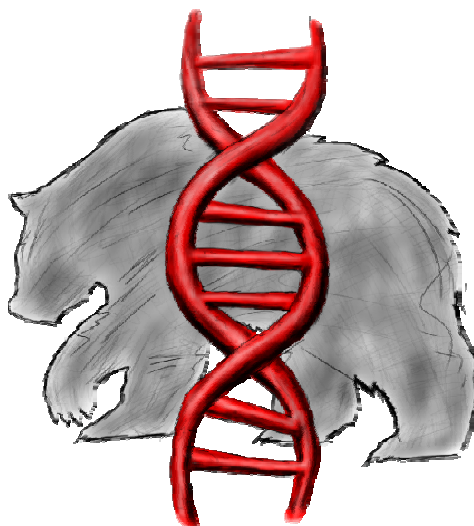




PROJEKT

ANALIZA MEDVEDOV ODVZETIH IZ NARAVE IN GENETSKO-MOLEKULARNE RAZISKAVE POPULACIJE MEDVEDA V SLOVENIJI

ZAKLJUČNO POROČILO – POVZETEK ZA UPORABNIKE

I DEL: VARSTVENA GENETIKA IN OCENA ŠTEVILČNOSTI MEDVEDA 2007

TOMAŽ SKRBINŠEK, MAJA JELENČIČ, HUBERT POTOČNIK, PETER TRONTELJ, IVAN KOS

II DEL: ANALIZA VSEBINE PREBAVIL MEDVEDOV (*URSUS ARCTOS* L.)

ODVZETIH IZ NARAVE V SLOVENIJI V LETIH 2006 – 2008

MIHA KROFEL, NIVES PAGON, PETRA ZOR, IVAN KOS

UNIVERZA V LJUBLJANI, BIOTEHNIŠKA FAKULTETA, ODDELEK ZA BIOLOGIJO

LJUBLJANA, NOVEMBER 2008

ANALIZA MEDVEDOV ODVZETIH IZ NARAVE IN GENETSKO-MOLEKULARNE RAZISKAVE POPULACIJE MEDVEDA V SLOVENIJI

Zaključno poročilo, November 2008

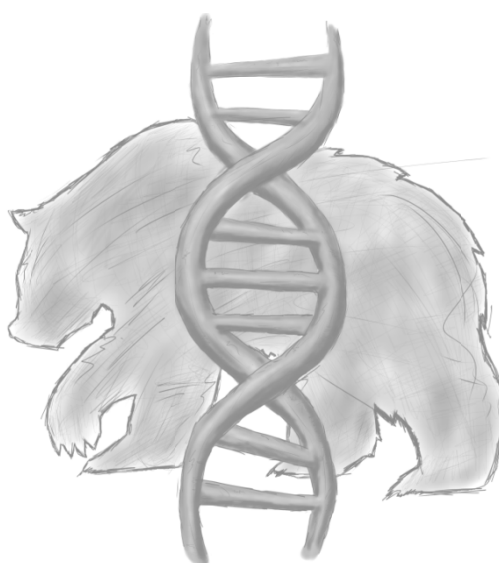
Raziskavo je omogočila Agencija Republike Slovenije za okolje.

Zahvaljujemo se Lovski zvezi Slovenije, Zavodu za gozdove Slovenije in vsem sodelujočim lovskim družinam, zvezam lovskih družin, loviščem s posebnim namenom in območnim enotam Zavoda za gozdove Slovenije za pomoč pri izvedbi raziskave. Še posebej se zahvaljujemo lovcem in delavcem ZGS, ki so pomagali pri zbiranju prebavil odvzetih medvedov in posredovali podatke o odstreljenih medvedih.

Gospodu Blažu Kržetu se zahvaljujemo za neprecenljivo pomoč pri organizaciji neinvazivnega vzorčenja.

Franciju Kljunu najlepša hvala za tehnično pomoč v laboratoriju, Gregorju Bračku za vrstno določitev mravelj in dr. Klemnu Jerini za pomoč pri statistični obdelavi podatkov.

Največja zahvala pa gre vsem lovcem, gozdarjem in drugim, ki so sodelovali pri iskanju vzorcev. Brez njih ne bi mogli narediti nič.



ORGANIZACIJA POROČILA

I DEL: VARSTVENA GENETIKA IN OCENA ŠTEVILČNOSTI MEDVEDA 2007

TOMAŽ SKRBINŠEK, MAJA JELENČIČ, HUBERT POTOČNIK, PETER TRONTELJ, IVAN KOS

II DEL: ANALIZA VSEBINE PREBAVIL MEDVEDOV (*URSUS ARCTOS* L.) ODVZETIH IZ NARAVE V SLOVENIJI V LETIH 2006 – 2008

MIHA KROFEL, NIVES PAGON, PETRA ZOR, IVAN KOS

Uvod

Zdi se, da je medved vrsta, ki malo koga pusti ravnodušnega. Od debat v strokovnih in političnih krogih pa vse do debat za šankom ob kozarcu rujnega ima vsak o tem prebivalcu naših gozdov svoje mnenje. Vsaka upravljavska poteza je vedno pod drobnogledom, vsak nov dogodek vedno na naslovnica časopisov.

Tako širok javni interes pa ima tudi svoje posledice, saj so kakršne koli odločitve v zvezi z medvedom vedno pospremljene z negodovanjem dela javnosti. Če za odločitve ni zelo dobrih argumentov, se to kaj hitro prevesi v nasprotovanje, bodisi prisotnosti medveda ali odločitvam samim. Za medveda, ki je evropsko pomembna ogrožena vrsta in pomemben del naše naravne in kulturne dediščine, je tak razplet najslabši. Z medvedom ni vedno lahko živeti, njegov obstoj pa je popolnoma odvisen od tolerance ljudi, ki si z njim delijo življenski prostor. Če postane medved glavna dnevno politična tema in stalen vir konfliktov, se lahko ta toleranca kaj kmalu izgubi. Zato je toliko pomembneje, da vse odločitve, ki posredno ali neposredno vplivajo na populacijo medveda, stojijo na čim trdnejših temeljih.

Hiter razvoj molekularne genetike nam je v zadnjem desetletju dal orodja, s katerimi se lahko lotimo vprašanj, ki so se včasih zdela nerešljiva. Tako smo se s podporo Agencije Republike Slovenije za okolje s temi orodji lotili problema, ki že vrsto let burka javnost: ocene številčnosti populacije medveda v Sloveniji.

Zastavljena naloga je izjemno zahtevna in je ne bi mogli izpeljati brez široke podpore velikega števila organizacij in posameznikov, ki so v njej nesebično sodelovali. Vloga Lovske zveze Slovenije in Zavoda za gozdove Slovenije je bila neprecenljiva. Vzorčenja, najbolj ključnega dela celotne raziskave, ne bi bilo mogoče izpeljati brez nesebične podpore lovcev, poklicnih lovcev lovišč s posebnim namenom, gozdarjev območnih enot ZGS in drugih prostovoljcev, ki jim ni bilo vseeno.

Ko smo septembra 2007 čakali na prve vzorce s terena, smo marsikatero noč bolj slabo spali. Če vzorcev ne bi bilo, bi imeli velik problem, celotna raziskava pa bi zelo neslavno in z veliko hrupa propadla. Izkazalo se je, da so bile skrbi odveč – sodelujoči so se izjemno izkazali in uspelo nam je izvesti zelo dobro vzorčenje, ki je kasneje botrovalo tudi dobrim rezultatom. Vzorčenje seveda ni bilo popolno – nič v življenju ni. Je pa bilo dovolj dobro in to je vse, kar smo potrebovali.

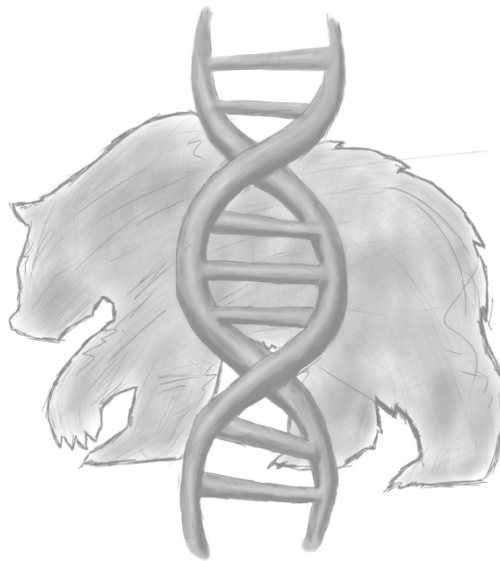
Poročilo, ki ga imate pred seboj, je tako plod dela več sto ljudi in ne samo avtorjev, ki smo pod njim podpisani. Vsak korak na poti do rezultatov je dokumentiran in predstavljen in vsak rezultat temelji na dejanskih podatkih s terena. Naključje in nepredvidljivost, edini stalnici v naravi, smo vključili s statističnimi metodami in se odražata v intervalih zaupanja ob vseh rezultatih.

Menimo, da smo s skupnimi močmi izpeljali eno najtemeljitejših tovrstnih raziskav v Evropi in svetu ter postavili dober temelj učinkovitemu upravljanju in varstvu medveda pri nas ter hkrati dodali pomemben kamenček v mozaik znanja o tej vrsti.

Avtorji

VARSTVENA GENETIKA IN OCENA
ŠTEVILČNOSTI MEDVEDA 2007

POVZETEK ZA UPORABNIKE



1. GENETIKA - POVZETEK ZA UPORABNIKE

1.1. UVOD

Namen povzetka za uporabnike je strnjeno, vendar še vedno dovolj podrobno, predstaviti ključne dele poročila, pri tem pa dati poudarek rezultatom. Cilj je, da bi bilo poročilo kljub obsežnosti uporabno, da pa pri tem ne bi izpustili pomembnih metodoloških podrobnosti.

