smo uporabili tudi za opredelitev prostorske razširjenosti rjavega medveda v Sloveniji (glej poglavje 3.6).

3 REZULTATI

3.1 Genetsko vzorčenje

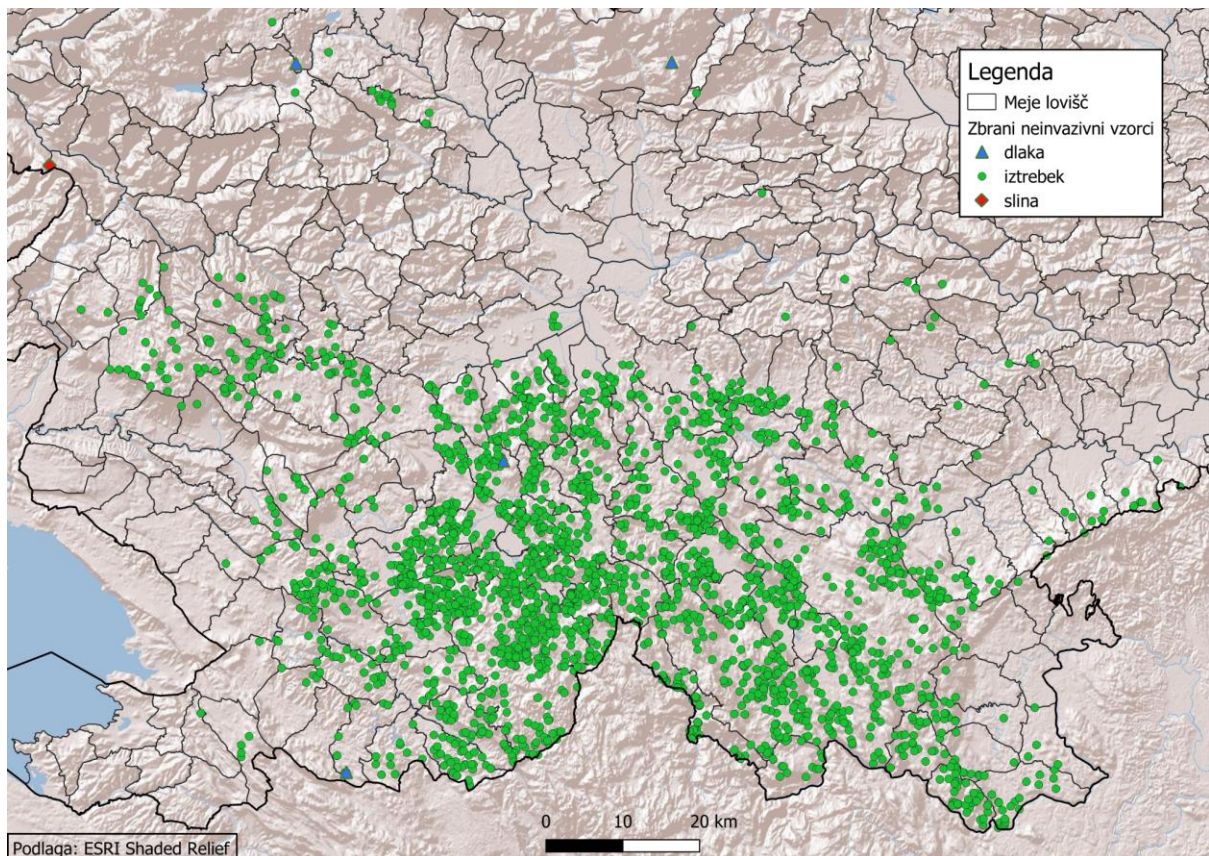
Zbiranje neinvazivnih genetskih vzorcev je potekalo od 1. 9. 2023 do 31. 12. 2023. Zbrani vzorci so še nekaj časa po zaključku vzorčenja po pošti prihajali na ZGS. Vse vzorce, ki so imeli pravilno izpolnjene podatke o času in lokaciji zbranega vzorca in so na Centralno enoto ZGS prispeli do 15. 1. 2024, smo vnesli v spletni portal MBase (<https://portal.mbase.org/>). S končnim pregledom zbranih vzorcev smo začeli v drugi polovici januarja 2024, vse vzorčevalce pa smo v začetku januarja preko elektronske pošte pozvali, da naj nam pošljejo morebitne vzorce, ki jih še imajo pri sebi. Skupno smo z izvedbo sistematičnega in priložnostnega neinvazivnega vzorčenja zbrali 2863 vzorcev. Od teh je največ iztrebkov ($n = 2856$), prejeli pa smo tudi 5 vzorcev dlake in 2 vzorca slin. 2634 vzorcev smo zbrali na območju stalne prisotnosti medveda v JV Sloveniji, preostale vzorce pa na območju širitve medveda v Alpe in območjih občasne prisotnosti medveda. Vzorce je zbralo in nam posredovalo 964 oseb iz različnih institucij, med katerimi so bili lovci iz kar 113 lovskih družin.



Slika 15: Kumulativna vsota zbranih neinvazivnih genetskih vzorcev glede na teden v letu (teden 35 = 28. 8. - 3. 9. 2023; teden 52 = 25. 12. - 31. 12. 2023).

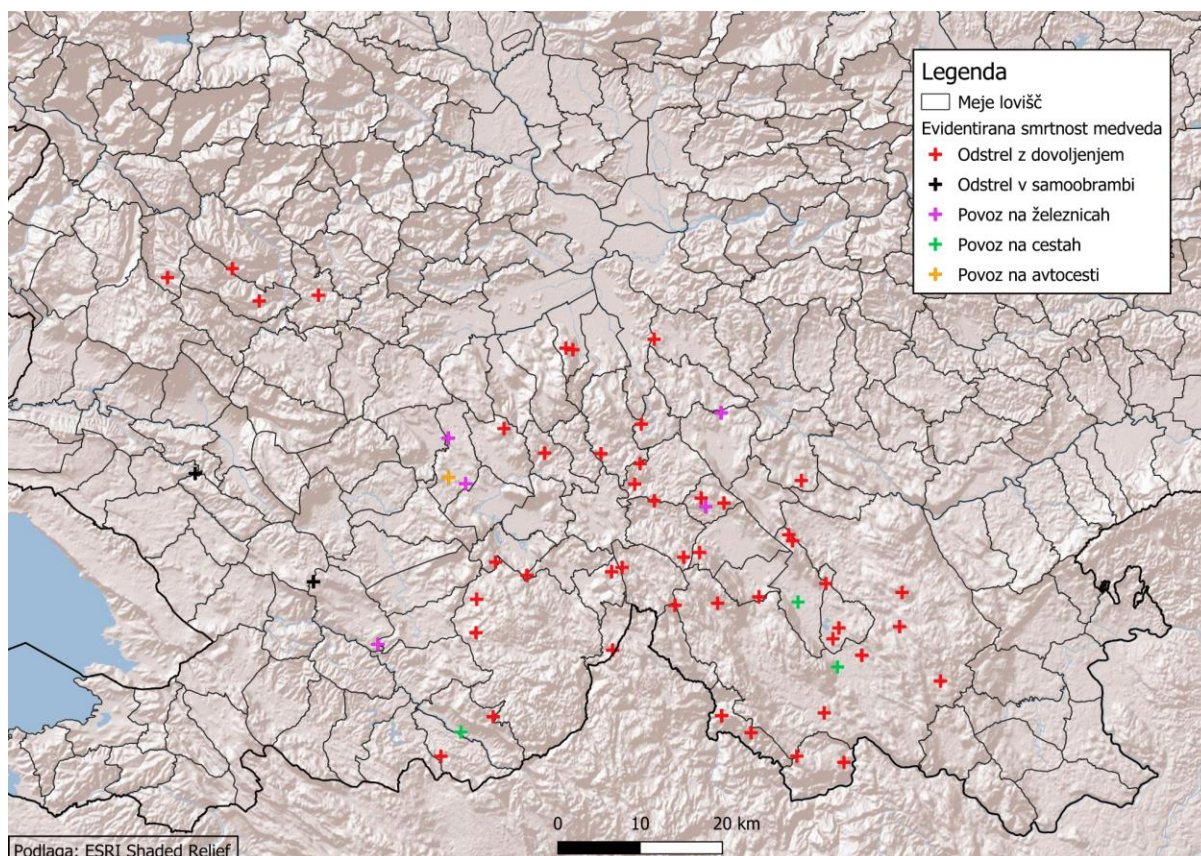
V tokratnem vzorčenju je velik izziv predstavljalo leto z izrazito slabim obrodом gozdnega drevja, predvsem bukve. Posledično smo pričakovali nekoliko drugačno prostorsko razporeditev medvedov in težave pri iskanju iztrebkov. Akcija zbiranja vzorcev je bila kljub naštetim pomislekom uspešna, na nekaterih območjih celo nad pričakovanji, saj smo začetni

cilj 2500 zbranih vzorcev presegli za 363 vzorcev. Prostorska razporeditev vzorcev je bila dobra in je po pričakovanjih pokrivala večino predvidenega območja vzorčenja (slika 16). Tudi časovna razporeditev vzorcev je bila dobra, večina vzorcev je bila zbranih do začetka decembra (slika 15). Kljub temu so se v prostoru pojavile posamezne manjše vrzeli, kjer je kljub primernemu življenjskemu prostoru za rjavega medveda število zbranih vzorcev nižje od pričakovanega. Med njimi lahko izpostavimo območje Nanosa in Hrušice, Južna pobočja Snežniške planote ter Kočevski Rog. Od sredine oktobra 2023 naprej je bilo v ta območja vloženega veliko dodatnega napora za iskanje vzorcev tako preko iskanja vzorcev s strani ožje projektne skupine kot tudi preko pogovorov z odgovornimi osebami lovskih družin. Na območjih kjer smo tekom vzorčenja zaznali vrzeli, nam je pri zbiranju vzorcev pomagalo tudi Društvo Dinaricum.



Slika 16: Lokacije vseh zbranih neinvazivnih genetskih vzorcev.

V obdobju izvajanja neinvazivnega genetskega vzorčenja smo zbirali tudi genetske vzorce vseh evidentiranih mrtvih medvedov (v okviru opravljanja javne službe ohranjanja narave). Med 1. 9. 2023 in 31. 12. 2023 je bila tako evidentirana smrtnost 62 medvedov, katerih tkivne vzorce smo pridobili in jih uporabili v nadaljnjih analizah (slika 17).



Slika 17: Evidentirana smrtnost rjavega medveda v Sloveniji v obdobju genetskega vzorčenja (1. september do 31. december 2023; evidentiranje smrtnosti in odvzem vzorcev nista del te projektne naloge).

Ker smo skupaj zbrali več tkivnih in neinvazivnih vzorcev, kot smo imeli na razpolago sredstev za analizo, smo bili primorani izvesti selekcijo neinvazivnih vzorcev (preglednica 3). Izbor vzorcev za genotipizacijo smo izvedli na način, da smo, kar se da, zmanjšali izgubo informacij in optimizirali uspešnost laboratorijskih analiz. Celotna metodologija izbora je podrobneje opisana v poglavju 2.4.1.

Preglednica 3: Zbrani genetski vzorci ter število izločenih in analiziranih vzorcev.

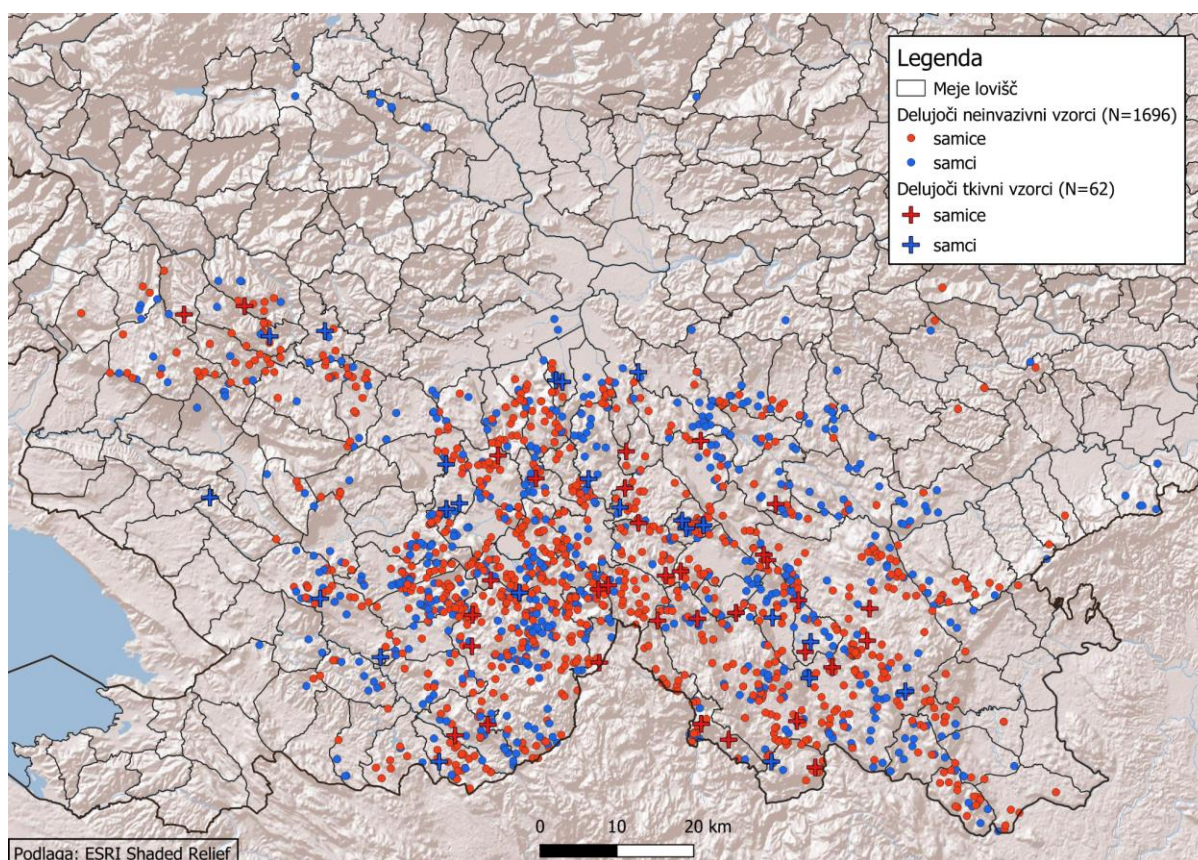
Kategorija	Št. neinvazivnih	Št. tkivnih	Skupaj
Zbrani vzorci	2863	62	2925
Poslani v analizo	2438	62	2500
Izločeni vzorci	425	0	425

3.2 Uspešnost genotipizacije

Uspešno je bilo genotipiziranih 1696 analiziranih neinvazivnih vzorcev, kar pomeni 69,6 % uspešnost genotipizacije. Uspešnost genotipizacije tkivnih vzorcev je bila 100 % (uspešno genotipiziranih vseh 62 vzorcev tkiva), tako da smo dobili 1758 vzorcev, uporabnih za nadaljnje analize. Rezultati genotipizacije so povzeti v preglednici 4. Vsi delujoči vzorci rjavega medveda, uporabljeni v nadaljnjih analizah, so prikazani na sliki 18.

Preglednica 4: Uspešnost genotipizacije vzorcev, število in spol zaznanih živali.

Neinvazivni genetski vzorci	Število (delež)
Skupaj uspešno genotipiziranih	1696 (69,6 %)
od tega različnih zaznanih živali	656
od tega samcev	261 (39,8 %)
od tega samic	395 (60,2 %)
Skupno število ponovno ujetih živali	449 (68,4 %)
Tkivni vzorci mrtvih živali	Število (delež)
Skupaj uspešno genotipiziranih	62 (100 %)
od tega samcev	26 (41,9 %)
od tega samic	36 (58,1 %)



Slika 18: Vsi uspešno genotipizirani vzorci rjavega medveda po spolu. Vzorci mrtvih medvedov so prikazani s križci.

