

Oznaka poročila: ARRS-RPROJ-ZP-2013/155



## ZAKLJUČNO POROČILO RAZISKOVALNEGA PROJEKTA

## A. PODATKI O RAZISKOVALNEM PROJEKTU

## 1. Osnovni podatki o raziskovalnem projektu

<b>Šifra projekta</b>	L1-2196
<b>Naslov projekta</b>	Računska orodja za varstveno genetiko in genetski monitoring rjavega medveda ( <i>Ursus arctos</i> )
<b>Vodja projekta</b>	14835 Peter Trontelj
<b>Tip projekta</b>	L Aplikativni projekt
<b>Obseg raziskovalnih ur</b>	4650
<b>Cenovni razred</b>	B
<b>Trajanje projekta</b>	05.2009 - 04.2012
<b>Nosilna raziskovalna organizacija</b>	481 Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta
<b>Raziskovalne organizacije - soizvajalke</b>	1554 Univerza v Ljubljani, Fakulteta za matematiko in fiziko
<b>Raziskovalno področje po šifrantu ARRS</b>	1 NARAVOSLOVJE 1.03 Biologija 1.03.01 Zoologija in zoofiziologija
<b>Družbeno-ekonomski cilj</b>	02. Okolje

2. Raziskovalno področje po šifrantu FOS<sup>1</sup>

<b>Šifra</b>	1.06
<b>- Veda</b>	1 Naravoslovne vede
<b>- Področje</b>	1.06 Biologija

## B. REZULTATI IN DOSEŽKI RAZISKOVALNEGA PROJEKTA

3. Povzetek raziskovalnega projekta<sup>2</sup>

SLO

Molekularno-genetske metode nam omogočajo prej nepredstavljen vpogled v ekologijo in populacijsko biologijo redkih in ogroženih vrst ter postajajo vedno bolj nepogrešljive pri njihovem varstvu in

upravljanju. Pri tem se pojavlja težava, da je obstoječa metodologija, vključno s programskimi orodji, namenjena predvsem enkratnim študijam in je za monitoring populacij manj primerna. Glavni cilj našega projekta je bil zapolniti to vrzel - razviti orodja za trajen, učinkovit genetski monitoring varstveno občutljive vrste. Kot primer smo uporabili rjavega medveda (*Ursus arctos*) v Sloveniji.

Razvili smo kompleksno programsko orodje za shranjevanje in analizo podatkov genetskega monitoringa. Temelji na relacijski podatkovni bazi, ki smo ji vgradili širok nabor specifičnih orodij – omogočanje sledljivosti vzorcev, ocenjevanje napak in individualna prepoznavna osebkov. Omogoča tudi ocene nekaterih populacijsko-genetskih parametrov, izvoz podatkov in neposredno povezavo z GIS okolji. Aplikacija je javno dostopna na povezavi <http://www.medvedi.si/molekularnaekologija/software>, pripravljamo pa tudi znanstveni članek s predstavitvijo in opisom funkcionalnosti.

S ciljem trajnega spremljanja varstvenega stanja populacije smo ocenili spreminjanje efektivne velikosti populacije medveda skozi čas. Tako smo kot prvi v svetu demonstrirali, da je mogoče vgraditi spremljanje tega za varstvo populacije najpomembnejšega parametra v rutinske programe monitoringa. Razvili smo tudi novo metodo za primerjavo genetske pestrosti različnih populacij, tudi če so bile posamezne raziskave prej metodološko neprimerljive, in objavili prvo ocene globalne distribucije genetske pestrosti rjavega medveda. In nenazadnje, molekularno-genetske metode smo uporabili tudi pri razrešitvi forenzičnega primera krivolova razvpitega medveda »Rožnika«, ki je sprožil obširno debato o pomenu krivolova kot ovire za naravno kolonizacijo medveda v Alpe. Spoznanja smo objavili v treh znanstvenih člankih.

Učinek roba (prehajanje osebkov preučevane populacije iz in v vzorčeno območje) je v literaturi večkrat izpostavljen kot pomemben dejavnik, ki lahko obremeni ocene številčnosti in populacijskih gostot, kljub temu pa je sam pojav slabo opredeljen in raziskan. S pomočjo računalniških simulacij virtualne populacije smo opredelili dimenzije problema in mejne vrednosti razmerij velikosti domačih okolišev / območij vzorčenja in populacijskih gostot, pri katerih postane problem dovolj očiten, da bi potreboval eksplicitno korekcijo. Razvili smo tudi postopek za korekcijo. Simulacijski paket za programsko okolje R je javno dostopen in bo v kratkem opisan v znanstvenem članku.