1.2. LABORATORIJSKE METODE

Organizacija laboratorijev, pretok ljudi in materiala

Da bi se izognili težavam s kontaminacijo, smo uvedli zelo stroga pravila glede gibanja materiala in ljudi med laboratoriji in tako fizično ločili kritične korake analize. Pri tem smo vzpostavili enosmeren pretok materiala med koraki analize in preprečili vnos visoko koncentrirane DNA v dele analitičnega procesa, kjer se dela z DNA v nizkih koncentracijah. Pri delu smo uporabljali zelo striktno protokole za preprečevanje in kontrolo kontaminacije in uporabljali nastavke za pipete z aerosolnimi barierami za vse kritične prenose tekočin. Vsak ključni korak analiz smo fotodokumentirali in v vsak korak laboratorijskega dela vključili sistem preverjanja, ki je omogočil zaznavo potencialnih napak.

Genetski markerji

Za analize tkiv smo uporabljali naslednje lokuse: G10B, G10C, G10D, G10J, G10L, G10M, G10P, G10X, UarMu10, UarMu23, UarMu50, UarMu51, UarMu59, UarMu05, UarMu09, UarMu11, UarMu15, UarMu26, UarMu61, G1A, G10H in Cxx20. Za določanje spola smo amplificirali lokus SRY, ki je vezan na Y spolni kromosom. Za analizo neinvazivnih vzorcev smo razvili zelo učinkovit multipleks z lokusi Mu09, Mu10, Mu15, Mu23, Mu50, Mu59, G10C, G10D, G10H, G10L, G10P, G10X in SRY.

Amplifikacija vzorcev in zanesljivo določanje genotipov

Pri tkivih smo celoten proces analiz kontrolirali z negativnimi kontrolami. Če rezultat ni bil zanesljiv, smo analizo ponovili. Za oceno napake smo načrtno »slepo« ponovili 10% vseh genotipizacij, v praksi pa smo zaradi multipleksiranja dejansko večkrat ponovili 35,4% vzorcev.

Postopek pri neinvazivnih vzorcih je bil podoben kot pri tkivnih vzorcih, s to razliko, da smo že v začetku vsak vzorec analizirali dvakrat, kasneje pa glede na uspešnost amplifikacije bodisi zavrgli, sprejeli rezultat kot dober oziroma še dodatno amplificirali do osemkrat (glej **Error! Reference source not found.**). Za sprejemanje genotipa smo uporabljali metodo največjega verjetja (maximum likelihood). Genotip smo sprejeli, če je bila verjetnost napake manjša od 0,02. Zaradi lažnih alelov smo postavili dodaten pogoj, da moramo vsak alel videti najmanj dvakrat. Če se je genotip vzorca skladal z genotipom že znanega, zanesljivo genotipiziranega vzorca, smo genotip sprejeli, čeprav zanesljivost njegove genotipizacije še ni ustrezala navedenim kriterijem, ker je verjetnost, da bi bila dva vzorca enaka zaradi napak v genotipizaciji, praktično nična.

1.3. ANALIZA PODATKOV

Populacijsko – genetske metode in ocenjevani parametri

Genski polimorfizem smo za populacijo ocenili na 22 mikrosatelitskih lokusih s številom alelov na posameznem lokusu (A) ter opaženo (H_o) in pričakovano (H_e) heterozigotnostjo. Preverili smo, ali so lokusi v Hardy Weinbergovem ravnovesju, ali se dedujejo neodvisno drug od drugega in izračunali Garza Williamsonov indeks.

Shranjevanje in obdelava rezultatov genotipizacije

Zaradi ogromnih količin podatkov smo sprogramirali aplikacijo za urejanje in shranjevanje podatkov genotipizacije. Program omogoča vpis vseh podatkov o vzorcih in avtomatsko uvažanje rezultatov genotipizacije iz programa GeneMapper. Omogoča tudi izračun osnovnih populacijsko genetskih parametrov in primerjanje genotipov različnih vzorcev oz. iskanje enakih genotipov ter neposredno izdelavo vhodnih datotek za program MARK.

Modeliranje lova, označevanja in ponovnega ulova

Število medvedov v posameznem vzorčenju smo ocenjevali z metodami ulova, označevanja in ponovnega ulova (Capture-Mark-Recapture, CMR). CMR modeliranje smo opravili v programu MARK. Pripravo podatkov in procesorsko bolj zahtevne analize smo naredili v statističnem programskem paketu R. Uporabljali smo modele za zaprte in za odprte populacije. Demografsko zaprtost smo poskušali doseči s časovno omejenim vzorčenjem. Predpostavko o zaprtosti populacije smo testirali s Pradelovim modelom. Če se je populacija obnašala kot zaprta, smo uporabili Hugginsov model za zaprte populacije, pri predpostavki odprtosti populacije pa smo uporabljali Schwartz-Arnasenovo parametrizacijo JS modela..

Hipotezo o enakomerni ulovljivosti smo testirali z modulom Capture v programu Mark. Rezultate Hugginsovega modela smo primerjali z rezultati M_h Chao, ki predvideva heterogenost ulovljivosti in je precej robusten na kršitve predpostavk. Če se rezultata nista znatno razlikovala, smo uporabili Hugginsov model, ki bolje uporablja podatke in je statistično močnejši.

Za uporabo modela je nujno, da je model primeren za analizo podatkov, kar zagotovimo z »goodness of fit« testih. Modele za zaprto populacijo smo testirali z median c-hat metodo v programu Mark. Za odprte modele smo testirali Cormack-Jolly-Seberjevo komponento verjetja po bootstrap in median c-hat metodah, prav tako v programu Mark.

Korekcija učinka roba in izračun trenutne populacije

Čeprav je območje vzorčenja razmeroma veliko, ima vseeno dolgo mejo s Hrvaško, ki je za medvede popolnoma odprta. Zaradi tega je prisoten učinek roba, ker živali med vzorčenjem vstopajo na območje vzorčenja in iz njega izstopajo. Tako s CMR modeli pravzaprav ocenimo velikost superpopulacije, torej populacije živali, ki tekom vzorčenja prehajajo na območje, na katerem bi lahko dobili njihov vzorec.

Dodaten problem je, ker osebk, ki so bližje odprti meji območja, niso ves čas prisotni v območju, kar manjša verjetnost, da bodo zajete v vzorčenje (ulovljivost) in povzroča razliko v ulovljivosti med posameznimi osebki – individualno heterogenost ulovljivosti.

Pri vzorčenju smo beležili tudi lokacije neinvazivnih vzorcev, kar nam da informacije o gibanju živali znotraj vzorčnega območja in časovnega okvira vzorčenja. Če je razmerje med premiki živali in velikostjo območja dovolj veliko in če takšnih premikov zabeležimo dovolj, lahko predpostavimo, da gibanje živali znotraj

vzorčnega območja dobro opiše gibanje živali nasploh. To smo uporabili za oceno migracij iz in v območje v času vzorčenja in za modeliranje individualne ulovljivosti osebkov glede na oddaljenost njihovih vzorcev od roba območja vzorčenja.

1.4. REZULTATI

1.4.1. NEINVAZIVNO VZORČENJE 2007

Neinvazivno vzorčenje je bil ključen in najverjetneje najbolj tvegan del raziskave, zato smo načrtovanju, pripravi in organizaciji vzorčenja posvetili veliko pozornost. Vzorčenje smo načrtovali po celotnem območju stalne prisotnosti medveda v Sloveniji s pomočjo lovcev, gozdarjev in drugih prostovoljcev. Stopili smo v stik z Lovsko zvezo Slovenije in Zavodom za gozdove Slovenije. Oboji so izrazili pripravljenost za sodelovanje.

Načrt in organizacija vzorčenja

Z računalniškimi simulacijami smo ocenili število vzorcev, ki bi jih potrebovali za dobro oceno številčnosti medvedov, in število vzorcev, ki jih lahko v vsakem lovišču pričakujemo. Da bi zagotovili homogen napor vzorčenja po celotnem območju, je bila količina materiala, posredovana vsakemu lovišču, odvisna od površine gozda v lovišču in ne od števila pričakovanih vzorcev.

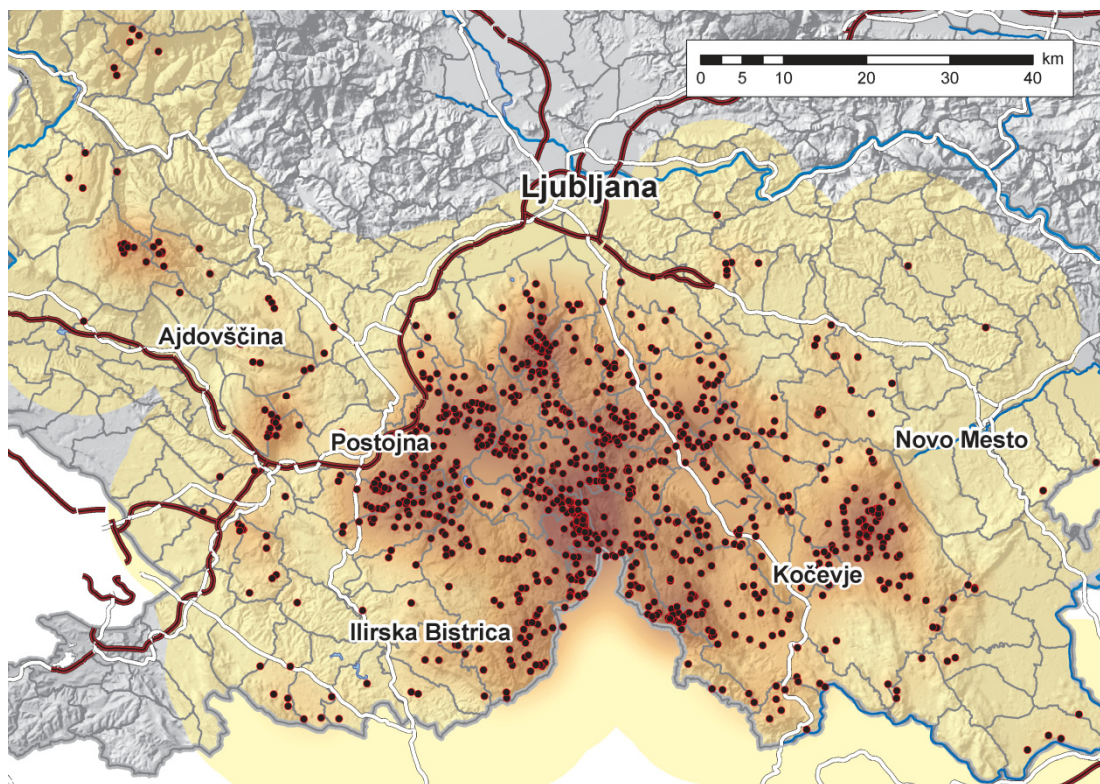
Za vsakega sodelujočega smo pripravili paket s tremi posodicami za odvzem vzorca, brošuro in grafitni svinčnikom. Paket je dovolj priročen, da gre enostavno v torbo, nahrbtnik ali večji žep. Vsako posodico smo sledili s pomočjo črtne kode.