3.3 Rezultati genetskih analiz

3.3.1 Ocena številčnosti superpopulacije z modeliranjem ulova in ponovnega ulova

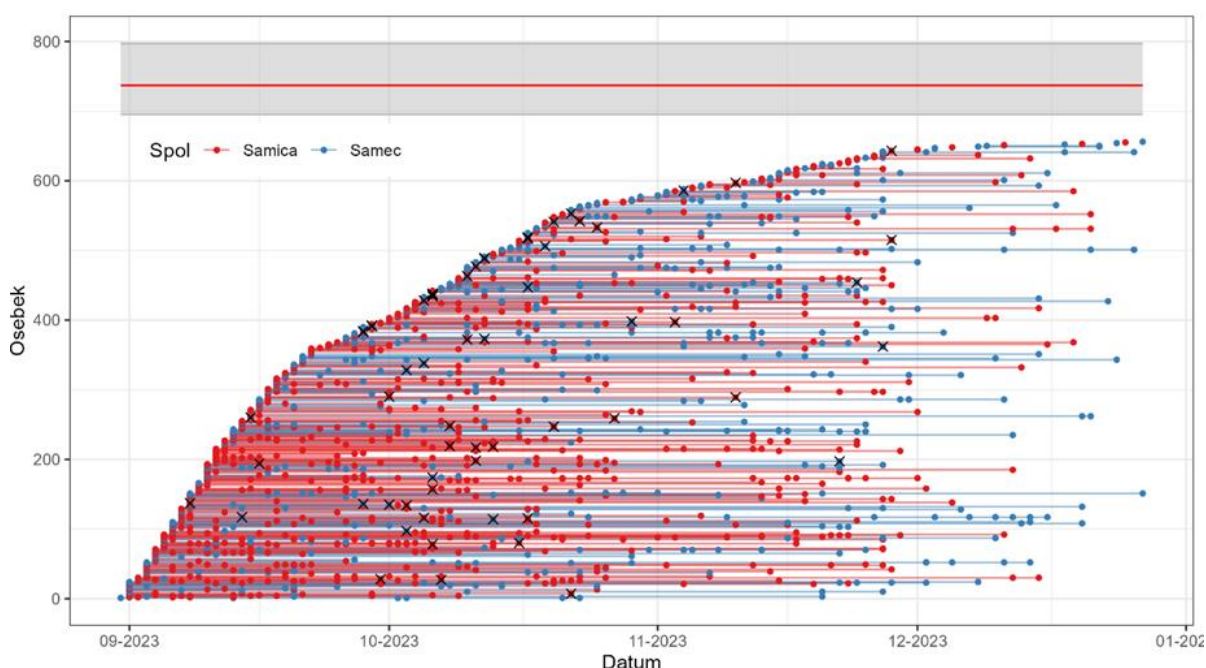
Za oceno velikosti populacije smo uporabili metode ulova – ponovnega ulova (metodologija modeliranja ulova - ponovnega ulova in ocene velikosti populacije je podrobneje opisana v poglavju 2.4.8.). Gre za klasične ekološke metode, kjer se zaznavanje označenih živali skozi čas uporablja za oceno številčnosti (oziroma tudi drugih demografskih, pa tudi vedenjskih parametrov – odvisno od zasnove študije). Metode ulova–ponovnega ulova temeljijo na preprosti, a elegantni logiki: najprej v populaciji ujamemo določeno število osebkov, jih označimo (npr. z obročki, čipi, barvami), in nato izpustimo nazaj v okolje, kjer se ponovno vključijo v svoje običajno življenje. Po določenem času izvedemo nov ulov in pogledamo, koliko od ujetih je že označenih iz prvega ulova (ponovni ulov). Razmerje med označenimi in neoznačenimi nam pove, kakšen delež celotne populacije smo zajeli, iz tega pa lahko z ustreznimi statističnimi metodami (modeli) ocenimo skupno številčnost populacije. Kot bi v posodo s fižolom stresli pest obarvanih zrn in nato z mešanjem in ponovnim zajemom skušali oceniti, koliko fižola je v posodi – le da so namesto fižola v resničnem svetu to medvedi, ptice, ribe ali katere druge prostoživeče živali. Na podlagi te preproste logike je razvitih veliko statističnih modelov, ki omogočajo precej fleksibilnosti pri zbiranju podatkov, pa tudi oceno različnih parametrov populacije. Ključno v primeru ocenjevanja številčnosti je, da metoda omogoča oceno tega parametra brez štetja prav vsakega osebk, kar je v naravnih populacijah v večini primerov nemogoče. V našem primeru za označevanje uporabljamo individualne DNA genotipe. Ko prvič najdemo vzorec posameznega medveda, lahko rečemo, da smo medveda »ujeli in označili«. Ko spet najdemo vzorec tega medveda, naj bo to iztrebek, dlaka, ali pa tkivo, če medved pogine, ga lahko ponovno individualno prepoznamo. Temu lahko rečemo tudi »ponovni ulov«, tako zbrani podatki pa so idealni za ocenjevanje populacijskih parametrov z metodami ulova – ponovnega ulova.

Na ravni celotne študije smo pričakovali določeno heterogenost ulovljivosti (verjetnosti, da najdemo vzorec določenega medveda in ga tako »ujamemo«), saj je težko na tako velikem območju in s toliko sodelujočimi zagotoviti popolnoma homogeno ulovljivost. Takšne heterogenosti ulovljivosti ne moremo natančno opisati, zato smo pričakovali, da bomo morali uporabiti modele, ki so robustni na kršenje predpostavke homogene ulovljivosti. Prav tako je mogoče, da ulovljivost variira tekom vzorčenja (nihanje intenzivnosti vzorčenja), pa tudi da se ulovljivost razlikuje med spoloma. Za razliko od splošne heterogenosti ulovljivosti pa lahko heterogenost ulovljivosti, ki zaradi tega nastane, opišemo in korektno vključimo v statistične modele. Tako smo uporabili štiri različne pristope izdelave modelov, ki odražajo hipoteze glede ulovljivosti:

1. Vsi vzorci so bili obravnavani skupaj v istem modelu (hipoteza: ulovljivost je konstantna).
2. Vsak spol je bil modeliran z drugačnim modelom (hipoteza: stopnja ulovljivosti se med spoloma razlikuje).
3. Vzorčenje je bilo razdeljeno v časovna obdobja, ulovljivost je bila ocenjena ločeno za vsako obdobje (hipoteza: intenzivnost vzorčenja se je spreminjala).

4. Vzorčenje je bilo razdeljeno v časovna obdobja, različne ocene ulovljivosti za vsako obdobje in za vsak spol v tem obdobju (hipoteza: ulovljivost med spoloma se razlikuje, spreminjala pa se je tudi intenzivnost vzorčenja).

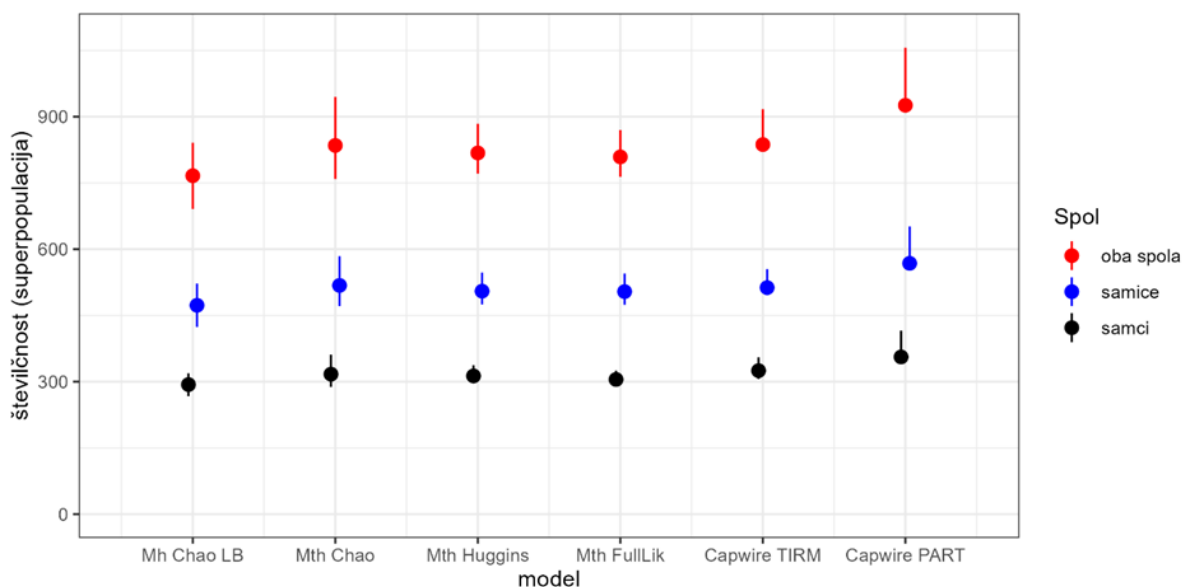
Za oceno številčnosti rjavega medveda na celotnem območju raziskave smo uporabili različne pristope k modeliranju in različne modele.



Slika 19: Saturacijski graf ulova - ponovnega ulova za celotno območje študije. Vzorca oziroma ujete živali so razvrščeni po datumu prvega ulova. Vsaka pika je vzorec, vsaka črta povezuje vzorce iste živali, čas pa teče od leve proti desni. Opazimo lahko saturacijo - v novih vzorcih se pojavlja vedno manj novih živali. Ocenjeno število živali, ki niso bile nikoli ujete, je razlika med ocenjeno skupno velikostjo populacije (rdeča črta in siv trak intervala zaupanja na vrhu) in vrhom grafa ponovnega ulova. Graf vključuje 62 zabeleženih smrtnosti med vzorčenjem (vzorci označeni s »X«).

Pri modelih z neprekinjenim vzorčenjem (Capwire, Mh Chao (LB), Mth Chao, Mh Darroch, Mh Poisson) obstajajo tehnične omejitve, ki ne omogočajo vključitve vseh hipotez v en sam nabor modelov in izbire najboljšega modela. To smo lahko naredili v programu MARK, vendar ti modeli temeljijo na diskretnih vzorčenjih in lahko pričakujemo, da podatke neprekinjenega vzorčenja kot jih imamo v tej študiji uporabljajo manj učinkovito (Petit in Valiere, 2006). Po drugi strani pa takšno združevanje vzorcev v diskretna vzorčenja zmanjšuje heterogenost ulovljivosti in posledično viša robustnost modelov.

Raziskali smo tudi modele, ki niso predpostavljali heterogenosti ulovljivosti (M0, Capwire ECM, Huggins s parametrizacijo homogene ulovljivosti), vendar so ti modeli imeli znatno manj podpore v podatkih in jih zato tukaj ne bomo prikazali.



Slika 20: Ocene minimalne letne številčnosti superpopulacije medvedov, dobljene z različnimi pristopi modeliranja ulova – označevanja – ponovnega ulova. Ocene so za »superpopulacijo« in vključujejo vse osebkke, ki prehajajo mejo s Hrvaško. Ocene so zelo podobne, intervali zaupanja pa se v veliki meri prekrivajo.

Z izbiro modelov po v programu MARK smo ugotovili največjo podporo pri modelih, ki so upoštevali hipotezo 4. Uporabili smo dva pristopa modeliranja ulova-ponovnega ulova, Hugginsov model in »Full likelihood« model za zaprte populacije. Za vsak pristop smo naredili zbirke modelov glede na hipoteze o ulovljivosti in z Akaikovim informacijskim kriterijem (AIC) primerjali podporo modelov v podatkih. V obeh pristopih je imel največjo podporo model, ki je dopuščal heterogenost ulovljivosti (kot mešanico dveh ulovljivosti) in ocenil ulovljivost glede na spol in časovno obdobje (hipoteza 4). Ostali modeli z zelo različnimi pristopi (Mh Chao LB, Mth Chao, Mh Darroch, Capwire TIRM in Capwire PART) so prav tako dali primerljive rezultate s prekrivajočimi se intervali zaupanja. Mh Chao LB model je podal najnižjo oceno, ampak ta model ocenjuje spodnjo mejo velikosti populacije (angl. »Lower Bound«; LB), tako da je rezultat pričakovan in skladen z rezultati drugih modelov.. Capwire PART model tipično daje (pre)visoke ocene in tudi v tem primeru je bila ocena dobljena s tem modelom najvišja (slika 20).

Medvede, ki smo jih sicer zaznali v neinvazivnih vzorcih, ampak so med vzorčenjem poginili, smo bodisi neposredno vključili v modeliranje kot smrtnost (v MARK modelih, ki to omogočajo) in naknadno odšteli njihovo število od končne ocene, ali pa izločili iz podatkov že pred modeliranjem, saj je njihova ulovljivost drugačna kot ulovljivost medvedov, ki so ostali živi. V obeh primerih dobimo oceno najnižje letne velikosti (super)populacije.

Na splošno dajejo različni pristopi k modeliranju in različni uporabljeni modeli zelo podobne rezultate (slika 20). Če ne upoštevamo modelov Mh Chao LB in Capwire PART zaradi specifičnih pričakovanih odstopanj, so rezultati različnih modelov skoraj identični, s praktično popolnim pokrivanjem intervalov zaupanja, kar kaže na njihovo statistično nepristranskost. Intervali zaupanja so zelo ozki, tako da je natančnost ocen visoka. Ker imajo modeli različne predpostavke in podatke uporabljajo na različne načine, nam to kaže na visoko robustnost in zanesljivost dobljenih končnih ocen. Za končno oceno smo uporabili model Mth Huggins z ločeno oceno ulovljivosti za vsak spol (Huggins Het.t.sex), končna ocena velikosti superpopulacije je 818 osebkov, s 95 % intervalom zaupanja od 771 do 884. Od tega 313 samcev (296 – 337) in 505 samic (475 – 547).

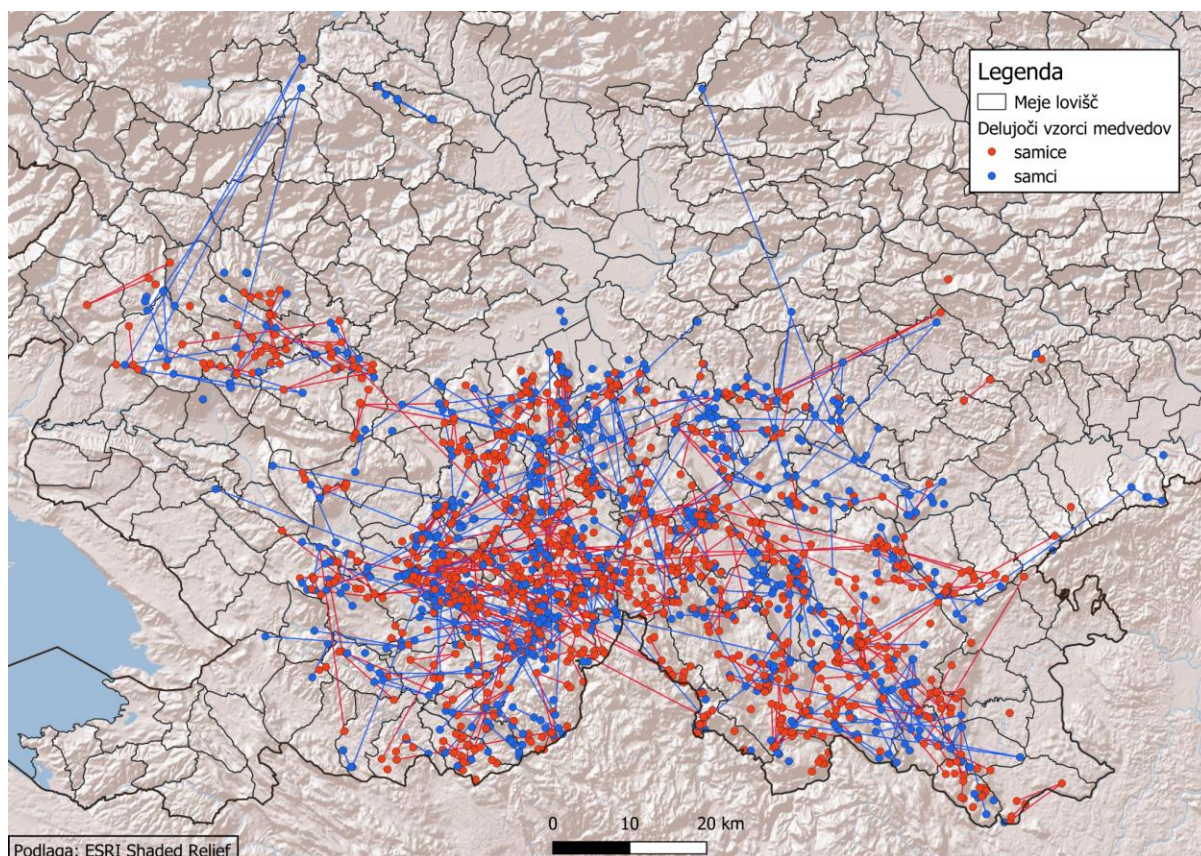
3.3.2 Korigirana ocena številčnosti za namene upravljanja vrste v Sloveniji

Za pridobitev korektne ocene številčnosti za namene upravljanja vrste v Sloveniji smo morali izvesti korekcijo učinka roba, saj zaradi prehodnosti meje s Hrvaško sicer dobimo oceno številčnosti za "superpopulacijo", kar pomeni, da ocena vključuje tudi živali, ki imajo nezanemarljiv delež svojega domačega območja zunaj območja vzorčenja - na Hrvaškem. S korekcijo učinka roba »čezmejne« medvede korektno obravnavamo. Korekcija učinka roba je sicer podrobneje opisana v poglavju 2.4.9, znaša pa 44 (41–47) samic in 37 (35–40) samcev, skupaj torej 81 osebkov, za kolikor smo zmanjšali oceno velikosti superpopulacije.