V projektu smo zgradili temelje za trajno spremljanje varstvenega stanja rjavega medveda, pa tudi drugih redkih in ogroženih vrst. Metode in orodja že s pridom uporabljamo pri spremljanju populacije volka v Life+ projektu »SloWolf« (<http://www.volkovi.si>), menimo pa, da bodo doživele tudi široko uporabo tudi pri drugih vrstah v drugih okoljih.

ANG

Modern molecular genetics is providing previously unimaginable insight

into ecology and population biology of rare and threatened species, and is increasingly becoming an indispensable tool for wildlife conservation and management. Unfortunately, the majority of the existing methods and programs were designed primarily for one-shot studies, which often renders them less suitable for long-term population monitoring programs. The main goal of our project was to fill this gap by developing tools for long-term, efficient genetic monitoring of species of conservation concern. We used the brown bear (*Ursus arctos*) as a case study.

We developed a complex software package for storage and analysis of genetic monitoring data. It consists of a comprehensive set of tools merged with a relational database: sample tracking, error estimation and genotype matching. It also allows genetic data export and direct connection with GIS packages. The application is publically available at <http://www.medvedi.si/molekularnaekologija/software>, and we are currently working on a scientific paper detailing its functionality.

Pursuing the long-term conservation status monitoring goal, we estimated the changes in brown bear effective population size through time. We were the first to demonstrate that this important parameter can be incorporated into routine monitoring programs. We further developed a new method for comparison of genetic diversity of different populations even when these populations were studied with previously incomparable methodology, and published a first estimate of global distribution of genetic diversity in brown bear. And last but not least, we applied molecular tools to help resolve a forensic poaching case of the notorious bear "Rožnik", igniting a wide debate about poaching as an obstacle to natural recolonization of brown bear into the Alps. Our findings are published in three scientific papers.

The edge effect (movement of animals in a studied population across the edge of the sampling area) has been pointed out in the literature as an important factor that can bias population size and density estimates. However, the phenomena is still poorly characterized and researched. We used computer simulations of a virtual population to investigate the scale of the problem and the limits of homerange-to-sampling-area ratios beyond which the edge effect would require a correction. We also proposed a correction. To facilitate the use, we developed an R package and are currently working on a scientific publication.

Through the project we provided a solid foundation for long-term conservation status monitoring not only for the brown bear, but also other animal species of conservation concern. The methods and tools we developed are already being used for wolf population monitoring within the Life+ project SloWolf (<http://www.volkovi.si>), but we think that they will also see practical application in other species and environments.

#### **4. Poročilo o realizaciji predloženega programa dela na raziskovalnem projektu<sup>3</sup>**

*Razvoj orodij za trajno spremljanje populacije medveda v Sloveniji*

Ključni del projekta je bil izdelati orodja, potrebna za učinkovito, optimizirano hranjenje,

organizacijo in obdelavo velikih količin podatkov, potrebnih za kontinuiran genetski monitoring redkih in/ali ogroženih živalskih vrst. S tem namenom smo razvili programski paket **MisBase**. V ozadju aplikacije je relacijska baza podatkov Microsoft Access, ki ima dodane programe za opravljanje specifičnih funkcij, potrebnih za genetski monitoring, dostopne preko uporabniku prijaznega uporabniškega vmesnika.

MisBase omogoča hranjenje genetskih podatkov, podatkov o zbranih vzorcih in podatkov o osebkih, ki jim ti vzorci pripadajo, v domišljenih, razdelanih podatkovnih strukturah, ki omogočajo organizacijo velikih količin informacij, zagotavljanje kvalitete in sledljivosti, nekatere analize in izvoz podatkov za nadaljnje analize. Izhodni podatki so primerni za uporabo v populacijsko genetskih programih, programih za metodo "Mark-Recapture" in neposredno povezavo z Geografskimi informacijskimi sistemi (GIS). Funkcionalnost lahko razdelimo na naslednje sklope:

1. Sledljivost vzorcev: aplikacija podpira sledljivost vzorcev s pomočjo črtnih kod, kar znatno zmanjša možnost napak. Prav tako omogoča organizacijo vzorcev v študije in populacije, kar omogoča korektno sledenje napakam genotipizacije, specifikam posamezne študije in populacijsko-genetskim parametrom, kljub vsemu pa ohranja povezljivost celotnega opravljenega dela, kar je velikega pomena pri programih monitoringa, ki lahko trajajo desetletja.

2. Zagotavljanje kakovosti genotipizacije: aplikacija avtomatsko sestavi več ponovitev genotipizacije vzorca v konsenzni genotip, kar je zlasti pomembno za neinvazivne genetske vzorce, ki jih brez takšnega pristopa sploh ni mogoče zanesljivo genotipizirati. Pri tem beleži tudi vsa odstopanja od konsenznega genotipa in izračuna verjetnosti napak genotipizacije, po metodi največjega verjetja (maximum likelihood) oceni zanesljivost genotipa in število ponovitev genotipizacije, ki bi bile še potrebne za doseganje želene končne zanesljivosti genotipa.