Že na začetku poletja 2007 smo začeli z promocijsko kampanjo, da bi pritegnili čim večje število sodelujočih. Objavili smo tri članke v reviji Lovec, postavili spletno stran www.medvedi.si in imeli deset sestankov po zvezah lovskih družin in loviščih s posebnim namenom. Na sestankih smo tudi razdelili material za vzorčenje.

Vzorčenje in rezultati vzorčenja

Vzorčenje je trajalo od 7. septembra do 30. novembra 2007. V vzorčenju je sodelovalo 105 lovskih družin, šest območnih enot Zavoda za gozdove Slovenije in štiri lovišča s posebnim namenom. Na teren smo skupaj razdelili 5613 unikatno, s črtno kodo označenih posodic za vzorce. Odziv sodelujočih je bil zelo dober. Nekoliko je število najdenih vzorcev zmanjšan izjemno obilen obrod bukve, hrasta in kostanja, kar je najverjetneje povzročilo manjšo gibljivost medvedov in manjši obisk krmišč.

Skupaj je bilo nabranih 1057 neinvazivnih vzorcev medveda v 84 dnevih vzorčenja. Subjektivne ocene starosti vzorcev kažejo, da so vzorci zelo sveži – povprečna ocenjena starost vzorca je 2,17 dni ($SD = 1,51$) – kar ima velik vpliv na uspešnost genotipizacije. Po pričakovanjih je najdenih vzorcev več proti osrednjemu delu območja medveda in manj proti robovom.



Slika 1: Lokacije neinvazivnih vzorcev, zbranih v vzorčenju 2007. Vidimo lahko razmeroma homogeno prostorsko razporeditev vzorcev z zgoščitvijo proti osrednjemu delu območja medveda in redkejšimi vzorci proti robovom.

Sklepamo, da je bil napor vzorčenja razmeroma homogen po celotnem območju. Edina izjema je del lovišča LPN Medved in del lovišča LPN Snežnik Kočevska Reka, kjer najverjetneje vzorcev niso nabirali, zato so ta območja ostala nepovzorčena.

1.4.2. REZULTATI LABORATORIJSKIH ANALIZ

Laboratorijski del raziskave je bil po času in količini dela najbolj obsežen in je trajal od oktobra 2007 do septembra 2008.

Neinvazivni vzorci

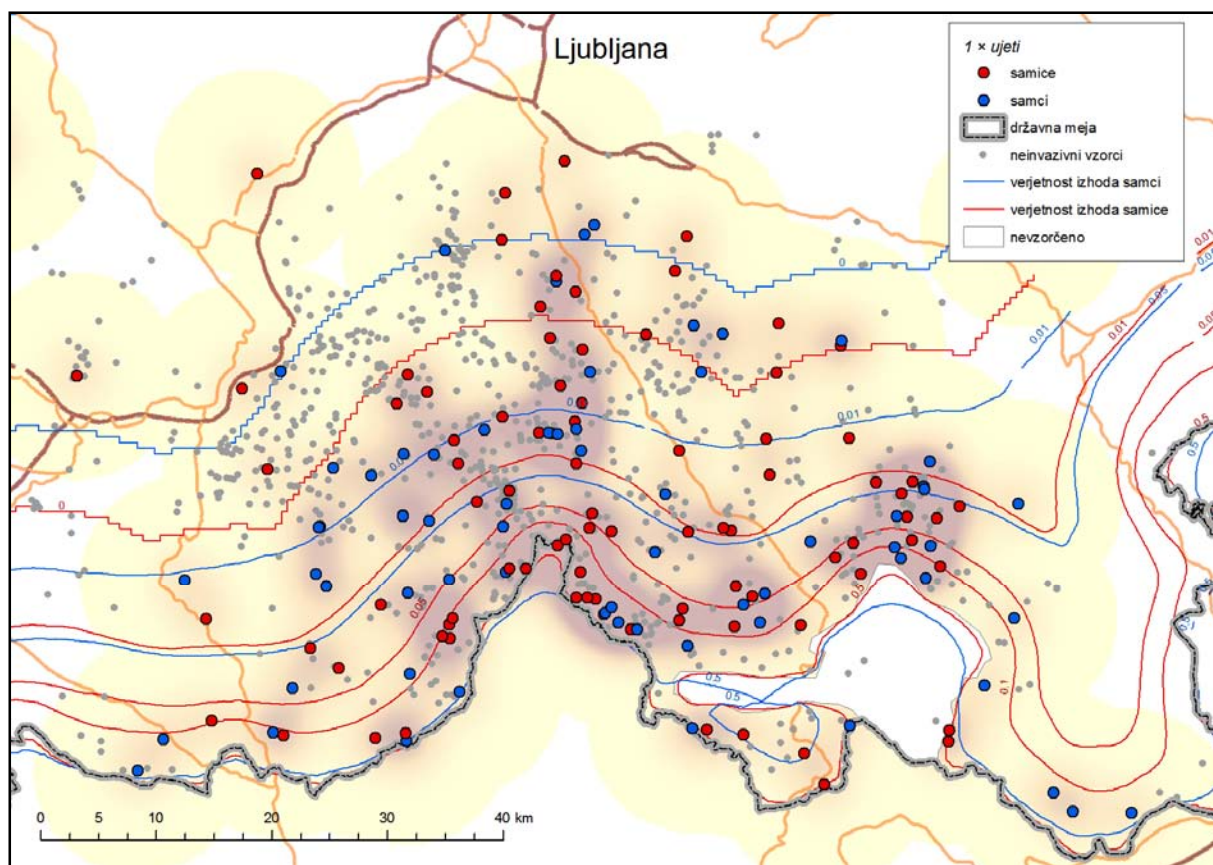
Uspešnost amplifikacije je kritična za uspeh študije – če je visoka, dobimo za isti napor in stroške več koristnih podatkov. Od 1057 zbranih neinvazivnih vzorcev smo jih 931 (88%) uspešno genotipizirali, kar je zelo dober rezultat.

Tktivni vzorci - uspešnost amplifikacije, ocena napak

Na 22 polimorfni mikrosatelitskih lokusih in na Y spolni kromosom vezan SRY lokus smo genotipizirali 487 tkivnih vzorcev medvedov. Za 17 vzorcev (3,4%) nismo uspeli pridobiti popolnega genotipa. Ocenili smo skupno napako genotipov na podlagi ponovitev analiz (v povprečju smo ponovili 53,8% vzorcev). Napaka je bila nizka in pri 1,6% vzorcev lahko pričakujemo napako na enem izmed 22 lokusov. Verjetnost napake na dveh lokusih je zanemarljiva. Celoten delež napak v vseh podatkih je 0,07%, kar je sprejemljivo.

Pregled razporeditve genotipov

V neinvazivnih vzorcih smo v vzočenju 2007 dobili 342 različnih genotipov. Še 12 genotipov, ki jih nismo srečali v neinvazivnih vzorcih, smo našli v tkivnih vzorcih medvedov, ki so poginili ali bili odstreljeni v času vzorčenja (N=26). Tako smo v vzorčenju našli skupaj 354 različnih medvedov, 159 (45%) samcev in 195 (55%) samic. V povprečju smo vsakega medveda ujeli 2,7 krat. Največ smo istega medveda ujeli 38 krat, 130 medvedov pa smo ujeli samo enkrat.