*Preglednica 5: Ocena številčnosti rjavega medveda v letu 2023 v Sloveniji. Superpopulacija je neposredno dobljena ocena, ki vključuje tudi vse medvede, ki prehajajo mejo s Hrvaško. Korekcija učinka roba izhaja iz ocene tega prehajanja (ki se med spoloma razlikuje), da dobimo kot končno oceno samo medvede, ki bi jih lahko v nekem trenutku pričakovali na ozemlju Slovenije (v nekem trenutku je del teh čezmejnih medvedov v Sloveniji in del na Hrvaškem). **Končna ocena** je tako **najmanjša letna številčnost** ob koncu leta 2023, po smrtnosti in tik pred pleganjem nove generacije mladičev.*

Parameter	Skupaj	Samice	Samci
Superpopulacija	818 (771–884)	505 (475–547)	313 (296–337)
Korekcija učinka roba	81 (76–87)	44 (41–47)	37 (35–40)
Najmanjša letna številčnost	737 (695–797)	461 (434–500)	276 (261–297)

Zavedati se je treba, da se število rjavih medvedov (tudi ob predpostavki stabilne populacije) znotraj leta precej spreminja, saj je smrtnost zaradi antropogenih dejavnikov na proučevanem območju velika. Na podlagi zbranih genetskih vzorcev smo z zgoraj opisanimi metodami modeliranja ter korekcijo za učinek roba ocenili **najmanjšo (jesensko) letno številčnost** rjavega medveda v Sloveniji v letu 2023. To je številčnost, ko se je smrtnost v populaciji v letu 2023 že zgodila in se nova kohorta mladičev (2024) še ni plegla – ti se poležejo pozimi. Najmanjša letna številčnost je bila ocenjena neposredno z modeliranjem ulova – označevanja – ponovnega ulova iz genetskih vzorcev. Da smo dobili končno vrednost, smo vso **smrtnost, zabeleženo med vzorčenjem, odšteli od ocene. Najmanjša (jesenska) letna številčnost tako znaša 737 oziroma 695–797 (95 % IZ)** osebkov (uporabljen model Huggins Het.t.sex). Ocena pomeni število medvedov **ob koncu leta 2023, po smrtnosti in pred naslednjo reprodukcijo.**



Slika 21: Prikaz gibanja medvedov v času genetskega vzorčenja. Vzorce istih osebkov v kronološkem zaporedju povezujejo črte.

3.3.3 Spolna struktura

Pri ocenjevanju spolne strukture smo uporabili dva pristopa: neposredno iz razmerja med spoloma ujetih živali in iz ocen ulova – ponovnega ulova za vsak spol (preglednica 6). Obe metodi dajeta podobne rezultate, razliko lahko razložimo tudi z različnim učinkom roba pri samcih in samicah zaradi različnega gibanja. Neposredna ocena uporablja empirične podatke, je preprosta in lahko razumljiva ter ne kaže na varianco verjetnosti ulova po spolu, zato smo jo uporabili kot končno oceno spolne strukture.

Preglednica 6: Razmerje med spoloma, modelne in neposredne ocene.

Tip ocene	Samice (delež)	Samci (delež)
Ocena iz modeliranja ulova – ponovnega ulova	62,6 %	37,4 %
Neposredna ocena iz zaznanih osebkov	60,2 %	39,8 %

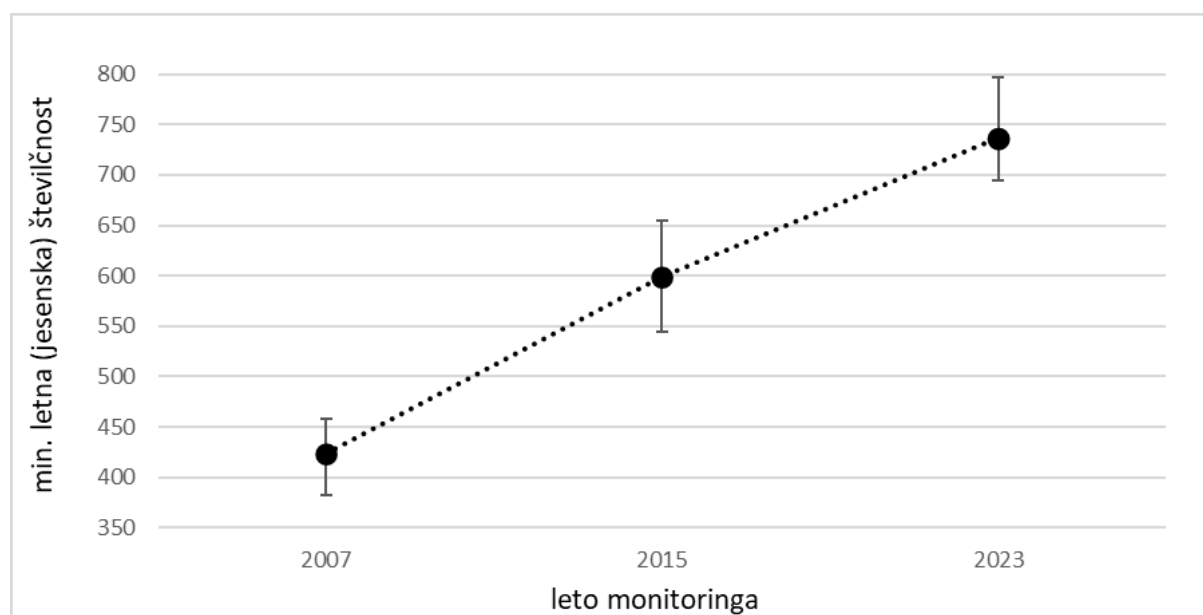
Med zaznanimi medvedi je precej več samic (~60 %) kot samcev (~40 %). Glede na poligamnost vrste in večjo umrljivost pri samcih je to pričakovan rezultat.

3.3.4 Populacijska dinamika

Ker je genetski monitoring medveda potekal tretjič in v rednih intervalih, lahko že učinkovito spremljamo dinamiko populacije. Ocene številčnosti in spolne strukture so predstavljene v preglednici 7 in na sliki 22.

Preglednica 7: Ocene številčnosti in spolne strukture medvedov v genetskih monitoringih. Najmanjša (jesenska) letna številčnost je neposredno ocenjena iz empiričnih podatkov in predstavlja številčnost po vseh izgubah v tekočem letu in pred naslednjo reprodukcijo. Spolna struktura je ocenjena neposredno iz zbranih vzorcev in velja za najmanjšo letno številčnost.

Leto monitoringa	Najmanjša letna številčnost (95 % IZ)	Spolna struktura samice / samci
2007	424 (383–458)	59,5 % / 40,5 %
2015	599 (545–655)	59,6 % / 40,4 %
2023	737 (695–797)	60,2 % / 39,8 %

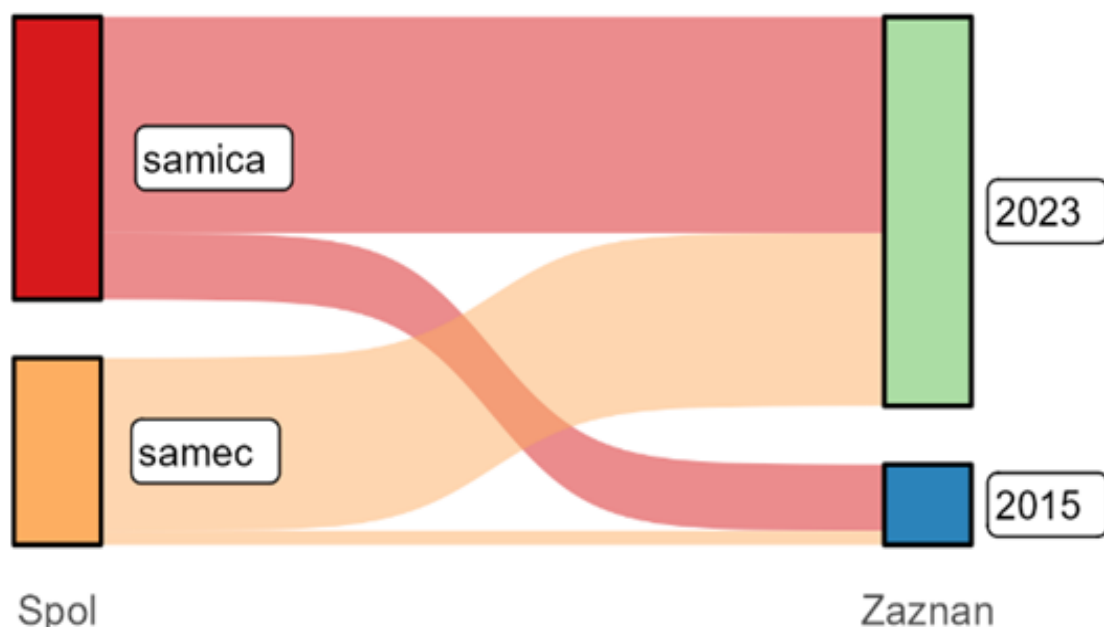


Slika 22: Gibanje ocen številčnosti rjavega medveda v Sloveniji, pridobljenih na podlagi genetskega monitoringa.

S slike 22 je razvidno, da populacija (odkar jo spremljamo z genetskimi metodami) narašča, rast pa je videti bolj ali manj linearna. Spolna struktura ostaja v veliki meri stabilna. Ob predpostavki, da populacija še ne dosega biološke nosilne zmogljivosti okolja, lahko sklepamo, da ima visok odvzem osebkov iz narave v zadnjih letih precejšen učinek in preprečuje eksponentno rast populacije. Na ta način lahko s strokovno načrtovanim odvzedom reguliramo velikost populacije pod biološko nosilno zmogljivostjo, ki je trenutno višja od družbene nosilne zmogljivosti – števila medvedov, ki so ga ljudje pripravljeni tolerirati.

3.3.5 Osebki, poznani iz prejšnjega vzorčenja

Ker so bile v prejšnjem genetskem monitoringu (vzorčenje 2015 v okviru projekta LIFE DINALP BEAR) standardizirane laboratorijske metode, ki smo jih uporabili tudi v tokratnem monitoringu, smo lahko med tokrat zaznanimi medvedi preverili prisotnost medvedov, zaznanih leta 2015. Iz monitoringa 2015 poznamo 93 (23,5 %) samic in le 19 (7,3 %) samcev. Tako velika razlika je zelo verjetno posledica višje antropogene smrtnosti samcev, saj se pri izvajanju odstrela zaradi etičnih razlogov vodečih samic ne strelja. Hitrost menjave osebkov (obrat populacije) ponazarja spodnji diagram (slika 23).



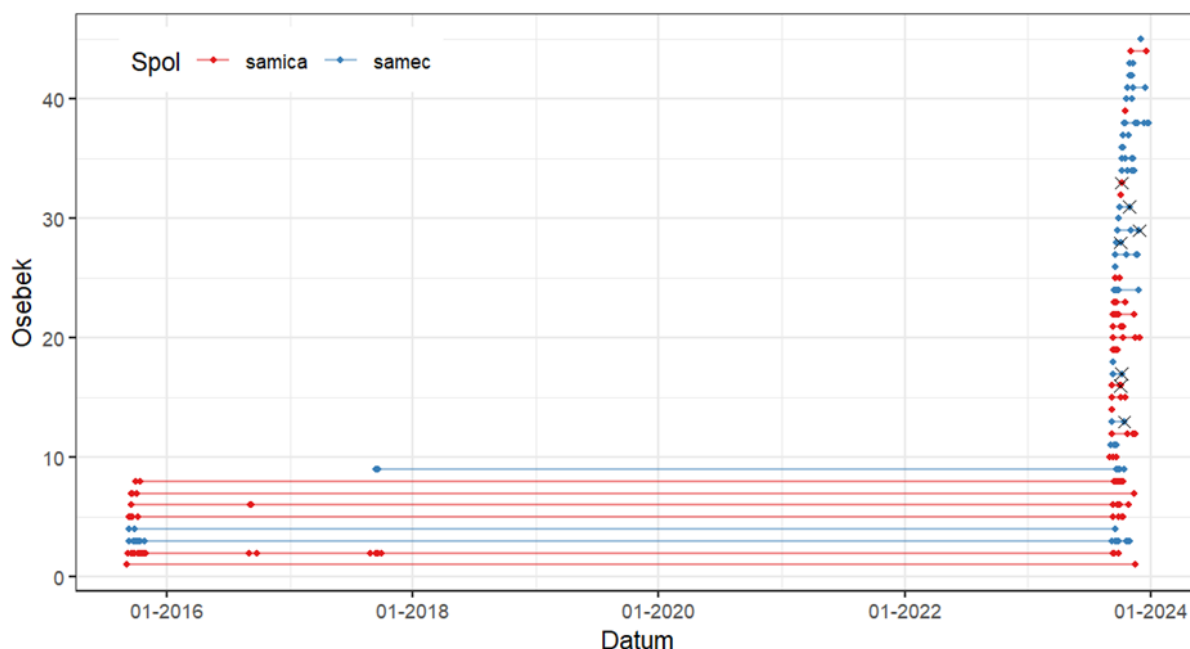
Slika 23: Sankeyev diagram osebkov obeh spolov, zaznanih v vzorčenjih 2023 in 2015. Iz monitoringa 2015 smo poznali 23,5 % samic in 7,3 % samcev.

Usode večine ostalih medvedov ne poznamo. Sicer se rutinsko (v okviru javne službe ohranjanja narave) odvzame genetski vzorec vsake zaznane smrtnosti medvedov (in vzorce hrani za morebitne prihodnje raziskave), vendar se teh vzorcev sistematično ne genotipizira, tako da smrtnosti posameznih zaznanih osebkov ne spremljamo.

3.3.6 Funkcionalna povezanost populacije

Medvedi v Sloveniji predstavljajo severozahodni rob velike dinarsko–pindske populacije. V smeri juga in jugovzhoda se populacija prostorsko nadaljuje na Hrvaško in je dobro povezana (neovirano prehajanje osebkov). Povezanost prostora znotraj Slovenije kažejo lokacije vzorcev posameznih medvedov (slika 21). Najpomembnejšo prostorsko prepreko populaciji rjavega medveda in drugim populacijam prostoživečih živali v slovenskem prostoru predstavlja avtocesta Ljubljana–Koper (primorska avtocesta). Gre za našo najstarejšo avtocesto, ki (še) nima zgrajenih ustreznih prehodov za prostoživeče živali. Omenjena avtocesta skupaj z železnico in regionalnimi cestami preseka najpomembnejši koridor za prehajanje živali med Dinaridi in Alpami.

Da avtocesta predstavlja pomembno oviro so v preteklosti pokazale različne raziskave, ki so temeljile na telemetričnem spremljanju živali in spremljanju prehajanja živali skozi ozke podvoze in nadvoze čez avtocesto. Določeno stopnjo izoliranosti medvedje populacije na severozahodni strani avtoceste so pokazale tudi pretekle genetske študije (npr. Skrbinšek in sod. 2007, Skrbinšek in sod. 2017, Skrbinšek in sod. 2019a,b), ki so ugotavljale, da ima del medvedje populacije severozahodno od avtoceste drugačno spolno strukturo in znatno nižje populacijske gostote. Zaradi naštetega smo tudi tokrat območju severozahodno od primorske avtoceste ločeno ocenili velikost populacije in spolno razmerje. Ker so ključne metode ostale identične, so rezultati primerljivi z rezultati prejšnjih študij.