3. Določanje vzorcev, ki pripadajo istemu osebk: pri programih monitoringa je pogost cilj ocena številčnosti populacije, kjer se genotipi uporabljajo kot »označbe«, s katerimi identificiramo osebek. Napake genotipizacije naredijo ta cilj netrivialen, saj lahko po eni strani zaradi napak v genotipu določimo »virtualne« osebke, po drugi strani pa lahko pri premalo informativnem setu genetskih markerjev dva osebk prepoznamo kot isti osebek. MisBase ima vgrajene zelo prožne modele za individualno genotipizacijo, ki omogočajo zanesljivo prepoznavo osebkov kljub napakam genotipizacije.

4. Pregledovanje podatkov in povezava z drugimi programi: aplikacija omogoča enostavno pregledovanje na vseh ravneh podatkov – od posameznega vzorca do parametrov celotne populacije. Podatke je mogoče neposredno odpreti z GIS paketi, če so vzorci geokodirani. Prav tako je mogoč izvoz genotipov kot tabele ali v formatu Genepop za uporabo v drugih populacijsko genetskih programih in izvoz podatkov v ustreznem formatu za oceno velikosti populacije v programu MARK.

Aplikacijo smo testirali v sodelovanju z laboratorijem za ekološko, evolucijsko in varstveno genetiko univerze v Idahu, ZDA, enem izmed svetovno vodilnih laboratorijev za varstveno genetiko. S tem laboratorijem že več časa tesno sodelujemo, kar je razvidno tudi iz soavtorstev objavljenih del (glej točko 7). MisBase je javno dostopen na povezavi <http://www.medvedi.si/molekularnaekologija/software>, pripravljamo pa tudi znanstveni članek s predstavitevjo programa in njegove funkcionalnosti.

#### *Trajno spremljanje varstvenega stanja populacije medveda v Sloveniji*

Del našega projekta je bil tudi prehod iz enkratnih študij rjavih medvedov v Sloveniji v trajen genetski monitoring. V okviru tega smo genotipizirali vse medvede, katerih smrtnost je bila zabeležena v Sloveniji med leti 2009 in 2012. Razvili smo tudi visoko optimizirane protokole za analizo neinvazivnih genetskih vzorcev, ki smo jih objavili v članku v reviji Molecular Ecology Resources (Skrbinšek s sod. 2010, glej točko 7).

Genotipe tkivnih vzorcev medvedov smo uporabili za spremljanje spreminjanja efektivne velikosti populacije v severnih Dinaridih. Efektivna velikost populacije ( $N_e$ ) bi lahko bila idealen parameter za monitoring populacij, ki potrebujejo aktivno varstvo, saj priročno povzema tako evolucijski potencial populacije kot njeno ranljivost za stohastične dejavnike. Na žalost pa je spremljanje tega parametra skozi čas pri naravnih populacijah zahtevno. Uporabili smo štiri nove metode za oceno  $N_e$  iz enega samega vzorca genotipov in tako spremljali spreminjanje  $N_e$  skozi čas pri medvedih v severnih Dinaridih. Genotipizirali smo 510 medvedov z uporabo 20 mikrosatelitskih lokusov in določili starost posameznih živali. Vzorce smo organizirali v kohorte glede na leto, v katerem so bile živali rojene in v letne vzorce s starostnimi kategorijami za vsako leto, v katerem so bile žive. Uporabili smo cenilko z določanjem starševstva (EPA) in z njo določili tako efektivno velikost populacije kot generacijski interval za vsak letni vzorec. Za vsako kohorto smo ocenili efektivno število živali, ki se parijo ( $N_b$ ) z metodami vezavnega neravnovesja, določitevijo sorodstvenih povezav in približnega Bayesovega izračuna. Te ocene smo ekstrapolirali v  $N_e$  z uporabo generacijskega intervala. EPA ocena je bila 276 osebkov (183-350 95% CI). To zadostuje kriteriju za izogibanje parjenju v sorodstvu  $N_e > 50$ , je pa še vedno nižje od dolgoročnega kriterija za viabilno populacijo  $N_e > 500$ . Rezultati, ki smo jih dobili z drugimi metodami, dobro sovpadajo s tem rezultatom, vsi pa kažejo na hiter porast  $N_e$  najverjetneje ob koncu 1990-ih in v zgodnjih 2000-ih. Novi pristopi za oceno  $N_e$  z enim samim vzorcem genotipov se lahko učinkovito uporabijo za vključevanje  $N_e$  v programe monitoringa in bodo v prihodnosti velikega pomena za upravljanje in varstvo. Študijo smo objavili v prestižni znanstveni reviji *Molecular Ecology* (Skrbinšek s sod. 2012, glej točko 7).