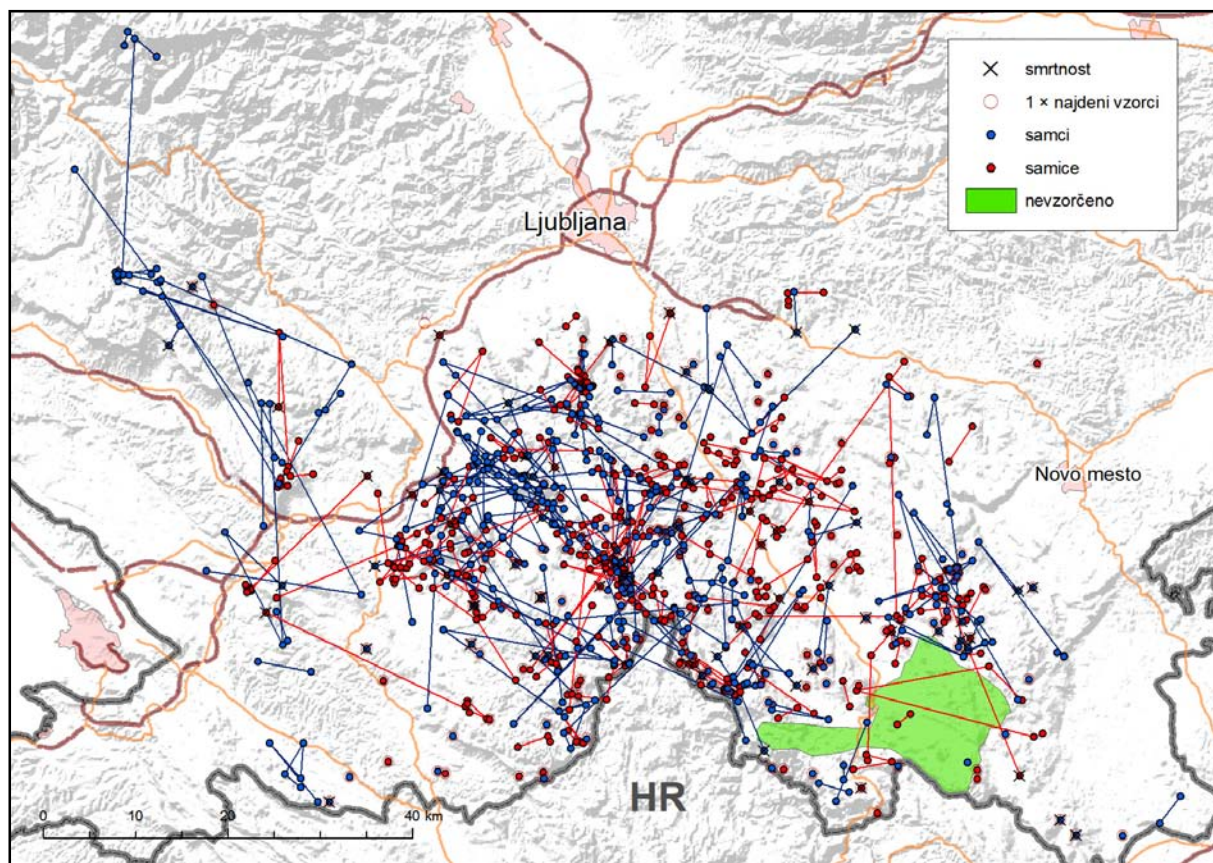
Error! Reference source not found.: Razporeditev 1x ujetih živali. V ozadju je prostorska gostota 1x ujetih živali (kernelska metoda). Jasno se vidi gradient od meje s Hrvaško in od meje območja, ki ni bilo vzorčeno. Črte (izoprobe) kažejo ocenjeno verjetnost, da bo osebek zapustil območje vzorčenja. Zaradi različnih vzorcev gibanja se te ocene za samce in samice razlikujejo.

Število in razporeditev enkrat ulovljenih medvedov je dober indikator intenzivnosti vzorčenja (**Error! Reference source not found.**). Pregled enkrat ulovljenih medvedov je pokazal, da je teh več ob hrvaški meji in ob nevezorčenem območju na Kočevskem, kar pomeni, da je v tem območju ulovljivost medvedov gotovo nižja. To je pričakovano, saj se z bližino roba območja večja verjetnost, da bo žival med vzorčenjem zapustila območje, na katerem lahko najdemo njen vzorec. Po drugi strani je v območju daleč od meje, zlasti na območju Menišije in severozahodnega dela Javornikov, malo enkrat ujetih živali, kar kaže na visoko intenzivnost vzorčenja na tem območju in majhen vpliv medvedov izven območja vzorčenja.

Časovni pregled podatkov (stran **Error! Bookmark not defined.**) kaže, da se je intenzivnost vzorčenja spreminjala. Največja je bila ob začetku vzorčenja in je nato padala. Naslednji dvig intenzivnosti lahko opazimo po osmih tednih, ko smo opravili drugi obisk sodelujočih ZLD.

Analiza premikanja osebkov

Modeliranje ulova-ponovnega ulova nam da število živali v superpopulaciji našega vzorčenega območja, torej število živali, ki so se v času vzorčenja gibale skozi območje. Vendar pa niso vse te živali čisto »slovenske«, saj imajo nekatere velik del svojega življenjskega prostora tudi na Hrvaškem in v določenem trenutku niso vse pri nas. Tu nam priskoči na pomoč poznavanje premikanja medvedov, s pomočjo katerega lahko ocenimo delež živali, ki si jih delimo s Hrvati. Tako lahko iz ocene superpopulacije dobimo oceno velikosti trenutne populacije.



Slika 13: Gibanje živali, zajetih v neinvazivno vzorčenje medvedov 2007. Črte povezujejo vzorce istega osebk.

Videti je, da se živali obnašajo filopatrično in da jih velika večina ostaja znotraj svojih domačih okolišev v časovnem oknu vzorčenja (3 mesece). Rezultati pa niso nujno tipični, ker je bila jesen 2007 izjemno bogata z gozdnimi plodovi in medvedom ni bilo potrebno delati dolgih premikov, da bi prišli do virov hrane. V drugačnih prehranskih razmerah se lahko ti vzorci gibanja spremenijo. Opazili smo tudi znatno razliko med vzorci gibanja samcev in samic, kjer so premiki samcev (mediana razdalj med lokacijami iste živali 5500 m) znatno daljši kot premiki samic (mediana 2000 m).

Testiranje CMR modelov na območju, za katerega predvidevamo popolno zaprtost populacije

Zaradi velikega območja vzorčenja smo lahko uporabljane korekcije ulovljivosti osebkov in učinka roba testirali na manjšem območju, kjer predpostavka o demografski zaprtosti populacije ni mogla biti znatno kršena. Rezultati dajejo podporo uporabi metod za celotno območje vzorčenja. Več na strani **Error! Bookmark not defined..**

Izdelava CMR modelov in ocena velikosti populacije po habitatnih krpah

Ena izmed ključnih predpostavk za korekcijo superpopulacije je enakomerna gostota živali na celotnem območju superpopulacije (glej stran **Error! Bookmark not defined.**). Zaradi tega smo območje razdelili na manjša, čim bolj homogena območja – habitatne krpe glede na povezanost prostora in čim manjše število opaženih prehodov živali med habitatnimi krpami. Za vsako izmed območij smo po Hugginsovem modelu ocenili velikost superpopulacije, delež migrantov iz in v habitatno krpo in trenutno velikost populacije.

Modeliranje ulova-označevanja-ponovnega ulova medvedov za celotno območje prisotnosti medveda v Sloveniji

Za oceno številčnosti na celotnem območju vzorčenja smo uporabili Hugginsov model za zaprto populacijo. Odlovne intervale smo optimirali z markovskimi verigami, da smo imeli visoko ulovljivost ob čim manjši izgubi podatkov. Smrtnost smo modelirali kot izgubo ob odlovu. Kot individualne kovariante smo modelirali verjetnosti, da bo posamezna žival med vzorčenjem zapuščala območje. Zaprtost populacije smo testirali s Pradelovim modelom (parametrizacija s prirastkom in preživetjem), skladnost modela (goodness of fit) pa z median $c\text{-hat}$ metodo. Oba testa sta pokazala, da je model uporaben za naše podatke (navidežno preživetje = 0,994 in imigracija = 0,006; $c^{\wedge} = 1,352$; $SE(c^{\wedge}) = 0,022$).

V programu Mark smo izdelali niz dvanajstih modelov glede na poznavanje ozadja problema. Relativno podporo vsakega izmed modelov v podatkih smo preverili z Akaikovim informacijskim kriterijem (AICc). Za izračun končnih parametrov in ocen številčnosti smo povprečili rezultate posameznih modelov s pomočjo Akaikovih uteži. Oceno števila medvedov na območju, na katerem ni bilo vzorčenja, smo ekstrapolirali iz ocene populacijske gostote za habitatno krpo Suha krajina – Rog in prišteli celotni oceni.

Zaradi različnih populacijskih gostot medvedov smo za vsako habitatno krpo ocenili razliko med trenutno populacijo in superpopulacijo, potem pa glede na ocenjeno populacijsko gostoto v vsaki habitatni krpi izračunali uteži za korekcijo efekta roba za celotno populacijo.

Metodologija, uporabljena za končno oceno za celotno območje vzorčenja, je podrobneje predstavljena na straneh **Error! Bookmark not defined.** do **Error! Bookmark not defined.**

1.5. KONČNA OCENA ŠTEVILČNOSTI MEDVEDOV V SLOVENIJI ZA VZORČENJE SEPTEMBER – DECEMBER 2007

Končne ocene številčnosti medvedov so povzete v **Error! Reference source not found.** Kot superpopulacija je mišljeno število vseh živali, ki so se med vzorčenjem gibale skozi območje medveda v Sloveniji. Kot trenutna populacija je mišljeno število živali, ki bi ga v posameznem trenutku lahko pričakovali v Sloveniji. Za ta parameter smo podali dve oceni: ob začetku vzorčenja, kar je dejanska ocena modeliranja, in ob koncu vzorčenja, kjer je odšteta zabeležena smrtnost medvedov v času vzorčenja. Do konca leta 2007 je v povozu vlaka poginil še en medved, ki ga v to oceno nismo šteli.