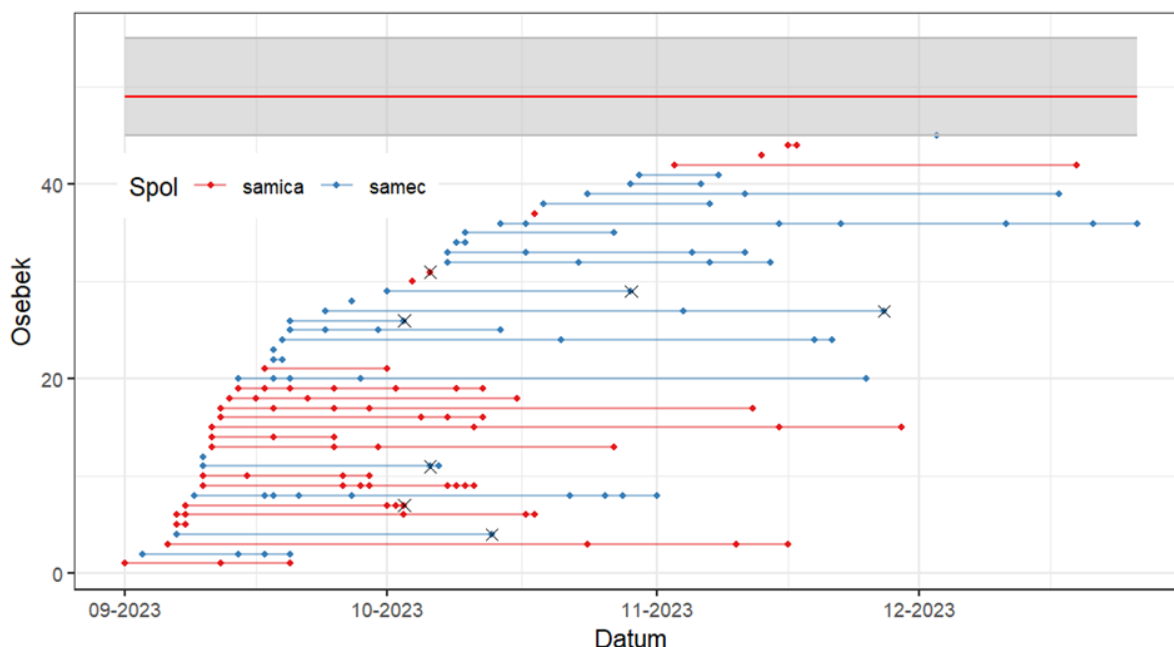
Slika 24: Osebk, zaznani severozahodno od AC Ljubljana–Koper v 2023 in v prejšnjih genetskig vzorčenjih. Vsaka vodoravna črta je osebek, vsaka pika vzorec.

Na območju severozahodno od avtoceste smo vsega skupaj zaznali 45 različnih osebkov, 21 (47 %) samic in 24 (53 %) samcev. Devet (20 %) od zaznanih osebkov (3 samce, 6 samic) smo poznali že iz vzorčenja v okviru projekta LIFE DINALP BEAR (slika 24). Osem od teh smo prvič zaznali v okviru drugega genetskega monitoringa jeseni 2015, enega samca pa poznamo od leta 2017. Skupaj smo v vzorčenju leta 2023 na tem območju dobili 157 delujočih medvedjih vzorcev, kar predstavlja visoko stopnjo ulovljivosti 3,49 vzorca/osebek (slika 25). Za sedem osebkov (2 samici in 5 samcev) smo tekom vzorčenja zabeležili smrtnost.

Skladno z zelo visoko ulovljivostjo so bile tudi ocene številčnosti z modeliranjem ulova - ponovnega ulova v tem območju natančne in praktično identične z vsemi modeli. Za končno oceno smo uporabili model Mh Poisson, ki je imel najnižji AIC. Ocena številčnosti, ločena za samce in samice, in intervali zaupanja so predstavljeni v preglednici 8.

Preglednica 8: Številčnost medvedov severozahodno od AC Ljubljana–Koper. Zadnji stolpec prikazuje število osebkov, ki smo jih v času vzorčenja zaznali na obeh straneh avtoceste.

Spol	Zaznanih osebkov	Ocena št. (95 % IZ)	Smrtnost med vzorčenjem	Najnižja št. (95 % IZ)	Osebkov prehajalo AC
Samice	21	22 (21–25)	2	20 (19–23)	3
Samci	24	26 (24–30)	5	21 (19–25)	6
Skupaj	45	49 (45–55)	7	42 (38–48)	9

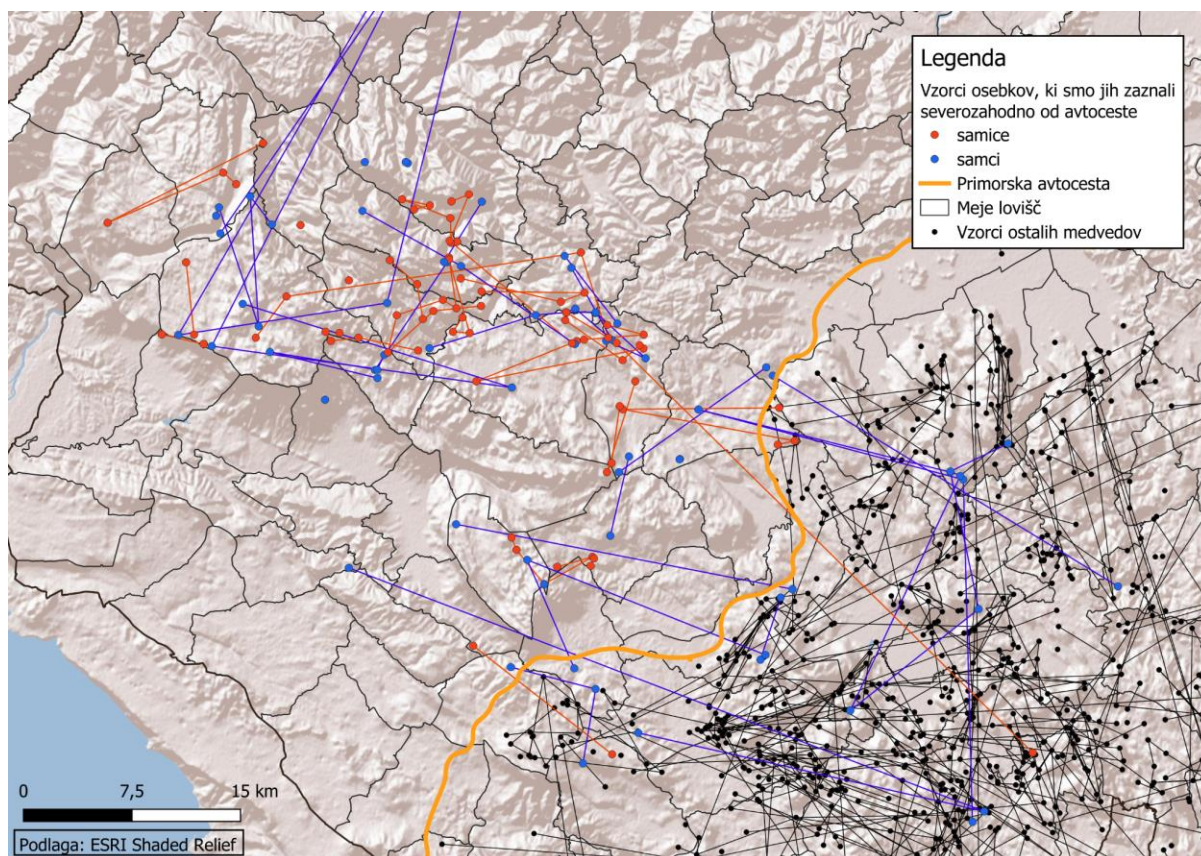


Slika 25: Osebeki, zaznani severozahodno od AC Ljubljana–Koper v vzorčenju 2023. Vsaka vodoravna črta je osebek, vsaka pika vzorec, s križci je označena smrtnost osebkov. Rdeča črta na vrhu je ocena številčnosti, siv trak kaže 95 % interval zaupanja te ocene.

Širitev populacije proti Alpam spremljamo že od prvega genetskega monitoringa leta 2007 (Skrbinšek in sod. 2007, Skrbinešek in sod. 2017, Skrbinešek in sod. 2019b). Tokratni rezultati dopolnjujejo sliko dinamike širitve (preglednica 9, slika 26).

Preglednica 9: Dinamika in spolna struktura populacije medveda na območju severozahodno od avtoceste Ljubljana–Koper.

	Leto genetskega vzorčenja		
	2007	2015	2023
Ocena številčnosti (95 % IZ)	21 (19–23)	48 (41–57)	49 (45–55)
Spolno razmerje samice / samci	30 % / 70 %	40 % / 60 %	47 % / 53 %
Zaznane samice	5	16	21
Zaznani samci	12	24	24
Skupaj zaznanih osebkov	17	40	45



Slika 26: Medvedi, ki smo jih zaznali severozahodno od avtoceste Ljubljana–Koper. Vzorce istih osebkov v kronološkem zaporedju povezujejo črte.

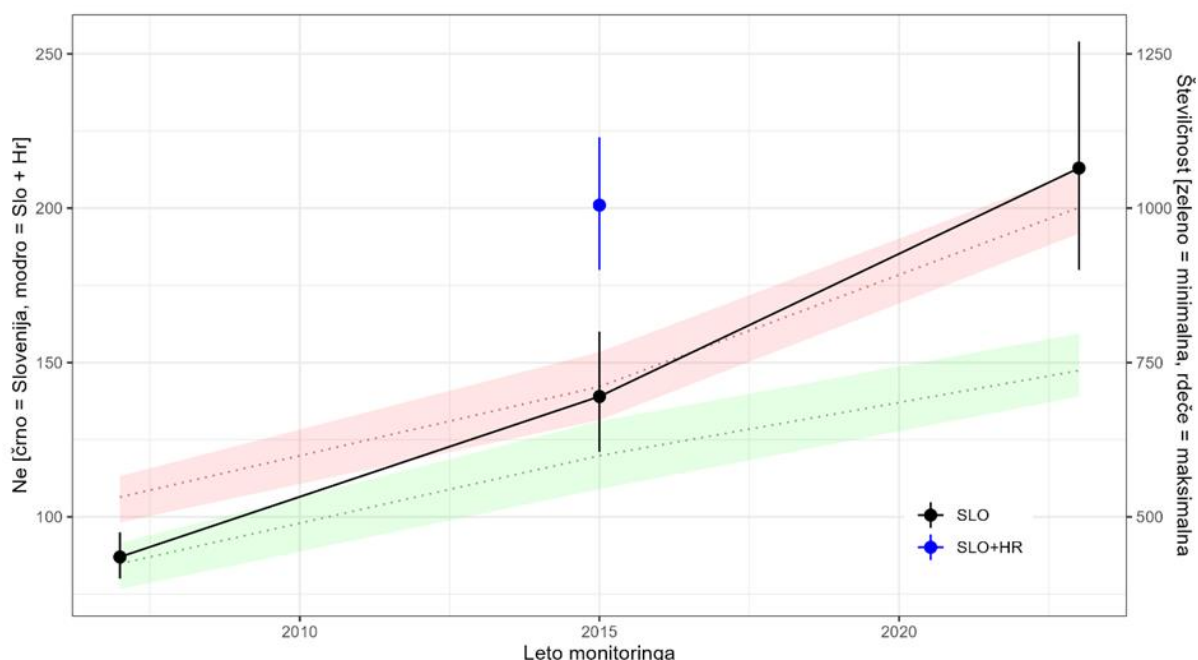
Dinamika rasti številčnosti se zdi počasnejša kot je bila med leti 2007 in 2015, čeprav je lahko to zaradi še vedno razmeroma majhnega števila osebkov na tem območju tudi posledica naključja. Medtem ko se od leta 2015 številčnost ni bistveno spreminjala, pa se spolno razmerje spreminja v korist samic in se približuje tistemu na drugi strani avtoceste. Za širitev populacije proti severozahodu je to dejansko pomembnejše kot sama številčnost. Skupaj z večanjem števila samic opažamo tudi nekoliko večje območje, ki ga le-te poseljujejo. Še vedno pa se zdi, da je prisotnost samic omejena zgolj na predalpski prostor, v Alpah samic še vedno ne zaznavamo.

3.3.7 Efektivna velikost populacije

Ocene efektivne velikosti populacije, izpeljane iz neinvazivnih genetskih vzorcev, zbranih med monitoringom, so podane v preglednici 10 in prikazane na sliki 27.

Preglednica 10: Ocene efektivne velikosti populacije (N_e) iz genotipov, zaznanih v neinvazivnih genetskih vzorčenjih monitoringov medveda v severozahodnih Dinaridih.

Leto	Območje vzorčenja	N_e (95 % IZ)
2007	Slovenija	87 (80–95)
2015	Slovenija	139 (121–160)
2015	Slovenija + Hrvaška	201 (180–223)
2023	Slovenija	213 (180–254)



Slika 27: Dinamika efektivne velikosti populacije, ocenjena v okviru neinvazivnih monitoringov medvedov v severozahodnih Dinaridih in dinamika številčnosti medvedov v Sloveniji. Leva y-os, točke/intervali: efektivna velikost populacije; desna x-os in trakovi: ocene številčnosti medvedov v Sloveniji. Rdeči trak: maksimalna letna številčnost, zeleni trak: minimalna letna številčnost.

Efektivna velikost populacije (N_e) je verjetno en od najpomembnejših parametrov za varstvo vrst, saj v enem parametru povzema eno od temeljnih evolucijskih sil, genetski zdrs (angl. »drift«) ter relativni učinek preostalih treh – mutacije, selekcije in migracije (Allendorf in Luikart 2009; Luikart in sod. 2010). Efektivna velikost populacije nam pove kako hitro populacija izgublja genetsko pestrost glede na idealizirano Wright-Fisherjevo populacijo, poenostavljeno pa lahko parameter razumemo kot število osebkov, ki se vključujejo v reprodukcijo. Efektivna velikost populacije je odvisna od več dejavnikov, med katerimi sta najpomembnejša število osebkov v populaciji in varianca v reproduktivni uspešnosti osebkov (število potomcev), v manjši meri pa tudi spolno razmerje. Na N_e prav tako vpliva dinamika številčnosti populacije – večja je, če populacija raste in manjša, če je populacija stabilna ali upada.

Dinamika efektivne velikosti populacije zelo dobro sovпада z dinamiko številčnosti (slika 27), čeprav je princip za izračun tega parametra popolnoma drugačen. Zlasti dobro je sovpadanje z maksimalno (spomladansko) številčnostjo, kar je glede na visoke odvzeme zadnjih let pričakovano. Ocena efektivne velikosti populacije ima namreč časovni zamik in zaznava predvsem dogajanje v generacijah staršev, od katerega je neposredno odvisna rodnost, ki jo odraža pomladanska številčnost. Povišani odvzemi v zadnjih letih višajo razkorak med pomladansko in jesensko številčnostjo, zato je pričakovano, da bo trajektorija jesenske številčnosti odstopala od trajektorije efektivne velikosti populacije. Upadanje velikosti reproduktivnega dela populacije, ki ga lahko povzročijo takšni višji odvzemi, se bo na oceni efektivne velikosti populacije odrazilo z nekajletnim zamikom.

Efektivna velikost populacije se kaže kot obetavno orodje, s katerim bi se dalo cenovno učinkovito spremljati dinamiko populacije medvedov v obdobjih med monitoringi. Čeprav sta pridobivanje podatkov in ocena tega parametra tehnično razmeroma enostavna in poceni, interpretacija ni preprosta. Če bi se nameravalo parameter rutinsko uporabljati za monitoring

populacije, bi bilo treba temeljito proučiti podatke iz prejšnjih let in premisliti principe vzorčenja in analize, da bi se pridobili čim bolj praktično uporabni rezultati.

3.3.8 Genetska pestrost

Parametri genetske pestrosti (opažena / pričakovana heterozigotnost, alelska pestrost) so indikator genetskega »zdravja« populacije in kažejo sposobnost populacije da se z evolucijskimi procesi prilagaja spremembam v okolju, kažejo pa tudi težave, do katerih prihaja zaradi parjenja med (bližnjimi) sorodniki (»inbreeding«). V majhnih populacijah, ki hitro izgubljajo genetsko pestrost in kjer sorodnost med osebki raste, vrednosti teh parametrov hitro padajo, kar lahko pripelje do padca preživetja in reprodukcije in končno tudi do izumiranja populacije.

Genetska pestrost naših medvedov ostaja visoka. Ocenjene vrednosti so podobne kot v prejšnjih študijah (Skrbinšek s sod. 2017, Skrbinešek s sod. 2012b) in primerljive z ostalimi velikimi populacijami medvedov v Evropi in Severni Ameriki (Skrbinšek s sod. 2012b). Genetska pestrost (heterozigotnost, alelska pestrost) je predstavljena v preglednicah 11 in 12.

Preglednica 11: Osnovni populacijsko-genetski parametri, zaznani v genetskih monitoringih medvedov 2015 in 2023. V obeh monitoringih so uporabljeni isti genetski markerji, zato so rezultati popolnoma primerljivi. N = število vzorcev (osebkov), vključenih v analizo. He, SEHe – pričakovana heterozigotnost in standardna napaka; Ho, SEHo – opažena heterozigotnost in standardna napaka, A, SEA – alelska pestrost in standardna napaka, N_HWE – število lokusov, ki odstopa od HW ravnovesja, $p < 0.05$ (brez korekcije za multiplo testiranje).

Območje / leto	N	He	SEHe	Ho	SEHo	A	SEA	N_HWE
Slovenija 2015	570	0,658	0,024	0,669	0,022	6,000	0,674	3
Hrvaška 2015	648	0,669	0,025	0,670	0,022	6,250	0,653	2
Slovenija 2023	508	0,659	0,023	0,663	0,024	6,083	0,609	1

Parametra PID in PID_{sib} nam povesta kolikšna je verjetnost, da bi imela dva osebka identičen genotip na tem markerju in nam nudita informacijo o informativnosti sistema markerjev. Glede na izračunane verjetnosti identičnih genotipov (PID in PID_{sib}) je verjetnost, da bi imela dva nesorodna osebka identičen genotip, enaka $3,33 \times 10^{-10}$. V preglednici 12 je prikazana verjetnost pojava identičnih genotipov po posameznih lokusih. Verjetnost, da bi imeli enak genotip sorojenci (bratje/sestre), je $9,3 \times 10^{-5}$.

Preglednica 12: Populacijsko-genetski parametri posameznih mikrosatelitskih markerjev, uporabljenih v genetskem monitoringu medvedov 2023. He – pričakovana heterozigotnost; Ho – opažena heterozigotnost, A – alelska pestrost, PID – verjetnost, da imata dva nesorodna osebka identičen genotip; PID_{sib} – verjetnost, da imajo sorojenci identičen genotip.

Lokus	He	Ho	A	PID	PID _{sib}
UA03	0,647	0,650	4	0,194	0,475
UA51	0,760	0,762	7	0,097	0,394
UA16	0,733	0,761	10	0,108	0,411

UA57	0,527	0,573	4	0,329	0,569
UA67	0,597	0,579	3	0,238	0,511
UA06	0,656	0,652	7	0,156	0,461
UA17	0,662	0,667	4	0,181	0,465
UA63	0,692	0,732	7	0,152	0,442
UA65	0,628	0,600	6	0,186	0,483
UA68	0,816	0,811	9	0,058	0,357
UA64	0,588	0,592	6	0,217	0,510
UA25	0,601	0,583	6	0,207	0,501

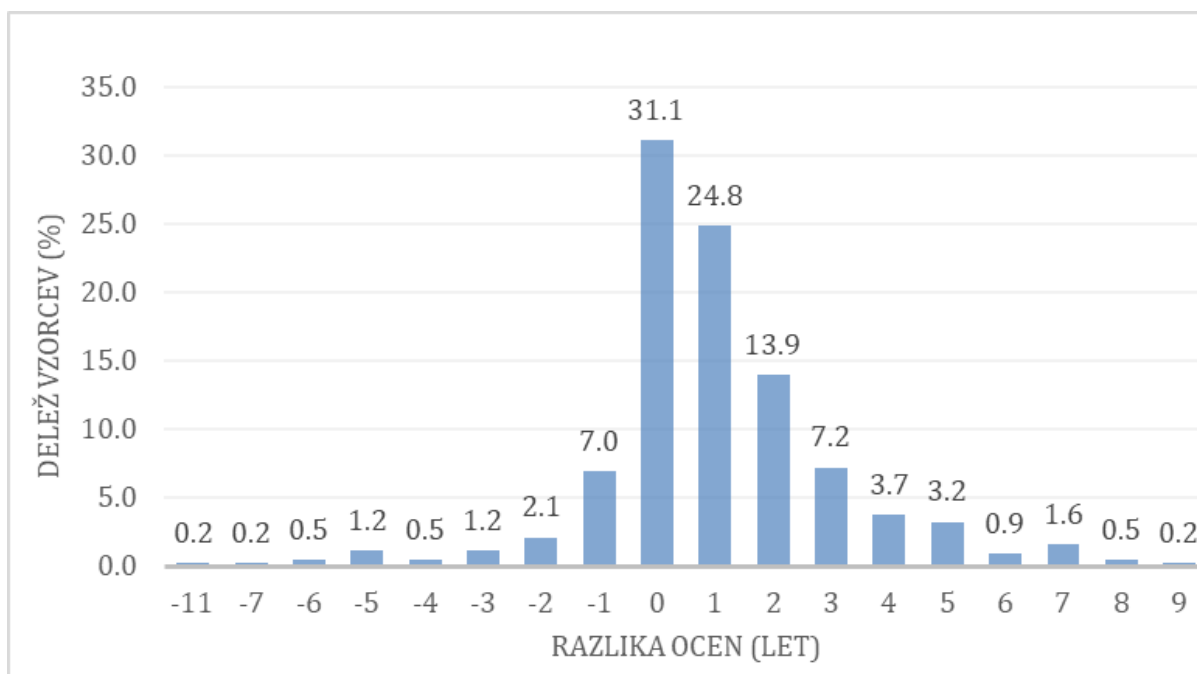
3.4 Določanje starosti rjavih medvedov, odvzetih iz narave

Rezultati starosti medvedov so bili po obdelavi zob (kontrastno barvanje rezin, štetje dentinskih plasti) razdeljeni v dve kategoriji: (1) starost osebka je enaka »modelni« starosti za to vrsto in tip zoba (označeno kot kakovost 'A') in (2) starost osebka je mogoče določiti, vendar ocena ni na leto zanesljiva, temveč je podana v ozkem intervalu (npr. 8-9 let), hkrati pa je bila podana najverjetnejša starost osebka, katero smo uporabili za nadaljnje analize (označeno kot kakovost 'B'). Pri posameznih primerih zob se je zgodilo, da je bil zob bodisi preveč poškodovan ali zaradi kakšnega drugega razloga za analizo neuporaben, zato za te primere nismo prejeli rezultata o ugotovljeni starosti osebka (označeno kot neuporabno za determinacijo starosti – oznaka 'X'). Delež in število zob, ki so pripadali določeni kategoriji, je naveden v preglednici 13.

Preglednica 13: Število in delež zob, uvrščenih v posamezno kategorijo kakovosti ugotovljene starosti osebka rjavega medveda.

Kakovost ugotovljene starosti osebka	Število	Delež (%)
A	303	68,7
B	128	29,0
X	10	2,3
Skupaj	441	100

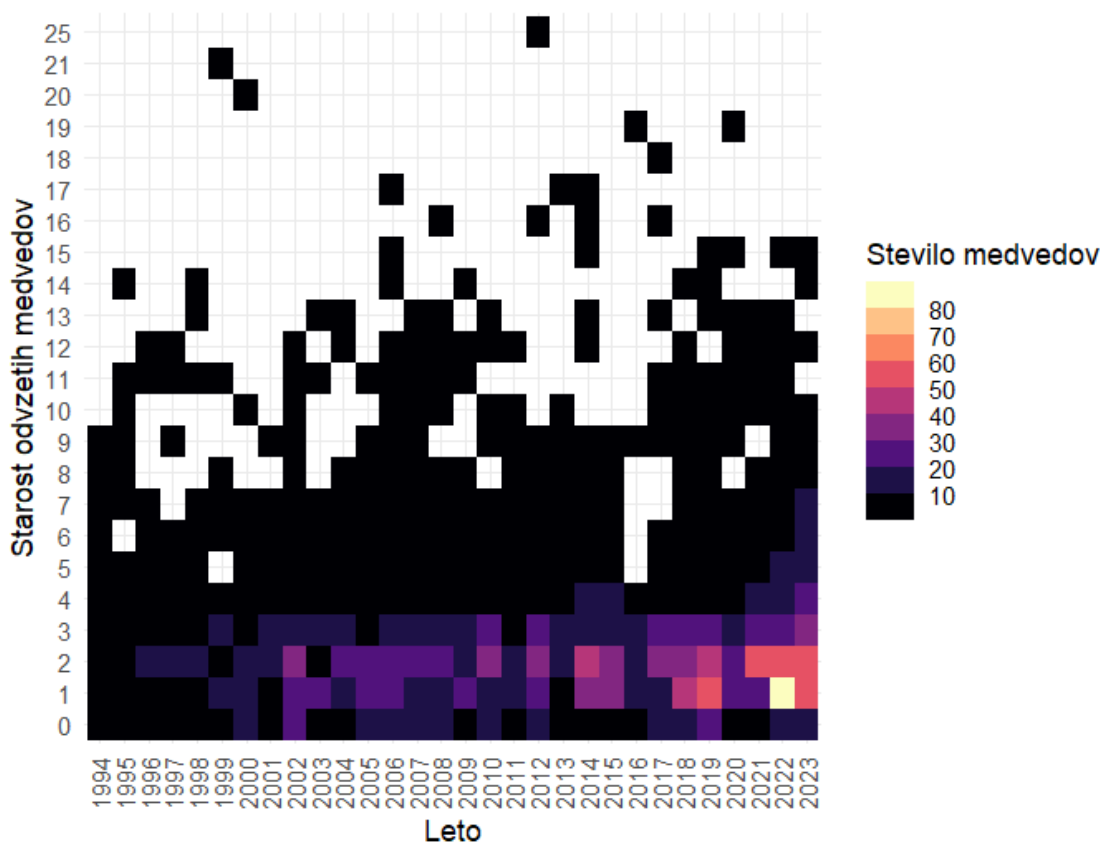
Povprečna ocena starosti z okularno metodo je za vse vzorce znašala 4 leta (minimalna starost 0 let, maksimalna starost 20 let), ocena starosti z metodo brušenja zob pa 3 leta (minimalna starost 0 let, maksimalna starost 19 let), torej so okularne ocene s strani zaposlenih na ZGS bile v povprečju precenjene za 1 leto. Ocenjene starosti z okularno metodo in ugotovljene z metodo brušenja zob so se natančno ujemale v skoraj tretjini primerov (31,1 %).



Slika 28: Razlike v ocenah starosti med obema metodama: okularnega ocenjevanja starosti medvedov in štetja dentinskih slojev. Pozitivne vrednosti pomenijo precenjene okularne ocene starosti, negativne pa podcenjene.

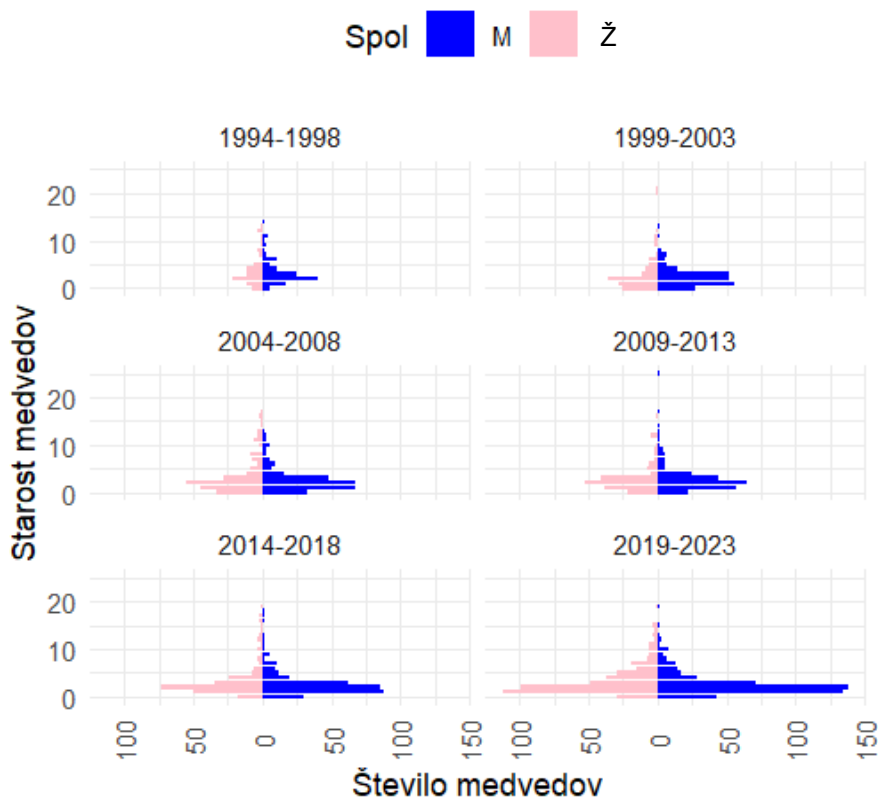
Na podlagi prejetih rezultatov o ugotovljeni starosti osebkov smo izračunali razlike v ocenah starosti med okularno metodo in metodo s pomočjo brušenja zob na način, da smo za isti osebek od ocenjene starosti s pomočjo okularne metode odšteli ocenjeno starost z metodo brušenja zob. Tako so izračunane pozitivne vrednosti pomenile precenjeno starost s pomočjo okularne metode, negativne vrednosti pa podcenjeno starost. Vrednost 0 je pomenila ujemanje ocene starosti med obema metodama. Maksimalna razlika v starosti navzgor s pomočjo okularne ocene starosti je znašala 9 let, maksimalna podcenjena pa 11 let (slika 28).

Za modeliranje manjkajočih vrednosti starosti rjavih medvedov, odvzetih iz narave med leti 1994 in 2023, se je najbolje izkazala Von Bertallfy-jeva rastna funkcija. Spremenljivka, ki najbolje pojasnjuje starost medvedov na podlagi rastne funkcije pa je bila standardizirana masa medvedov, ločeno po spolu. Zanesljivost ocene starosti po tej metodi pa z naraščanjem starosti medvedov upada, saj pri višjih starostih standardizirana telesna masa podcenjuje starost osebka. To lahko pripišemo fenotipskim lastnostim posameznega osebka v kombinaciji z genetskimi predispozicijami za rast. Zanesljivo oceno starosti medvedov na podlagi modeliranja s pomočjo Von Bertallfy-jeve rastne funkcije lahko dosežemo za osebke do starosti okoli 7 let.



Slika 29: Gostote odvzetih medvedov glede na starost v obdobju med leti 1994 in 2023.

Na podlagi pridobljenih podatkov o starosti medvedov, katerih smrtnost smo evidentirali v obdobju 1994-2023, lahko ugotavljamo starostno strukturo evidentiranih mrtvih medvedov v omenjenem obdobju (sliki 29 in 30). V začetnih obdobjih sistematičnega evidentiranja smrtnosti medvedov in beleženja biometričnih podatkov je bilo primerov evidentirane smrtnosti manj, ker je bila takrat populacija manjša, posledično je bil manjši tudi odstrel, ki je najpogosteje evidentiran vzrok smrtnosti. Odvzeti osebki so bili bolj enakomerno razporejeni po vseh starostnih skupinah (tudi takrat največ mladih). V zadnjem obdobju je načrtovana višina odvzema in narave z odstrelom sledila rasti populacije, v odvzemu pa se je povečal delež mlajših osebkov, medtem ko število starejših osebkov v odvzemu ostaja ves čas podobno (slika 30). To je tudi skladno s sedaj že ustaljeno prakso, da se največji delež odstrela rjavega medveda načrtuje za osebke telesne mase do 100 kg, s čimer varujemo predvsem reproduktivne samce, ki so sicer z vidika odstrela za lovce najbolj zanimivi.



Slika 30: Prikaz frekvenc evidentiranih mrtvih medvedov glede na starost in spol (po petletnih obdobjih).