Tabela 12: Struktura ocene številčnosti medvedov in končna ocena številčnosti medvedov v Sloveniji ob začetku in koncu neinvazivnega vzorčenja jeseni 2007. N[^] v tabeli pomeni ocenjena številčnost.

	samice	samci	skupaj
Skupno število najdenih genotipov	195	159	354
N [^] superpopulacije vzorčenega območja	250.8	213.4	464.2
95% interval zaupanja	228 - 247	190 - 237	431 - 497
Standardna napaka	11.88	11.79	16.74
N [^] nevzorčeno območje*	10.7	8.8	19.5
95% interval zaupanja	8.7 - 12.8	7.4 - 10.2	17 - 22
Standardna napaka	1.0	0.7	1.3
N [^] superpopulacija + nevzorčeno območje	261.5	222.2	483.7
95% interval zaupanja	238 - 285	199 - 245	451 - 497
Standardna napaka	11.93	11.81	16.78
N [^] imigrantov	9.1	14.6	23.6
95% interval zaupanja	8 - 10	13 - 16	22 - 25
Standardna napaka	0.41	0.77	0.88
N[^] trenutne populacije ob začetku vzorčenja	252	208	460
95% interval zaupanja	229 - 276	184 - 231	427 - 493
Standardna napaka	11.94	11.83	16.81
Smrtnost medvedov v času vzorčenja	9	17	26
N[^] trenutne populacije ob koncu vzorčenja	243	191	434
95% interval zaupanja	225 - 271	176 - 220	394 - 475
Ocenjen delež migrantov v superpopulaciji	6,9%	13,1%	9,8%
Ocenjeno število migrirajočih osebkov	18	29	47

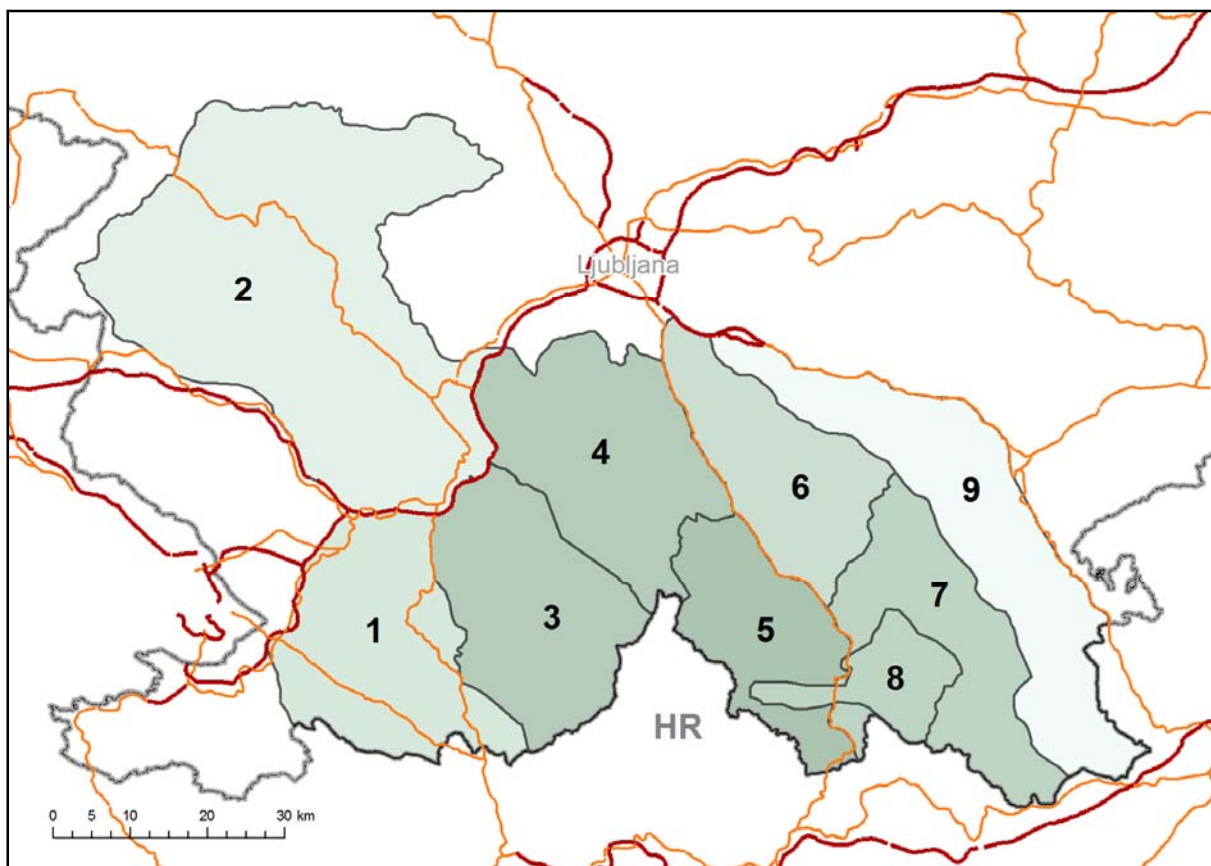
*ocenjen je del živali, ki niso zajete v superpopulacijo vzorčenega območja

Pri interpretaciji ocen je potrebno upoštevati obdobje, za katerega so narejene – konec leta 2007. Pomladi 2008 je prišla v populacijo nova kohorta mladičev, zato je bilo skupno število medvedov ustrezno večje. Tudi delež in pričakovano število migrantov sta ocenjena za trimesečno obdobje vzorčenja. To moramo interpretirati kot minimum – v daljšem časovnem obdobju je ta delež večji.

Dobljene ocene se dobro skladajo z drugimi podatki o medvedih. Ker vemo, da je bilo v vzorčenju opaženih 354 različnih živali, smo lahko popolnoma prepričani, da je bilo v superpopulaciji vsaj toliko medvedov. Po drugi strani pa smo v povprečju vsakega medveda ujeli 2,7 krat, kar pomeni, da se jih gotovo prav veliko ni moglo popolnoma izmuzniti vzorčenju. Po isti logiki mora biti ustrezen delež živali v populaciji označenih, kar lahko preverimo z genotipizacijo tkiv medvedov, umrlih po vzorčenju. Od 6. decembra 2007 do 20. maja

2008 smo prejeli 51 vzorcev tkiv odstreljenih ali poginulih medvedov in jih vključili v analizo. Od tega so štirje mladiči iz 2008, ki jih v vzorčenju 2007 še ni bilo, najmanj pet nepoznanih medvedov lahko pričakujemo zaradi migracije iz Hrvaške, 29 od preostalih 42 medvedov (69%) pa smo poznali iz nenvazivnega vzorčenja. Ob koncu vzorčenja je bilo v populaciji 328 označenih živali, kar je 76% ocenjene (preostale) populacije in se dobro sklada z deležem označenih živali v odstrelu.

Čeprav so ocene po posameznih habitatnih krpah manj zanesljive kot ocena za celotno območje, nam dajo vseeno koristne podatke o razporeditvi in gostotah medvedov v času vzorčenja. Kvalitete ocen se precej razlikujejo glede na intenzivnost vzorčenja in demografsko zaprtost/odprtost vsake habitatne krpe v območje, kjer ni bilo vzorčenja. Pri močno demografsko odprtih habitatnih krpah, kot je na primer območje Velika gora – Goteniška gora, temelji velik del ocene na korekcijah zaradi gibanja živali, zato so ocene standardnih napak in posledično intervala zaupanja manj nezanesljive.



Slika 2: Delitev območja vzorčenja na habitatne krpe. Območja z višjo ocenjeno gostoto medvedov so obarvana temneje. Številke se navezujejo na Error! Reference source not found. in Error! Reference source not found..

Tabela 1: Pregled števila najdenih genotipov, ocen superpopulacije (N^{SP}) in ocen trenutne populacije (N^{t_0}) po habitatnih krpah z oceno standardne napake vsakega parametra. Ocene števila in ocene napak za nevzorčeno območje so ekstrapolirane iz območja »Suha krajina – Rog« in so zato nezanesljive. Številke v prvem stolpcu se navezujejo na karto na Error! Reference source not found..

št.	območje	N genot. samcev	N genot. samic	skupaj N genot.	N^{SP} samice	SE N^{SP} samice	N^{t_0} samice	SE N^{t_0} samice	N^{t_0} samci	SE N^{t_0} samci	N^{SP} samci	SE N^{SP} samci
1	Pivka - Brkini	9	6	15	9,05	2,34	8,03	2,08	11,93	2,41	15,18	3,07
2	Zahodna Slovenija	12	5	17	6,30	0,71	6,28	0,71	14,57	0,95	14,72	0,96
3	Javorniki - Snežnik	35	42	77	49,24	4,01	44,12	3,59	39,54	4,14	49,10	5,14
4	Menišija - Racna g.	41	58	99	63,70	2,28	58,01	2,08	36,76	0,96	44,10	1,15
5	Velika - Goteniška g.	39	39	78	50,27	6,28	41,33	5,16	37,73	3,74	52,72	5,23
6	Suha k. - Dobropolje	18	29	47	33,82	2,54	29,08	2,18	16,47	1,18	21,85	1,57
7	Suha k. - Rog	25	26	51	35,07	5,17	28,49	4,20	23,93	3,02	33,86	4,27
8	nevzorčeno	-	-		14,65	2,16	10,98	1,05	9,23	0,70	14,30	1,80
9	Dolenjska vzhod	5	5	10	5,52	0,93	4,81	0,81	5,65	0,59	7,42	0,78

Tabela 2: Ocene populacije medvedov in gostot po habitatnih krpah. Gostote so ocenjene kot število osebkov na 10.000 hektarjev (100 km²). Površine so podane v hektarjih. Ocene števila in ocene napak za nevzorčeno območje so ekstrapolirane iz območja »Suha krajina – Rog« in so zato nezanesljive. Ocene veljajo za obdobje vzorčenja med septembrom in decembrom 2007 in ni nujno, da opažene razporeditve odražajo stanje v drugih letnih časih in drugih letih. Številke v prvem stolpcu se navezujejo na karto na Error! Reference source not found..