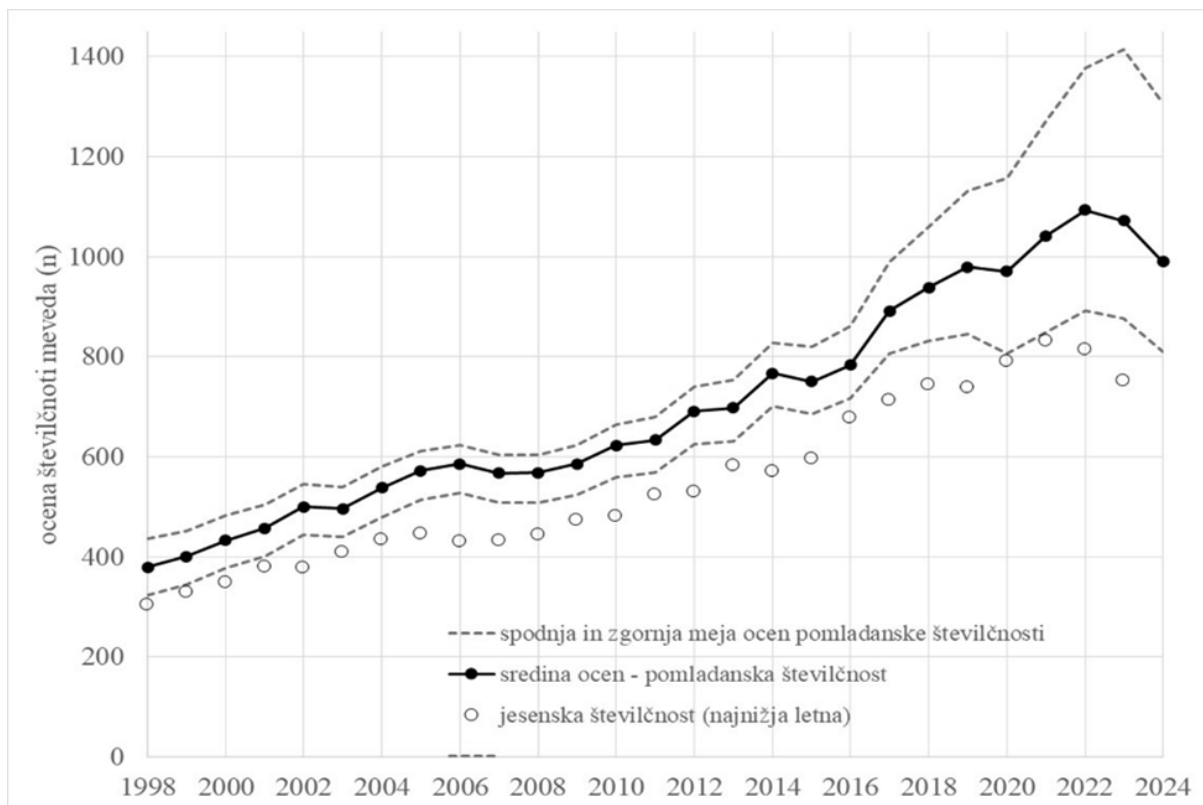
3.5 Rekonstrukcija spomladanske številčnosti rjavega medveda

3.5.1 Rekonstrukcija spomladanske številčnosti za leto 2024

Ocena številčnosti

Spreminjanje številčnosti rjavega medveda je (zaradi visoke rodnosti in antropogene smrtnosti) znotraj posameznega leta primerjalno veliko. Medtem ko z rezultati neinvazivnega genetskega vzorčenja dobimo zelo zanesljive ocene najmanjše letne številčnosti (pozno jesenska številčnost), pa lahko s pomočjo modeliranja izračunamo tudi največjo letno (spomladansko) številčnost, v katero so všteti tudi pozimi poleženi mladiči. Ocena največje letne (spomladanske) številčnosti je bolj relevantna z vidika načrtovanja odvzema iz narave z odstrelom in tudi splošno ohranitveno upravljanje populacije.

Končni rezultati in končna sintezna rekonstrukcija številčnosti z intervali zaupanja so prikazani na sliki 31. Z nje je razvidno, da znaša ocenjena spomladanska številčnost medveda za leto 2024 990 osebkov, spodnja oziroma zgornja meja intervalne ocene pa 810 do 1.307 osebkov. Zadnje desetletje je številčnost medveda naraščala, se leta 2019 kot posledica intervencijskega odstrela malo znižala, potem zopet rasla in od spomladi 2022 nekoliko, še bolj pa po tem upadla. Celotno poročilo o rekonstrukciji spomladanske številčnosti za leto 2024 je v prilogi 1.



Slika 31: Rekonstrukcija populacijske dinamike rjavega medveda v Sloveniji za obdobje 1998–2024. Odebeljena črna črta prikazuje vrednosti za čas po kotitvi spomladi, torej največje vrednosti v letnem ciklu kotitve in smrti. Črtkani sivi črti sta intervala zaupanja te ocene, beli krogi pa podajajo ocene najnižjih letnih številčnosti v poznojesenskem obdobju.

Ob poročanju številčnosti so doslej **veliko zmedo v javnosti prožile različne ocene**, zlasti najnižje letne po celoletni smrtnosti, ki se jih je navadno poročalo ob poročanju rezultatov neinvazivne genetike (za pozno jesensko obdobje), ter številčnosti po poganju mladičev, ki so najvišje letne in veljajo za spomladanski čas. Slednje so uporabnejše za namene upravljanja populacije in jih zato poročamo v rezultatih rekonstrukcije populacijske dinamike. Pri poročanju rezultatov ocen številčnosti je zaradi velikih znotrajletnih nihanj zelo pomembno, da se vedno poudari za katero oceno številčnosti gre (spomladansko ali jesensko). Za lažjo primerljivost obeh ocen na sliki 31 prikazujemo tudi pozno jesenske (torej najnižje letne) številčnosti.

Rodnost in smrtnost

Ker je bil delež samic v populaciji ob zadnjem genetskem monitoringu (jesen 2023) nekoliko večji kot v prejšnjih dveh - absolutno za 3 %, relativno (glede na prejšnjega) pa za 5 % -, to pomeni tudi povečano relativno rodnost populacije. Če predpostavimo, da je rodnost na samico ostala enaka, se je **relativna rodnost povečala na 25 %** (iz prejšnjih 24 %; genetski monitoring 2015). To pomeni, da se je koeficient spomladanske/jesenske številčnosti povečal iz 1,316 na 1,332.

V zadnjem desetletju (2015–2024) je letna evidentirana smrtnost medveda v Sloveniji nihala od 47 do 264 osebkov in je v povprečju znašala 155,9 osebkov (109–203; 95 % IZ). Od skupne evidentirane smrtnosti je prek 85 % predstavljal odvzem iz narave z odstrelom, med drugimi vzroki smrtnosti pa prevladujejo povozi na cestah, avtocestah in železnicah. Smrtnost se je v zadnjih 25 letih povečevala, najvišjo smrtnost smo evidentirali leta 2023 (264 medvedov, od

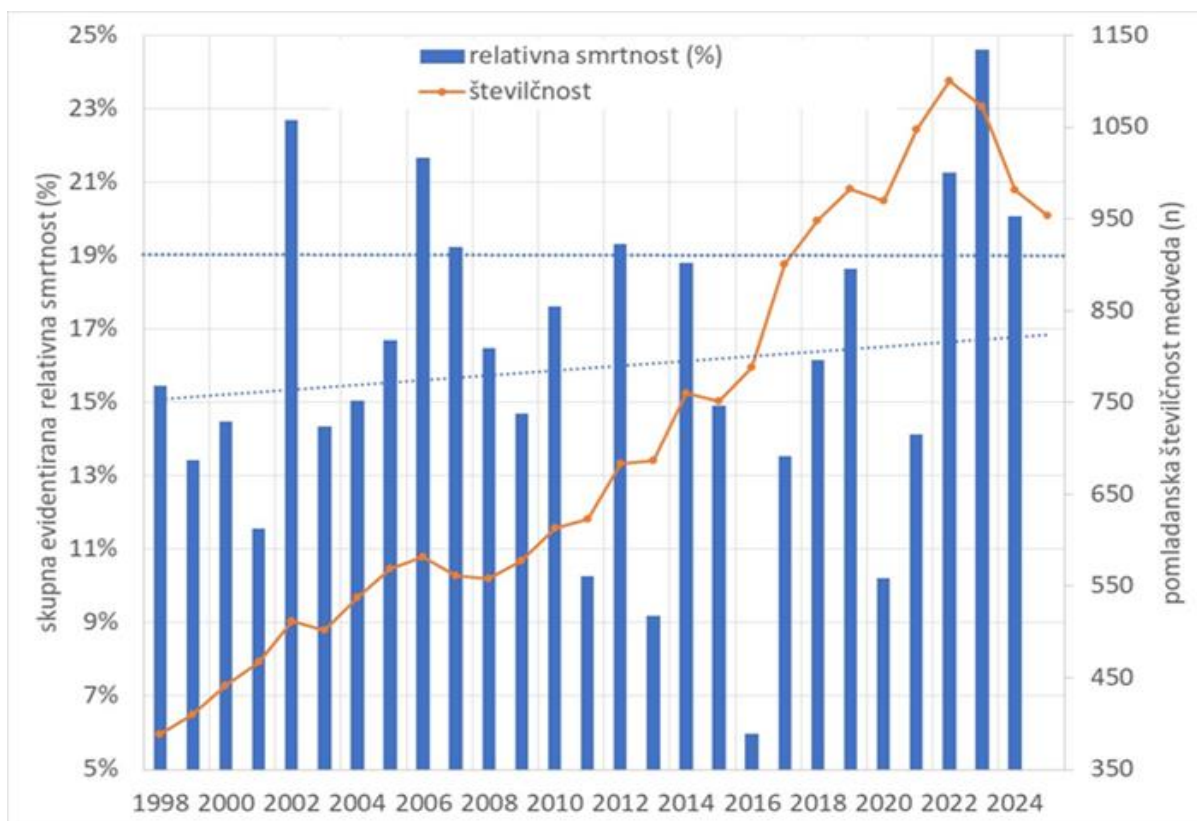
tega je 240 medvedov predstavljala smrtnost zaradi odstrela na podlagi dovoljenj). Ker se je populacija v obravnavanem obdobju v splošnem večala, dinamika relativne smrtnosti ni enaka absolutni. Relativna evidentirana smrtnost se je po linearnem trendu le malo povečala in še to na račun načrtovanega in izvedenega povečanega odvzema v zadnjih treh letih (glej sliko 32). **V povprečju odvzem iz narave z odstrelom proži zmanjšanje populacije, ko njegova intenziteta preseže 16 % spomladanske številčnosti, skupni odvzem pa, ko je večji od 19 %, kar se je v zadnjem času zgodilo v letih 2019, 2022, 2023 in 2024.** V obravnavanem obdobju je bil tudi relativni odvzem najvišji v letu 2023, ko je znašal nekaj manj kot 25 % spomladanske številčnosti medveda. Visok odvzem tega leta je posledica načrtno povečanega odvzema iz narave z odstrelom in poleg tega primerjalno visokim »izgubam« (druge oblike neevidentirane smrtnosti). Odvzem v letu 2023 je tako za približno 8,5 % zmanjšal številčnost populacije rjavega medveda v Sloveniji (razlika do 24,6 % je zaradi rodnosti), odvzem v letu 2024 pa je številčnost zmanjšal za 2,5 %.

3.5.2 Rekonstrukcija spomladanske številčnosti za leto 2025 (ni del te projektne naloge)

Rekonstrukcija spomladanske številčnosti za leto 2025 sloni na modelih, ki temeljijo na treh genetskih ocenah številčnosti in so torej bili **že kalibrirani tudi z oceno številčnosti za leto 2023, pridobljeno v okviru genetskega monitoringa medveda** (glej poglavje 3.3.2). Prejšnje rekonstrukcije (npr. poglavje 3.5.1; Jerina in sod., 2018) so namreč upoštevale le rezultate dveh genetskih monitoringov, 2007 in 2015. Študija rekonstrukcije številčnosti za pomlad 2025 je bila izvedena v okviru pridobivanja strokovnih podlag za pripravo strokovnega mnenja za odvzem rjavega medveda iz narave z odstrelom v letu 2025 in jo je tako kot predhodne izdelal prof. dr. Klemen Jerina. Rezultati rekonstrukcije tako niso del te projektne naloge, a jih zaradi vsebinske povezanosti s poročilom in pomembnosti za nadaljnje upravljanje rjavega medveda prikazujemo v nadaljevanju.

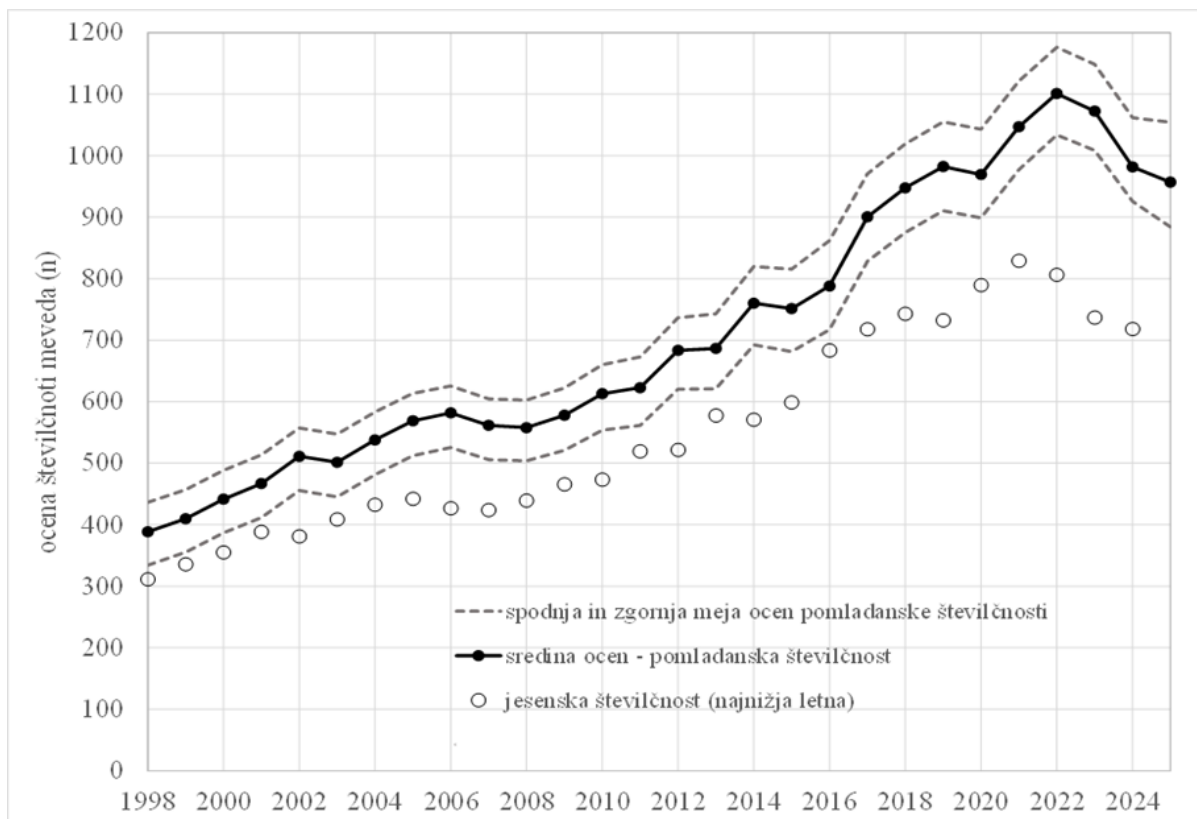
Ocena številčnosti

Za rekonstrukcijo številčnosti medveda je bila uporabljena metoda »kalibriranih populacijskih modelov«, ki je bila razvita v projektu LIFE DINALP BEAR (Jerina in sod., 2018; Jerina in Ordiz, 2021) in zatem uporabljena v več rekonstrukcijah številčnosti. Poleg treh že omenjenih kalibracijskih točk (najmanjše letne ocene številčnosti za leta 2007, 2015 in 2023) je bil pri rekonstrukciji številčnosti uporabljen podatek o spolni sestavi populacije, izračunan v genetskem štetju 2023 (62,6 % samic) in podatki o evidentirani smrtnosti medveda v zadnjih letih (spol in starost osebkov). **Spomladanska ocena številčnosti rjavega medveda v Sloveniji za leto 2025 znaša 954 osebkov in ima ozek interval zaupanja (880–1050; 95 % IZ)** (slika 33). Uporabljeni pristopi matematičnega modeliranja za vsakoletno ocenjevanje spomladanske številčnosti medveda na osnovi podatkov odvzema in drugih dostopnih podatkov so se izkazali za izredno točne. Ocena za leto 2023, tj. 8 let po kalibraciji modelov, se je namreč od ocene genetskega monitoringa razlikovala le za 2,7 %, spomladanska številčnost za leto 2024 le za 1,5 %. Povprečna razlika v 8 letnem obdobju pa je znašala manj kot 1 % (oz. 8 živali). Za rabo v praksi bi bila po mnenju avtorja študije še sprejemljiva do 15-krat večja (do ≈ 20 %) napaka/razlika. Našteto potrjuje, da je 8-letni interval med genetskimi ocenami številčnosti ustrezen.



Slika 32: Dinamika relativne smrtnosti rjavega medveda v Sloveniji obdobju 1998–2024. Modri stolpci prikazujejo relativno smrtnost (v %), oranžna črta prikazuje dinamiko številčnosti medveda (spomladanska ocena), šibka črtkana črta prikazuje linearni trend dinamike odvzema, močna vodoravna črtkana črta pa prikazuje povprečno višino odvzema (evidentirane smrtnosti), ki stabilizira številčnost rjavega medveda (vir: Jerina, 2024).

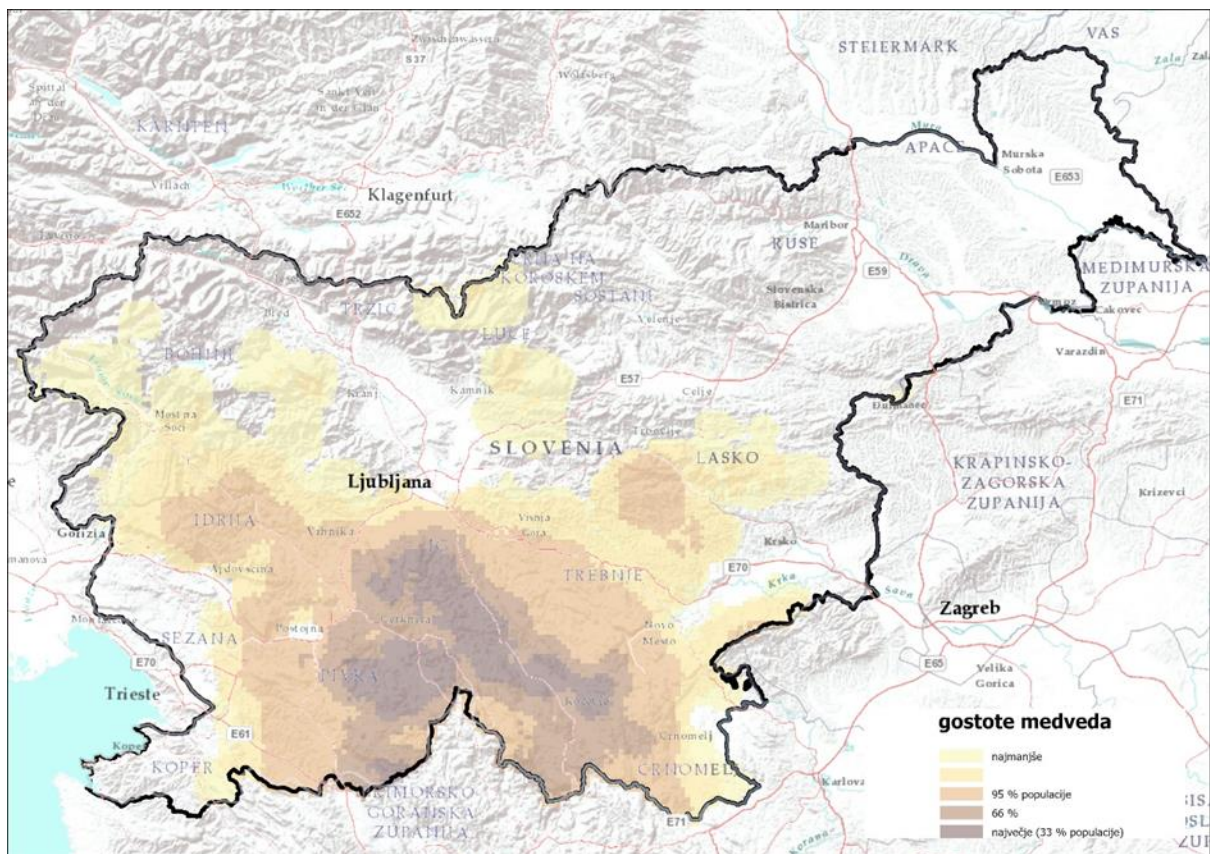
Študija svetuje, da se ciljno spomladansko številčnost 800 osebkov doseže v naslednjih 2 ali 3 letih, pri čemer bi moral relativni letni odvzem znašati 24,9 % oziroma 23,1 % spomladanske številčnosti, kar pomeni odvzem iz narave z odstrelom leta 2025 v višini med 209 in 192 medvedov. Pri aktualni številčnosti populacije bi moral za stabilizacijo številčnosti odvzem znašati 180 osebkov letno.



Slika 33: Rekonstrukcija populacijske dinamike rjavega medveda v Sloveniji za obdobje 1998–2025. Odebeljena črna črta prikazuje vrednosti za čas po kotitvi spomladi, torej največje vrednosti v letnem ciklu kotitve in smrti, črtkani sivi črti sta intervala zaupanja te ocene ($p = 0.95$), beli krogi pa so ocene najnižjih letnih številčnosti (vir: Jerina, 2024).

Populacijske gostote in razširjenost medveda v Sloveniji

Del študije, v kateri je dr. Jerina (2024) izvedel rekonstrukcijo številčnosti za pomlad 2025, je tudi izračun populacijskih gostot rjavega medveda na območju Slovenije (slika 34), pri čemer so bili uporabljeni podatki za obdobje 2020–2024 (delujoči neinvazivni genetski vzorci, smrtnost, škode in drugi konflikti, stalna številna mesta). Rjavi medved je v omenjenem obdobju (zadnjih 5 let) poseljeval slabo polovico ozemlja Slovenije in se je od prejšnjega obdobja kartiranja nekoliko prostorsko razširil (zlasti proti severovzhodu, delno tudi proti severu in zahodu). 95 % populacije živi na območju s površino 5080 km² (gostota: 0,19 osebk/km²), 66 % na 2190 km² velikem območju (0,31 osebk/km²) in 33 % na 860 km² velikem območju (gostota > 0,40 osebk/km²). Gostote medveda v Sloveniji lokalno presegajo 0,5 osebk/km² in so med največjimi dokumentiranimi za rjavega medveda v svetu.

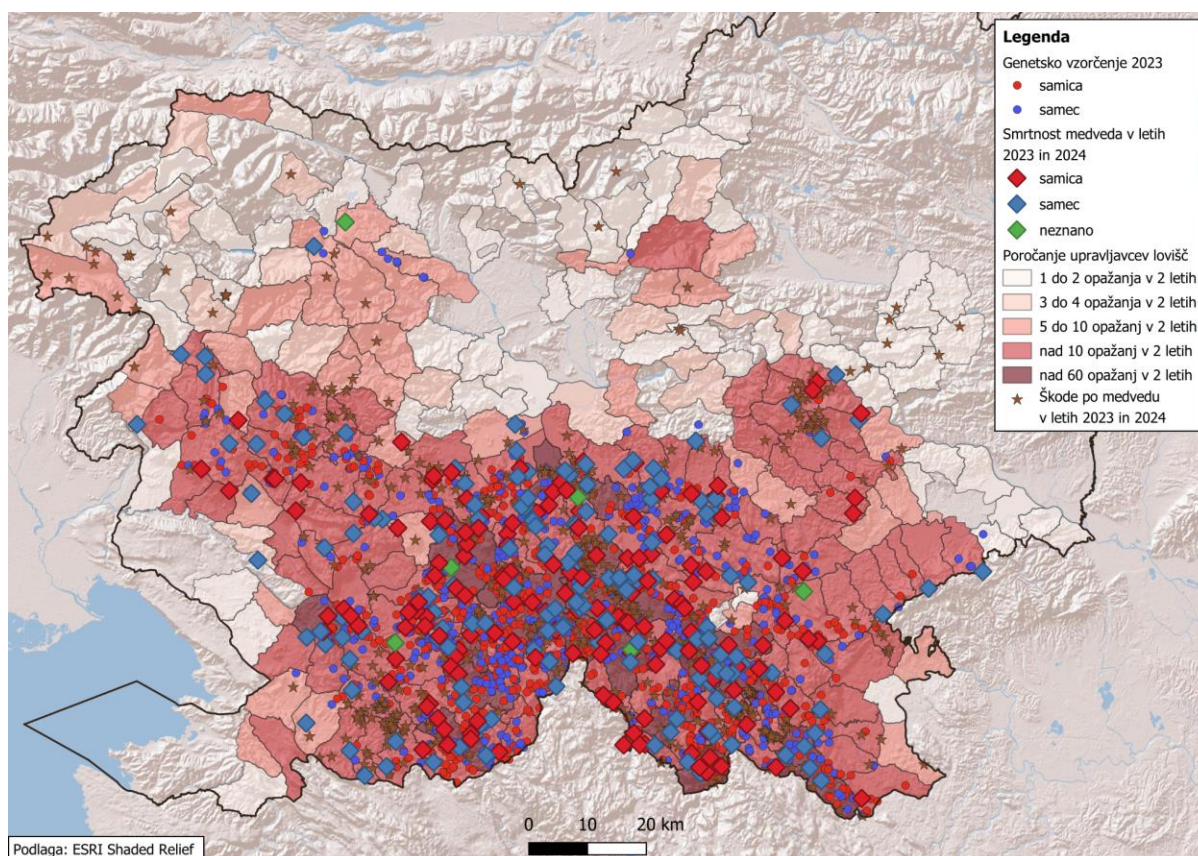


Slika 34: Izračun lokalnih gostot rjavega medveda v Sloveniji na podlagi podatkov v obdobju 2020–2024 (vir: Jerina, 2024).

3.6 Prostorska razširjenost populacije v Sloveniji

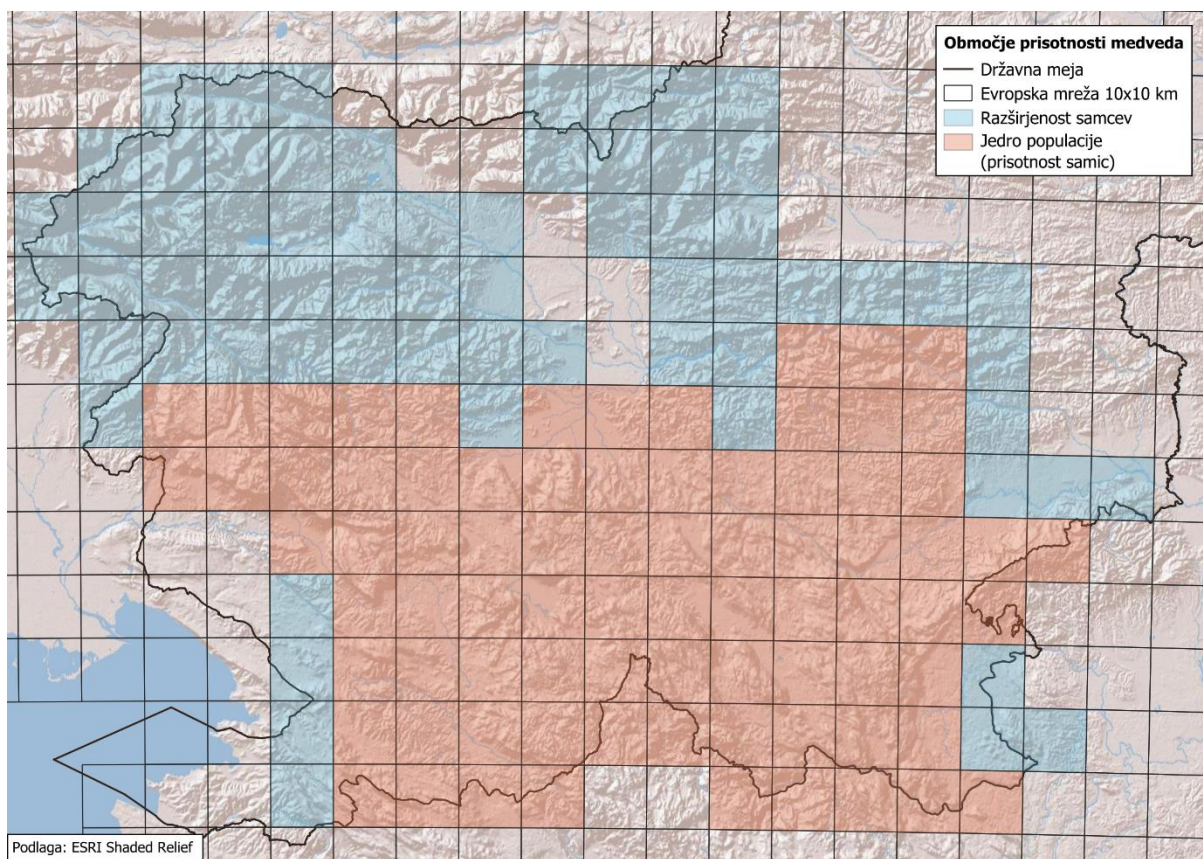
Za prikaz prostorske razširjenosti rjavega medveda v Sloveniji (slika 35) smo uporabili podatke dveh koledarskih let, in sicer 2023 in 2024. Ti podatki obsegajo:

- poročanja upravljalcev lovišč o znakih prisotnosti rjavega medveda in opažanju vodečih medvedk v lovišču/revirju LPN, ki se zbirajo dvakrat letno (skupaj 4 poročanja);
- delujoči neinvazivni genetski vzorci medvedov, zbrani v okviru genetskega monitoringa 2023;
- evidentirana smrtnost rjavega medveda v letih 2023 in 2024 ter
- evidentirani škodni dogodki, v katerih je bil kot povzročitelj prepoznani medved (v letih 2023 in 2024).



Slika 35: Podatki o prisotnosti rjavega medveda v letih 2023–2024, ki smo jih uporabili za prikaz prostorske razširjenosti rjavega medveda v Sloveniji.

Na podlagi zgoraj opisanih podatkov smo prostorsko razširjenost rjavega medveda prikazali tudi na evropski prostorski mreži velikosti 10 x 10 km, ki se na mednarodni ravni uporablja za prikazovanje razširjenosti velikih zveri. Slika 36 ločeno prikazuje območje, kjer smo potrdili prisotnost tako samcev kot samic, in območje, kjer se pojavljajo le samci.



Slika 36: Prostorska razširjenost rjavega medveda na podlagi podatkov iz obdobja 2023–2024, prikazana na evropski prostorski mreži s kvadranti velikosti 10x10 km. Rožnato pobarvano območje prikazuje jedro območje populacije (prisotnost samcev in samic), na modro pobarvanem območju pa smo zaznali le prisotnost samcev. Uporabljeni so bili delujoči neinvazivni genetski vzorci, poročanja upravljavcev lovišč o znakih prisotnosti medveda, evidentirana smrtnost in škode, ki jih je povzročil medved.

3.7 Opredelitev varstvenega stanja

Pričujoče poročilo prikazuje rezultate že tretjega zaporednega genetskega monitoringa, s katerim smo pridobili zelo natančno oceno najmanjše letne številčnosti za leto 2023 (pred tem že v 2007 in 2015). Lahko rečemo, da imamo v Sloveniji vzpostavljen stabilen sistem monitoringa rjavega medveda, ki temelji na ponovitvah genetskih ocen številčnosti na vsakih 8 let. Kakovostni podatki, ki jih v Sloveniji redno sistematično zbiramo, pa nam preko modeliranja omogočajo dober vpogled v dinamiko populacije tudi v obdobju med posameznimi genetskimi monitoringi. Na podlagi zgoraj navedenih metod vemo, da je populacija rjavega medveda v Sloveniji v zadnjih 25 letih večinoma naraščala (iz približno 400 osebkov leta 1998 do 1100 osebkov spomladi leta 2022). Od leta 2022 številčnost počasi upada, kar je posledica načrtnega zmanjševanja številčnosti do ciljne (spomladanske) številčnosti 800 osebkov, ki jo nameravamo doseči v naslednjih nekaj letih. Kljub načrtnemu zniževanju številčnosti imamo v Sloveniji še vedno ene največjih dokumentiranih lokalnih gostot rjavega medveda na svetu.