št.	območje	ocena št. (95% CI)	samci/ samice	skupna gostota	gostota naravne p.	celotna površina	naravne površine	zanesljivost ocene
1	Pivka - Brkini	20 (12-28)	60% 40%	3,1	4,6	65106	43088	sprejemljiva
2	Zahodna Slovenija	21 (19-23)	70% 30%	1,2	1,5	173504	134809	zelo dobra
3	Javorniki - Snežnik	84 (71-96)	47% 53%	13,6	15,1	61482	55372	dobra
4	Menišija - Racna g.	95 (90-100)	39% 61%	14,0	18,9	67490	50132	zelo dobra
5	Velika - Goteniška g.	79 (63-95)	48% 52%	19,4	23,0	40828	34367	slaba
6	Suha k. - Dobropolje	46 (40-51)	36% 64%	9,5	13,2	48077	34607	dobra
7	Suha k. - Rog	52 (39-66)	46% 54%	10,3	12,1	51026	43429	slaba
8	nevzorčeno	20 (15-26)	46% 54%	10,8	12,1	18647	16747	zelo slaba
9	Dolenjska vzhod	10 (8-13)	54% 46%	1,4	2,2	75963	46829	dobra

Pri interpretaciji absolutnih števil je potrebna previdnost, nedvomno pa rezultati dobro odražajo relativna razmerja gostot medvedov v posameznih habitatnih krpah. Pri tem moramo še enkrat posebej poudariti, da so te ocene specifične za jesen 2007, ki je bila zaradi izjemnega obilja naravne hrane v gozdu gotovo odstopanje od celoletnega, pa tudi dolgoletnega sezonskega povprečja. Ta razporeditev medvedov v prostoru je verjetno posledica razporeditve virov hrane, v tem primeru zlasti obroda bukve, in ne odraža razporeditve v daljšem časovnem obdobju.

Na splošno menimo, da celotna ocena številčnosti medveda dobro odraža stanje v območju vzorčenja in je kot taka uporabna tako za upravljanje kot za modeliranje populacijske dinamike. Veliko število označenih osebkov v populaciji bo še vrsto let omogočalo sledenje populacijske dinamike. Ker pa so populacije prostoživečih živali dinamične, bi bilo smiselno oceno po tej metodologiji še kdaj ponoviti in morda razmišljati tudi o vzpostavitvi trajnega monitoringa s pomočjo neinvazivnih genetskih metod in modeliranja ulova-ponovnega ulova.

1.6. GENETSKA PESTROST RJAVEGA MEDVEDA V SLOVENIJI - REZULTATI

Na 22 polimorfnih mikrosatelitskih lokusih in na Y spolni kromosom vezan SRY lokus smo genotipizirali 487 tkivnih vzorcev medvedov. Za 17 vzorcev (3,4%) nismo uspeli pridobiti popolnega genotipa.

Uporabljeni markerji so se pri severozahodni dinarski populaciji medvedov izkazali kot polimorfni. Število alelov na lokus je podobno številu alelov, ki so jih našli v raziskavah skandinavske, severno ameriških in cirkumpolarnih populacij medvedov.

Na vseh 22 lokusih smo ugotovili razmeroma visoko stopnjo heterozigotnosti ($H_e = 0,73$) in alelske diverzitete ($A = 6,73$) – glej stran **Error! Bookmark not defined.** Za primerjavo z drugimi populacijami medvedov v svetu smo izračunali povprečno H_e in A za 8 lokusov: G1A, G10B, G10C, G10D, G10L, G10M, G10P in G10X. V **Error! Reference source not found.** so podatki za primerjane populacije.

Tabela 3: Alelska diverziteta in heterozigotnost na osmih mikrosatelitskih lokusih nekaterih medvedjih populacij z različnih območij.

Populacija	Št. osebkov v vzorcu	A (SE)	H_e (SE)	Vir
<i>Alaska Range, Alaska</i>	28	-	0,78 (-)	Waits in sod., 2000
<i>Kluane, Yukon</i>	50	7,38 (0,56)	0,76 (0,025)	Paetkau in sod., 1998
<i>Richardson Mountains, NWT</i>	119	7,50 (0,63)	0,76 (0,030)	Paetkau in sod., 1998
<i>Brooks Range, Alaska</i>	148	7,63 (0,50)	0,75 (0,019)	Paetkau in sod., 1998
Slovenija (SZ Dinaridi)	487	7,13 (1,70)	0,74 (0,069)	Naša raziskava, 2008
<i>Skandinavija - NS</i>	108	6,13 (0,84)	0,70 (0,105)	Waits in sod., 2000
<i>Skandinavija - NN</i>	29	5,38 (1,41)	0,69 (0,071)	Waits in sod., 2000
<i>Flathead River, BC/MT</i>	40	6,50 (0,71)	0,69 (0,027)	Paetkau in sod., 1998
<i>Skandinavija - S</i>	156	5,00 (1,07)	0,68 (0,071)	Waits in sod., 2000
<i>Kuskokwim Range, Alaska</i>	55	6,13 (0,44)	0,68 (0,026)	Paetkau in sod., 1998
<i>Skandinavija - M</i>	88	5,50 (1,20)	0,67 (0,052)	Waits in sod., 2000
<i>East Slope, Alberta</i>	45	7,00 (0,82)	0,67 (0,062)	Paetkau in sod., 1998
<i>West Slope, Alberta</i>	41	6,38 (0,56)	0,68 (0,036)	Paetkau in sod., 1998
<i>Admiralty Island, Alaska</i>	30	-	0,63 (-)	Waits in sod., 2000
<i>Paulatuk Alaska</i>	58	5,75 (0,88)	0,65 (0,065)	Paetkau in sod., 1998
<i>Coppermine, NWT</i>	36	5,75 (1,03)	0,61 (0,073)	Paetkau in sod., 1998
<i>Yellowstone, MT/WY</i>	57	4,38 (0,60)	0,55 (0,081)	Paetkau in sod., 1998
<i>Baranof and Chicagof Is, Alaska</i>	35	-	0,49 (-)	Waits in sod., 2000
<i>Kodiak Island, Alaska</i>	34	2,13 (0,35)	0,27 (0,098)	Paetkau in sod., 1998
Črni medvedi				
<i>West Slope</i>	116	9,50 (0,91)	0,81 (0,017)	Paetkau in sod., 1998
<i>Newfoundland I.</i>	33	3,00 (0,33)	0,41 (0,055)	Paetkau in sod., 1998

Razlog za visoko gensko diverziteto slovenske populacije je smiselno iskati v povezavi s preostalim večjim delom populacije. Za potrditev tovrstne domnev bi morali primerjati skupine osebkov iz različnih delov Dinaridov, kar bi bilo v prihodnje tudi smiselno storiti.

Garza Williamsonovi indeksi v povprečju kažejo izgubo 30% alelov na lokusih nakazujejo prehod ozkega grla. Verjetno ga je populacija preživela konec 19. in v začetku 20. stoletja.

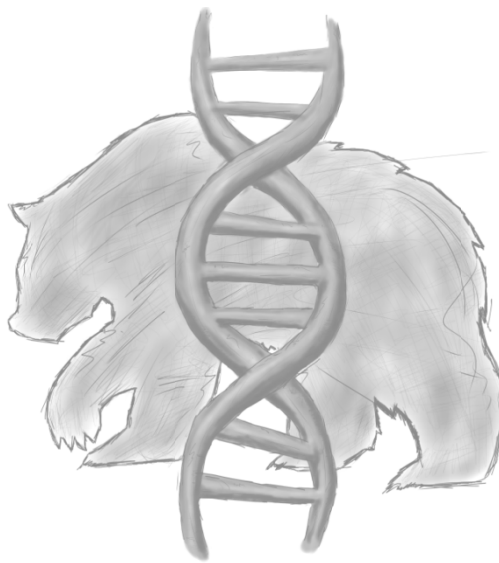
Glede na podobnost povprečne H_o in H_e lahko rečemo, da se osebki v populaciji z genetskega vidika parijo približno naključno.

Zanimive rezultate smo dobili pri testu vezavnega neravnovesja med pari lokusov. Vsak lokus je v povprečju v vezavnem neravnovesju z 18,1 lokusom (kar je 86,1%). Zdi se verjetno, da je kljub trenutno številčni populaciji za vezavno neravnovesje kriv učinek ustanovitelja (Founder effect) ali ozko grlo v prejšnjih generacijah.

Za nadaljnje analize dinarske populacije medvedov bi bilo smiselno pridobiti informacije o genetski pestrosti medvedov z drugih delov dinarskega gorstva. Tako bi lahko ugotavljali ali prihaja do diferenciacije populacije z razdaljo. S pridobitvijo starosti iz narave odvzetih osebkov bo mogoče oceniti efektivno velikost populacije in preučiti sorodnost med osebki ter disperzijo mladih osebkov.

PREHRANA MEDVEDA

POVZETEK ZA UPORABNIKE



2. POVZETEK ZA UPORABNIKE

Rjavi medved je krovna vrsta naših gozdov, s čimer ima pomembno mesto ne samo v ekoloških, temveč tudi v naravovarstvenih pogledih. Z varstvom medvedovega življenjskega prostora varujemo tudi življenjske prostore velikega števila drugih vrst. Najbolj pogost življenjski prostor rjavega medveda so vsi tipi gozdov, in sicer tako v nižinah kot tudi v gorah. Pomemben prehranjevalni habitat predstavljajo tudi razne presvetlitve znotraj gozda in druge travnate površine nad in pod gozdno mejo. Čeprav spada med zveri, pridobi rjavi medved do 95% prehranskih potreb z uživanjem rastlinske hrane (Danilov, 1983; Gilbert, 1992; Grosse s sod., 2000; Mattson s sod., 1991; Servheen, 1983, Welch, 1997). Zaradi pogostega prehranjevanja z rastlinsko hrano lahko pri medvedu opazimo nekatere značilnosti, ki so se razvile kot prilagoditve na takšen način prehrane. To je na primer zelo izrazito pri zobovju, ki se precej razlikuje od večine ostalih predstavnikov zveri. Kljub nekaterim morfološkim prilagoditvam pa ima rjavi medved relativno preprost prebavni trakt, tako da gre velik del rastlinske hrane skozenj slabo prebavljen. Zaradi tega mora medved zaužiti velike količine hrane. S tem je povezana tudi medvedova vloga pri raznašanju rastlinskih semen. Nepopolna razgradnja hrane zagotavlja semenom, da preidejo skozi medvedov prebavni trakt nepoškodovana, zaradi velikih dnevnih premikov pa poteka prenos semen na precej velike razdalje.