Primerjava rezultatov genetskih monitoringov 2007, 2015 in 2023 kaže tudi prostorsko širitev populacije rjavega medveda, predvsem območja pojavljanja samic, v smeri severovzhoda (Zasavje) in severozahoda (Banjška planota). Širjenje proti severozahodu je velikega pomena tudi z mednarodnega vidika, saj predstavlja glavni koridor za prehajanje medvedov med Dinaridi in Alpami. Kljub počasni prostorski širitvi samic proti Alpam, širitev s pomočjo genetskih metod zaznavamo, vzpodbuden je tudi podatek o naraščanju deleža samic v delu populacije zahodno od avtoceste Ljubljana–Koper. Kljub temu je v prihodnje treba več pozornosti posvetiti povezljivosti habitata rjavega medveda, predvsem varovanju koridorjev, ki povezujejo posamezne habitatne krpe. Najpomembnejša ovira za prehajanje medvedov v slovenskem prostoru ostaja že omenjena avtocesta Ljubljana–Koper, preko katere je nujno v prihodnjih letih zgraditi vsaj en ekodukt, primeren za prehajanje večjih prostoživečih živali.

Upravljanje konfliktov, ki jih povzročajo medvedi, ostaja velik izziv, s katerim se v zadnjih letih v Sloveniji uspešno spopadamo. Pohvaliti gre predvsem odškodninski sistem, napredek pri podpori (potencialnim) oškodovancem s svetovanjem glede zaščite premoženja ter hitro odzivnost pri odstranjevanju nevarnih in posebej problematičnih medvedov. Izboljšati je treba sistem sofinanciranja zaščitnih ukrepov za preprečevanje škode, da je omogočeno sofinanciranje vsem zainteresiranim, sofinanciranje medvedovarnih smetnjakov in kompostnikov ter interventno ukrepanje v primeru ogrožanja zdravja in varnosti ljudi.

Precej visoko toleranco prebivalcev do prisotnosti medvedov, ki jo poleg ozaveščanja o primernih načinih zaščite premoženja pomaga vzdrževati reden odvzem medvedov iz narave z odstrelom (še posebno ažuren odstrel potencialno nevarnih osebkov) dodatno potrjuje tudi odsotnost primerov nezakonitih usmrtitev, ki so v Sloveniji izredno redke. Pogini medvedov zaradi kužnih bolezni v Sloveniji prav tako niso evidentirani. **Na podlagi vseh podatkov lahko varstveno stanje rjavega medveda opredelimo kot ugodno.**

4 VIRI IN LITERATURA

- Allendorf F. W., Luikart G. 2009. *Conservation and the genetics of populations*. John Wiley & Sons.
- Adams J. R., Waits L. P. 2007. An efficient method for screening faecal DNA genotypes and detecting new individuals and hybrids in the red wolf (*Canis rufus*) experimental population area. *Conservation Genetics*, V8 (1), 123–131.
- Baillargeon S., Rivest L. P. 2007. Rcapture: Loglinear Models for Capture-Recapture in R. *Journal of Statistical Software*, 19 (5), 1–31. doi:<http://dx.doi.org/10.18637/jss.v019.i05>
- Broquet T., Petit E. 2004. Quantifying genotyping errors in noninvasive population genetics. *Molecular Ecology*, 13 (11), 3601–3608.
- Burnham K. P., Anderson D. R. 2002. *Model Selection and Multimodel Inference*. New York. doi:10.1007/978-0-387-22456-5_2
- Bordjan D., Javornik J., Jerina K. 2019. Smernice za harmonizacijo in optimizacijo monitoringa populacije rjavega medveda (Slovenija), pripravljeno v okviru LIFE DINALP BEAR projekta (LIFE13 NAT/SI/0005): 38 str. https://dinalpbear.eu/wp-content/uploads/Optimizacija-monitoringa-rjavega-medveda_Bordjan-et-al.2019.pdf
- Chao A. 1987. Estimating the population size for capture - recapture data with unequal catchability. *Biometrics*, 43, 783–791.
- De Barba M., Miquel C., Lobréaux S., Quenette P. Y., Swenson J. E., & Taberlet P. 2017. High-throughput microsatellite genotyping in ecology: Improved accuracy, efficiency, standardization and success with low-quantity and degraded DNA. *Molecular Ecology Resources*, 17 (3), 492-507. doi:10.1111/1755-0998.12594
- Huggins, R. M. 1989. On the statistical analysis of capture experiments. *Biometrika*, 76, 133–140.
- Jerina K., Adamič M. 2008. Analiza odvzetih rjavih medvedov iz narave v Sloveniji v obdobju 2003–2006, na podlagi starosti določene s pomočjo brušenja zob. Končno poročilo. Ljubljana, Oddelek za gozdarstvo in obnovljive gozdne vire, Biotehniška fakulteta, Univerza v Ljubljani. <https://repozitorij.uni-lj.si/Dokument.php?id=141565&lang=slv>
- Jerina K., Krofel M. 2012. Monitoring odvzema rjavega medveda iz narave v Sloveniji na osnovi starosti določene s pomočjo brušenja zob: obdobje 2007-2010. Končno poročilo. Ljubljana, Oddelek za gozdarstvo in obnovljive gozdne vire, Biotehniška fakulteta, Univerza v Ljubljani <https://repozitorij.uni-lj.si/Dokument.php?id=141778&lang=slv>

- Jerina K., Polaina E., Huber Đ., Reljić S., Bartol M., Skrbinšek T. Jonožovič M. 2018. Reconstruction of brown bear population dynamics in Slovenia and Croatia for the period 1998-2018, prepared within C5 action of LIFE DINALP BEAR Project (LIFE13 NAT/SI/0005): 46 str. https://dinalpbear.eu/wp-content/uploads/2023/11/C5-Report_reconstruction-of-population-dynamics_Jerina-et-al-2018.pdf
- Jerina K., Bordjan D., Zgonik V., Krofel M., Klopčič M., Simončič T., Fidej G., Nagel T., Jarni K., Poje A., Marenče M., Jonožovič M., Černe R., Bartol M., Žerjav S. 2019. Uporabnost sistematičnih štetij medvedov v mreži stalnih števnih mest za spremljanje populacijske dinamike, relativne rodnosti populacije in zastopanosti samic z mladiči. Poročilo C5 akcije LIFE DINALP BEAR projekta (LIFE13 NAT/SI/0005): 42 str. https://dinalpbear.eu/wp-content/uploads/Sistematicno-stetje-medvedov_LifeDINALP_Porocilo_Jerina-in-sod-2019.pdf
- Jerina K., Majić-Skrbinšek A., Stergar M., Bartol M., Pokorny B., Skrbinšek T. in Berce T. 2020. Strokovna izhodišča za upravljanje rjavega medveda (*Ursus arctos*) v Sloveniji (obdobje 2020–2023). Ekspertiza. Biotehniška fakulteta Univerze v Ljubljani, Gozdarski inštitut Slovenije, Zavod za gozdove Slovenije. 98 str.
- Jerina K. 2021. Določanje starosti medvedov in volkov s pomočjo brušenja zob – končno poročilo projektne naloge. Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta. Oddelek za gozdarstvo in obnovljive gozdne vire. Naročnik: Ministrstvo za okolje in prostor RS. Ljubljana, junij 2021, 8 str.
- Jerina K., Ordiz A. 2021. Reconstruction of brown bear population dynamics in Slovenia in the period 1998-2019 : a new approach combining genetics and long-term mortality data. *Acta Silvae et Ligni*, vol. 124, 2021., pp. 29-40
- Jerina K. 2022. Rekonstrukcija dinamike številčnosti rjavega medveda v Sloveniji za obdobje 1998-2022. Ekspertiza, september 2022. Ljubljana, Slovenija. 28. str.
- Jerina K. 2024. Rekonstrukcija dinamike številčnosti in populacijske gostote rjavega medveda v Sloveniji – leto 2025. Naročnik: Zavod za gozdove Slovenije. Ekspertiza, december 2024. Ljubljana, Slovenija. 27. str.
- Jombart T. 2008. Adegnet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics*, 24 (11), 1403–1405. doi:10.1093/bioinformatics/btn129
- Luikart G., Ryman N., Tallmon D., Schwartz M. K., Allendorf F. W. 2010. Estimation of census and effective population sizes: the increasing usefulness of DNA-based approaches. *Conservation Genetics*, 11(2), 355–373. <https://doi.org/10.1007/s10592-010-0050-7>
- Miller C., Joyce P., Waits L. P. 2002. Assessing Allelic Dropout and Genotype Reliability Using Maximum Likelihood. *Genetics*, 160, 357–366.
- Miller C. R., Joyce P., Waits L. P. 2005. A new method for estimating the size of small populations from genetic mark-recapture data. *Molecular Ecology*, 14 (7), 1991–2005. doi:10.1111/j.1365-294X.2005.02577.x

- Miquel C., Bellemain E., Poillot C., Bessière J., Durand A., Taberlet P. 2006. Quality indexes to assess the reliability of genotypes in studies using noninvasive sampling and multiple-tube approach. *Molecular Ecology Notes*, 6 (4), 985–988. doi:10.1111/j.1471-8286.2006.01413.x
- Paetkau D. W. 2005. The Optimal Number of Markers in Genetic Capture-Mark-Recapture Studies. *Journal of Wildlife Management*, 68(3), 449–452.
- Pennell M. W., Stansbury C. R., Waits L. P., Miller C. R. 2013. Capwire: a R package for estimating population census size from non-invasive genetic sampling. *Molecular Ecology Resources*, 13(1), 154–7. doi:10.1111/1755-0998.12019
- Petit E., Valiere N. 2006. Estimating Population Size with Noninvasive Capture-Mark-Recapture Data. *Conservation Biology*, 20(4), 1062–1073. doi:10.1111/j.1523-1739.2006.00417.x
- R Core Team. 2024. „R: A language and environment for statistical computing.“ Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing. <https://www.r-project.org/>.
- Roon D. A., Waits L. P., Kendall K. C. 2005. A simulation test of the effectiveness of several methods for error-checking non-invasive genetic data. *Animal Conservation*, 8 (2), 203–215.
- Skrbinšek T., Potočnik H., Kos I., Trontelj P. 2007. Varstvena genetika medveda, končno poročilo.
- Skrbinšek T., Jelenčič M., Potočnik H., Trontelj P., Kos I. 2008. Analiza medvedov odvzetih iz narave in genetsko-molekularne raziskave populacije medveda v Sloveniji, končno poročilo.
- Skrbinšek T., Jelenčič M., Waits L., Kos I., Trontelj P. 2010. Highly efficient multiplex PCR of noninvasive DNA does not require pre-amplification. *Molecular Ecology Resources*, 10 (3), 495–501. doi:10.1111/j.1755-0998.2009.02780.x
- Skrbinšek T., Jelenčič M., Waits L. P., Potočnik H., Kos I., Trontelj, P. 2012a. Using a reference population yardstick to calibrate and compare genetic diversity reported in different studies: an example from the brown bear. *Heredity*, 109 (5), 299–305. doi:10.1038/hdy.2012.42
- Skrbinšek T., Jelenčič M., Waits L., Kos I., Jerina K., Trontelj P. 2012b. Monitoring the effective population size of a brown bear (*Ursus arctos*) population using new single-sample approaches. *Molecular Ecology*, 21 (4), 862–75. doi:10.1111/j.1365-294X.2011.05423.x
- Skrbinšek T., Jelenčič M., Luštrik R., Konec M., Boljte B., Jerina K., Černe R., Jonozovič M., Bartol M., Huber Đ., Huber J., Reljić S., Kos I. 2017. Genetic estimates of census and effective population sizes of brown bears in Northern Dinaric Mountains and South-eastern Alps. *LIFE DinAlp Bear*. Poročilo. https://dinalpbear.eu/wp-content/uploads/2023/11/DAB2015.C5.PopulationSizeEstimateFinalReport_Skrbinsek-et-al.2017.pdf

- Skrbinšek T., De Barba M. 2018a. Implementing robust and cost-effective genetic monitoring of brown bear population size. Workshop report. LIFE DinAlp Bear. Poročilo. 11 str. <https://dinalpbear.eu/wp-content/uploads/Implementing-robust-genetic-monitoring-workshop-report-and-best-practice-recommendations.pdf>
- Skrbinšek T., Jelenčič M., Luštrik R., Konec M., Boljte B., Černe R., Bartol M., Huber Đ., Huber J., Reljić S., Kos I. 2018. Genetika, medvedi in ocene številčnosti. *Lovec* 7-8/2018; 331-337. <https://dinalpbear.eu/wp-content/uploads/2023/11/Skrbinsek-et-al.2018 LOVEC-julij-avg Genetika-medvedov.pdf>
- Skrbinšek T., Luštrik R., Majić-Skrbinšek A., Potočnik H., Kljun F., Jelenčič M., Kos I., Trontelj P. 2019a. From science to practice : genetic estimate of brown bear population size in Slovenia and how it influenced bear management. *European Journal of Wildlife Research*, 65(29), 1–15.
- Skrbinšek T., Konec M., Jerina K., Molinari-Jobin A., Molinari P., Rauer G., Knauer F., Bartol M., Boljte B., Jelenčič, M. 2019b. Expansion of bears from Dinaric Mountains into South-Eastern Alps. *LIFE DinAlp Bear*. Poročilo, 17 str.
- Skrbinšek T., Konec M., Bragalanti N., Calderola S., Groff C., Huber Đ., Majić Skrbinešek A., Molinari-Jobin A., Molinari P., Rauer G., Reljić S., Pagon N., Černe R., Jelenčič, M. 2019c. 2019 annual population status report for brown bears in northern Dinaric Mountains and south-eastern Alps. Action C.5: Population surveillance. Ljubljana 2019, 39 str. https://dinalpbear.eu/wp-content/uploads/Population-Status-Report-2019_V1.1.FINAL_.pdf
- Skrbinšek T., Konec M., Boljte B. 2023. Projektna naloga: Genotipizacija tkivnih vzorcev rjavih medvedov, odvzetih iz populacije v letih 2018-2022. *Končno poročilo*, 16 str.
- Taberlet P., Griffin S., Goossens B., Questiau S., Manceau V., Escaravage N., Bouvet J. 1996. Reliable genotyping of samples with very low DNA quantities using PCR. *Nucleic Acids Research*, 24 (16), 3189–3194.
- Taberlet P., Waits L. P., Luikart G. 1999. Noninvasive genetic sampling: look before you leap. *Trends in Ecology & Evolution*, 14, 323–327.
- R Development Core Team. 2017. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Retrieved from <http://www.r-project.org>
- Waits L. P., Luikart G., Taberlet P. 2001. Estimating the probability of identity among genotypes in natural populations: Cautions and guidelines. *Molecular Ecology*, 10 (1), 249–256.
- Waits L. P., Paetkau D. W. 2005. Noninvasive genetic sampling tools for wildlife biologists: a review of applications and recommendations for accurate data collection. *Journal of Wildlife Management*, 69 (4), 1419–1433.
- Waples R. S. 2006. A bias correction for estimates of effective population size based on linkage disequilibrium at unlinked gene loci. *Conservation Genetics*, 7 (2), 167–184.

- Waples R. S., Do C. 2010. Linkage disequilibrium estimates of contemporary Ne using highly variable genetic markers: a largely untapped resource for applied conservation and evolution. *Evolutionary Applications*, 3 (3), 244–262. Retrieved from <http://dx.doi.org/10.1111/j.1752-4571.2009.00104.x>
- White G. C., Burnham K. P. 1999. Program MARK: Survival estimation from populations of marked animals. *Bird Study*, 46 (Supplement), 120–138.
- Wilson K. R., Anderson D. R., Journal S., Feb N. 1985. American Society of Mammalogists, Evaluation of Two Density Estimators of Small Mammal Population Size, 66 (1), 13–21.

5 PRILOGE

Priloga 1: Rekonstrukcija spomladanske številčnosti za leto 2024

Priloga 2: Zbirka genetskih podatkov (v elektronski obliki)

Priloga 3: Podatki o točnih starostih medvedov, odvzetih iz narave v letih 2020-2022, pridobljeni s pomočjo brušenja zob (v elektronski obliki)