Medvedi v Sloveniji živijo v predelih, ki so relativno gosto posejani s človekovo poselitvijo. Ker se lahko medvedi v velikim meri prilagodijo spremembam v okolju, je potrebno spremembe v njihovem obnašanju in rabi prostora ovrednotiti ter temu primerno prilagoditi upravljanje s populacijo. V tem kontekstu je ključno dobro poznavanje prehranjevalnega vedenja, saj dobršen del aktivnosti medveda obsega iskanje hrane in hranjenje. Zaradi svoje velike velikosti potrebuje dnevno velike količine hrane. Občasno hrano išče tudi v bližini človeških naselij, kar lahko privede do konfliktov s človekom. Poleg povečevanja strahu med lokalnim prebivalstvom in potencialnega ogrožanja ljudi, lahko ti konflikti posredno predstavljajo tudi grožnjo obstoju medveda ali pa vsaj v veliki meri otežujejo njegovo varovanje. Zaradi tega je za učinkovito upravljanje z medvedom ključno poznavanje njegovih osnovnih ekoloških in vedenjskih značilnosti medveda, med njimi pa še posebej tistih povezanih s prehranjevanjem (Naves in sod., 2006). Namen pričujoče študije je bil določiti prehrano rjavega medveda v Sloveniji na podlagi pregleda vsebine prebavnih traktov. Cilj je bil ovrednotiti prehrano tako kvalitativno kot kvantitativno in s tem opredeliti najpomembnejše prehranske vire za medveda v okolju in dobiti vpogled v širino spektra prehranskih virov. Večino vzorcev smo dobili iz Notranjskega in Kočevsko-belokranjskega lovsko upravljaljskega območja, ki obsega severni del Dinarskega gorstva. Zaradi različne ponudbe hrane v različnih območjih Slovenije, so zato rezultati te študije primerni predvsem za ugotavljanje prehrane medvedov na območju Dinaridov.

Za analizo vsebine prebavil smo izolirali želodce in čreva odvzetih medvedov. Ločeno smo izprali vsebino želodca in vsebino črevesa pri vsakem osebku. Ostanke hrane smo preiskali makroskopsko, po potrebi smo opravili tudi mikroskopsko identifikacijo. Sistematsko razvrščanje ostankov hrane, predvsem rastlinskega materiala, smo izvedli do nivoja, kjer smo določen fragment tkiva še z gotovostjo uvrstili v določen takson. Po končani kvalitativni analizi vsebine, smo le-to pripravili tudi za kvantitativno analizo in količino posameznih vsebin izrazili s suho težo. Ostanke živalskega izvora smo večinoma določevali s pomočjo primerjalnega materiala in določevalnih ključev. Zaradi lažje primerjave med posameznimi skupinami medvedov in med posameznimi sezonami smo ostanke hrane, ki smo jih našli v prebavilih medvedov, združili v posamezne kategorije hrane. Frekvence posameznih prehranskih tipov smo določili na podlagi prisotnosti ali odsotnosti določenega tipa hrane v prebavilih, ne glede na količino zaužite hrane. V splošnem frekvenca pojavljanja kaže na to, kako redno se medvedi prehranjujejo z določenim tipom hrane, delež zaužite biomase pa predstavlja kvantitativno mero količine zaužite hrane določenega tipa. Za primerjavo prehrane v različnih sezonah smo vzorce dobljene v decembru, januarju in februarju smo uvrstili v zimsko

sezono, odvzeme v marcu, aprilu in maju v pomladno sezono, mesece junij, julij in avgust v poletno sezono, september, oktober in november pa v jesensko sezono.

Za primerjavo prehrane različno starih medvedov smo jih razdelili v 3 skupine, in sicer:

- mladiči – medvedi do dopolnjenega 2. leta starosti (večinoma medvedi, ki še živijo skupaj z materjo)
- odraščajoči medvedi – medvedi med dopolnjenim 2. letom in dopolnjenim 3. letom starosti (večinoma spolno nezreli medvedi, ki so že zapustili mater)
- odrasli medved – medvedi v 4. letu starosti in starejši (večinoma spolno zreli osebk)

Analizirali smo prebavila 128 medvedov odvzetih iz narave v Sloveniji, in sicer 15 iz leta 2006, 63 iz leta 2007 in 50 iz leta 2008. Poleg analize prehrane smo opravili tudi nekaj biometričnih meritev prebavil in pregledali prebavila za morebitno prisotnost parazitov. Sveža masa vsebine želodcev je tehtala od 35 gramov do 7550 gramov, z mediano 1100 g. Sveža masa vsebine črev je tehtala od 50 do 8700 gramov, z mediano pri 1800 gramih. Najpogostejša kombinacija zaužite prehrane so bile enokaličnice, dvokaličnice in koruza. Prebavila 7 medvedov (6 %) so bila prazna, 17 (14 %) prebavil je vsebovalo en tip hrane, 31 (25 %) dva tipa hrane, v 36 (29 %) prebavilih smo našli tri tipe hrane hkrati, v 21 (17 %) štiri, v 10 (8 %) pet in v enem (1 %) se je hkrati pojavljalo šest različnih tipov hrane. Med dvokaličnicami so se pogosto pojavljale kobulnice (Apiaceae) in nebinovke (Asteraceae). Do vrste smo v redkih primerih lahko določili navadno regačico (*Aegopodium podagraria*). Kategorija »enokaličnice« po našem mnenju v večini primerov vključuje trave (Poaceae), manjkrat šaše (Cyperaceae). V kategoriji »gozdni plodovi« smo med prehrano medveda našli plodove bukve – žir (*Fagus sylvatica*), hrasta – želod (*Quercus* sp.), leske – lešnike (*Corylus avellana*), pravega kostanja (*Castanea sativa*) in breka (*Sorbus torminalis*). Med njimi je prevladoval žir (92 % biomase zaužitih plodov), manj je bilo želoda (7 %), plodov breka, kostanjev in lešnikov pa smo našli v zanemarljivih količinah (< 1 %). Med »sadjem« so z 89 % biomase prevladovala jabolka, ki so jim z 11 % sledile češnje, v zanemarljivih količinah pa smo našli še hruške in slive.

Med ostanki vretenčarjev smo našli tako ostanke domačih kot divjih živali. Pogosteje je šlo za ostanke domačih živali (63 % primerov), redkeje pa za divje živali (33 %). Med domačimi živalmi smo zabeležili ostanke ovce, koze, konja in prašiča. Med divjimi živalmi so z 81 % deležem pojavljanja v prehrani medvedov prevladovali ostanke cervidov (Cervidae), torej jelenjad (*Cervus elaphus*) ali/in srnjad (*Capreolus capreolus*), po enkrat (9 % pojavljanja divjih živali) pa smo našli ostanke belonoge miši (*Apodemus* sp.) in lisice (*Vulpes vulpes*). Kategorijo »nevretenčarji« so v večjem delu predstavljali ostanke mravelj in njihovi bub (97 % biomase nevretenčarjev), v manjši meri pa še deževniki in jajca bogomolk. Skupaj smo v prebavilih medvedov zabeležili 15 vrst mravelj. Najpogosteje sta bili v prebavilih prisotni vrsti *Lasius fuliginosus* in *Lasius mixtus*, vsaka se je pojavila v petih primerih (41 % pregledanih vzorcev z mravljami).

Kategorija »obdelana hrana« vsebuje vse tiste ostanke hrane, ki so jih najverjetneje pripravili. Takšni najdeni ostanke hrane so bili: pekovsko pecivo, napolitanke, zmesi pekovskega peciva in kruha, ekspandiran riž, koruzni kosmiči itd. Ločeno od obdelane hrane smo obravnavali neobdelano »krmo«, med katero je z 99 % biomase prevladovala koruza.

Glede na izvor hrane so se medvedi najbolj redno hranili s hrano rastlinskega izvora, manj pogosto pa s hrano živalskega in antropogenega izvora (tabela 1).

Tabela 4: Frekvenca pojavljanja in delež pojavljanja hrane rastlinskega, živalskega in antropogenega izvora v 128-ih prebavilih medvedov odvzetih v letih od 2006 do 2008 v Sloveniji.

izvor hrane	frekvenca pojavljanja	delež pojavljanja
rastlinski	0,83	0,42
živalski	0,50	0,25
antropogeni	0,63	0,32

Glede na izvor hrane je največji del zaužite suhe biomase predstavljala hrana rastlinskega izvora (47 %) in nekoliko manj hrana antropogenega izvora (40 %). Precej manjši delež predstavlja hrana živalskega izvora (13 %).

Tabela 5: Delež suhe biomase hrane rastlinskega, živalskega in antropogenega izvora v 128-ih prebavilih medvedov odvzetih v letih od 2006 do 2008 v Sloveniji.

izvor hrane	delež biomase
rastlinski	0,47
antropogeni	0,40
živalski	0,13

Največjo biomaso v prebavilih sta zavzemala krma (36 %) in gozdni plodovi (30 %), ki skupaj predstavljata dve tretjini vse zaužite biomase. Sledijo ostanki vretenčarjev (10 %), dvokaličnice (7 %), enokaličnice (7 %), obdelana hrana (4 %), sadje (3 %) in nevretenčarji (3 %).

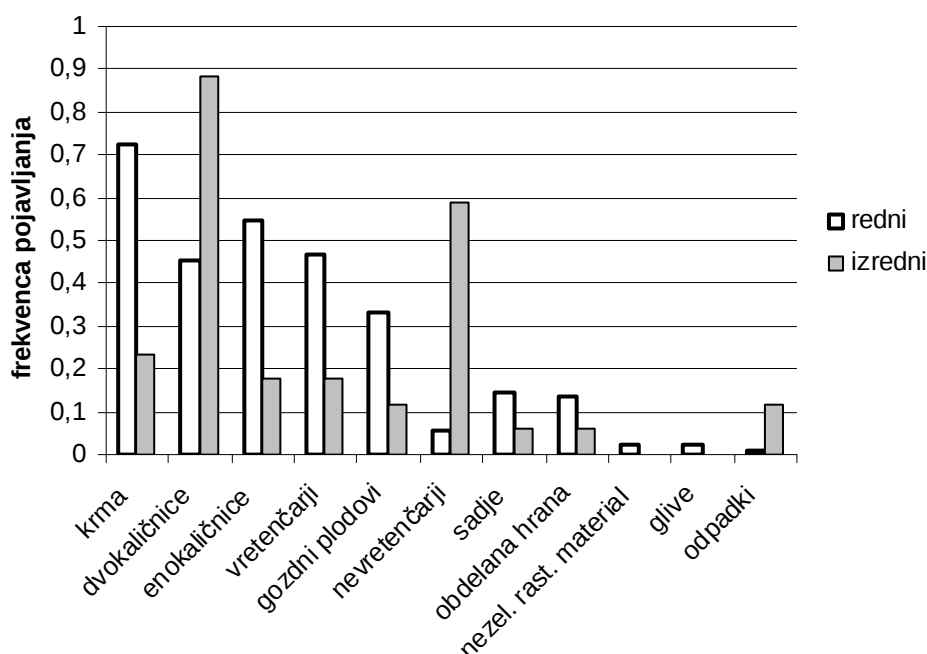
Medtem ko ima hrana rastlinskega izvora bolj ali manj enako frekvenco pojavljanja v vseh sezonah z manjšim viškom v zimskem času, se frekvenci pojavljanja preostalih dveh kategorij hrane precej spreminjata (slika 7). Hrana antropogenega izvora ima precej povečano frekvenco pojavljanja v pomladanskem času, hrana živalskega izvora pa je najpogosteje zastopana poleti in nekoliko manj spomladi. Test homogenosti struktur je pokazal statistično značilno razliko z zelo majhno vrednostjo tveganja za razlike v frekvencah pojavljanja določenih kategorij hrane glede na letni čas ($\chi^2 = 103,2$; $df = 24$; $p < 0,0001$). V primerjavi frekvence in deleža pojavljanja hrane glede na njen izvor nismo opazili večjih razlik med jesenjo 2006 in jesenjo 2007.

Primerjava frekvenc in deleža pojavljanja hrane glede na izvor je pokazal, da so se odvzeti samci pogosteje hranili s hrano antropogenega izvora, samice pa s hrano rastlinskega izvora, medtem ko je bil delež hrane živalskega izvora podoben pri obeh spolih. Primerjava frekvence in deleža pojavljanja hrane glede na izvor ni pokazala večjih razlik pri mladičih, odrasčajočih ter odraslih medvedih. Precejšnje razlike v prehrani odstreljenih in povoženih medvedov smo opazili tudi pri frekvencah pojavljanja ožjih kategorij hrane. Tako je bila na primer pri odstreljenih medvedih precej pogosta krma, ki je nismo našli pri nobenem od povoženih medvedov. Največja razlika v frekvenci in deležu pojavljanja posameznih tipov hrane glede na njen izvor pri

primerjavi medvedov odstreljenih izredno in v okviru rednega odstrela je opazna pri hrani antropogenega izvora, ki smo jo precej pogosteje našli pri redno odstreljenih medvedih

Tabela 6: Frekvenca pojavljanja in delež pojavljanja hrane rastlinskega, živalskega in antropogenega izvora v 65 prebavilih samcev in 59 prebavilih samic rjavih medvedov odvzetih v letih od 2006 do 2008 v Sloveniji.

izvor hrane	frekvenca pojavljanja		delež pojavljanj	
	samci	samice	samci	samice
rastlinski	0,77	0,90	0,39	0,46
živalski	0,52	0,48	0,26	0,25
antropogeni	0,71	0,56	0,35	0,29



Slika 3: Frekvenca pojavljanja posameznih kategorij hrane v 107 prebavilih rjavih medvedov odstreljenih redno (n=90) in izredno (n=17) v letih od 2006 do 2008 v Sloveniji.

Analiza vsebine prebavil pri medvedih odvzetih iz narave v letih 2006, 2007 in 2008 je potrdila omnivorni in oportunistični značaj te vrste ter prehranjevanje s širokim spektrom hrane, ki lahko precej variira med posameznimi časovnimi obdobji in med posameznimi skupinami osebkov znotraj populacije medvedov. Kljub zgoraj omenjenim omejitvam pa so po našem mnenju podatki o vsebini prebavil odvzetih medvedov zelo uporabni za primerjavo relativnega pomena posameznega tipa med različnimi skupinami medvedov znotraj populacije in za primerjavo deležev večine prehranskih tipov. Alternativni vir kalorično bogate hrane v gozdno-kulturno krajini kot je Slovenija predstavljajo tudi gospodinjiski odpadki in razni ostanki hrane, ki jih ljudje namerno ali nenamerno dajejo na razpolago medvedom. Zaradi svojega oportunističnega vedenja pri iskanju hrane se medvedi dokaj hitro prilagodijo na takšen vir hrane, v kolikor jim je dostopen in začnejo redno obiskovati mesta, kjer pričakujejo, da bodo našli to hrano. Zaradi tega lahko človek preko ponudbe

hrane vpliva na gibanje in aktivnost medvedov v prostoru in s tem posredno tudi na verjetnost konfliktov. Pri tem sta pomembna predvsem dva upravljavski ukrepa:

- namerno hranjenje medvedov na krmiščih izven naselij z namenom ohranjanja medvedov stran od bližine človeka
- preprečevanje nenamernega privabljanja medvedov v bližino človeka zaradi odpadkov in drugih antropogenih virov hrane

Do sedaj se je upravljanje z medvedom v Slovenijo osredotočalo predvsem na prvega, medtem ko se je slednjemu posvečalo malo pozornosti in se je posledične konflikte večinoma reševalo z odstrelom medvedov. Izkušnje in trenutno razpoložljivi podatki kažejo, da medvedi redno obiskujejo krmišča, s čimer je olajšano opazovanje (npr. za potrebe monitoringa ali ekoturizma) in tudi odstrel. Kot so pokazale dosedanje raziskave, predstavlja hrana iz krmišč pomemben del v prehrani medvedov v Sloveniji, še posebej v letih, ko ni dostopnih gozdnih plodov, ki služijo kot energetski vir za pripravo na zimsko mirovanje. Na podlagi tega bi lahko sklepali, da so medvedi v Sloveniji prehransko odvisni od tega človeških virov hrane, vendar pa se zdi bolj verjetno, da je to le oportunističen odziv medvedov na razmere v okolju, saj so številne študije pokazale, da lahko medvedi preživijo v naravi tudi brez antropogenih virov hrane v prehransko precej bolj revnih okoljih kot je Slovenija. Poleg tega je v tem kontekstu potrebno upoštevati tudi vlogo, ki jo ima rjavi medved v gozdnih ekosistemih. Zaradi velike količine dnevno zaužite hrane in velikih dnevnih premikov, je medved pomemben vektor pri razširjanju semen mnogih rastlinskih vrst, s katerimi se hrani, saj mnoga semena preidejo skozi medvedji prebavni trakt nepoškodovana. Poleg tega medvedi s hranjenjem z mrhovino pospešujejo dekompozicijo razpadajočih trupel velikih sesalcev v naravi in vsaj lokalno pomembno vplivajo na razporeditev dušikovih in drugih spojin v prostoru, verjetno pa kot opravlja še številne druge funkcije, ki jih zaenkrat še ne poznamo. Kljub zgoraj navedenim zadržkom pa vsaj kratkoročno ne priporočamo ukinitve dopolnilnega krmljenja medvedov, vsaj dokler ne bo bolje regulirano odlaganje človeških odpadkov in dostop do drugih antropogenih virov hrane v neposredni bližini človeka znotraj območja redne prisotnosti medveda.

Dodatno bi lahko z nekaterimi dodatnimi ukrepi v okviru sonaravnega gospodarjenja z naravnimi viri izboljšali naravno prehransko ponudbo za medveda v prostoru, s čimer bi zmanjšali privlačnost antropogenih virov hrane in pogostost iskanja hrane v bližini naselij. Zaradi velike časovne in prostorske variabilnosti v ponudbi naravne hrane je pomembno, da je v življenjskem prostoru medveda dovolj velika diverziteta različnih prehranskih virov. Kot je pokazala pričujoča raziskava pa so med njimi ključnega pomena stari bukovi, hrastovi in drugi sestoji v dinarskih gozdovih, kar bi bilo treba upoštevati tako pri varovanju dinarske medvedje populacije kot tudi v gozdarskih upravljaljskih planih. Kot dopolnilno hrano in pomemben vir beljakovin, ki ga predstavljajo trupla velikih sesalcev, bi bilo priporočljivo ohranяти ugodno stanje populacij prostoživečih kopitarjev, obenem pa ohranяти populacije plenilcev velikih sesalcev (risa in volka), ki omogočata dostop do mesa vretenčarjev enakomerno preko celega leta. Ob zadostnih gostotah prežvekovalcev bi se zmanjšali tudi negativni učinki kleptoparazitizma s strani medveda na ti dve ogroženi vrsti velikih zveri.