Pri vrstah s široko geografsko razširjenostjo je lahko genetska pestrost različnih populacij dobro preučena, pri tem pa je zaradi razlik v uporabljenih lokusih in zaradi različnih velikosti vzorcev pogosto rezultate različnih študij težko medsebojno primerjati. Kljub temu pa so takšne primerjave pomembne za oceno varstvenega statusa populacij, ki potrebujejo aktivno varstvo. Razvili smo novo metodo, kjer referenčno populacijo uporabimo kot »merilo« za kalibracijo rezultatov različnih študij na isto skalo, kar omogoči primerjave. Rjavega medveda smo uporabili kot vzorčno študijo za predstavitev pristopa. Genotipe 513 rjavih medvedov iz Slovenije smo uporabili za kalibracijo in primerjavo heterozigotnosti in alelske pestrosti 30 populacij rjavega medveda po svetu iz drugih raziskav.. Enostavnost primerjav z uporabo referenčne populacije dela metodo uporabno tudi za druge vrste in omogoča primerjavo genetske pestrosti med prej neprimerljivimi študijami. Metodo in rezultate smo objavili v znanstveni reviji *Heredity* (Skrbinšek s sod. 2012, glej točko 7).

Ključni deli monitoringa bi morali biti tudi spremljanje dogajanja na ravni populacije, zato smo skupaj s kolegi iz drugih držav južne Evrope že v letu 2009 sprožili iniciativo za sodelovanje (Karamanlidis A, 2009. 2nd International Workshop on the Genetic Study of the Alps-Dinara-Pindos and Carpathian Brown Bear Populations. *International Bear News* **18**, 19-21.) Ključno pri tem je usklajevanje laboratorijev, ki mogoča primerljivost rezultatov. Naš laboratorij je v iniciativi referenčni laboratorij - pripravili smo set 11 referenčnih vzorcev medvedjih tkiv za kalibracijo analitskih postopkov in ga poslali vsem laboratorijem, ki želijo v iniciativi sodelovati. Tako smo zagotovili primerljivost rezultatov med laboratoriji in omogočili genetsko sledljivost medvedov vzdolž celotne populacije. Iniciativa se širi – trenutno že zajema praktično vse laboratorije, ki se z genetiko rjavega medveda ukvarjajo v južni in srednji Evropi, pridružili pa so se tudi člani iz Skandinavije in baltičkih držav. Načrtujemo tesnejše projektno sodelovanje in publikacijo o genetski strukturi, poveztivosti in populacijski zgodovini populacij rjavega medveda na ravni Evrope.

Kontinuirano spremljanje populacije medveda se je izkazalo kot koristno tudi pri naravovarstveni forenziki. Z genotipsko analizo smo potrdili identiteto medvedjega trupla najdenega 11.6.2009

brez kože in glave pri Solčavi in ga nedvomno prepoznali kot medveda Rožnika. Ta medved je postal širše znan po tem, ko se je pojavil na Ljubljanskem Rožniku in je bil uspavan pri živalskem vrtu v Ljubljani 16. 4. 2009. Preselili so ga na Notranjsko na območje Snežnika, od koder pa je spet odšel proti severu, signal ovratnice pa je izginil takoj po prihodu v Avstrijo. Gre za odlično dokumentiran primer krivolova zavarovane živalske vrste in hkrati za vroče meddržavno vprašanje širjenja medveda (in tudi ostalih velikih zveri) v Alpe, kjer vse kaže, da predstavlja krivolov pomembno oviro. S sodelavci iz Oddelka za gozdarstvo, Zavoda za gozdove Slovenije in Veterinarske fakultete na Dunaju smo pripravili znanstveni članek in ga objavili v znanstveni reviji Ursus (Kaczensky s sod. 2011, glej točko 7).

#### *Korekcija pristranskosti ocen številčnosti in populacijskih gostot z metodo ulova-ponovnega ulova zaradi učinka roba*

Pomemben del naloge je bil rešitev problema učinka roba pri ocenah velikosti populacije po metodah ulova in ponovnega ulova. Učinek roba nastane, kadar je območje vzorčenja manjše od celotnega območja populacije (kot je primer v Sloveniji pri večini velikih sesalcev, pa tudi v večini objavljenih študij, ki so uporabljale metode ulova in ponovnega ulova), tako da pride do kršitev predpostavke o zaprtosti populacije in sistematične napake ocen številčnosti in gostot. Za problem ni bilo učinkovite rešitve.

V prvem sklopu smo v programskem okolju R sprogramirali simulacijo, ki predpostavlja homogeno razporeditev osebkov in predpostavili, da se v svojem domačem okolju gibljejo naključno z enakomerno porazdelitveno funkcijo. Pokazali smo, da učinek roba pomembno vpliva na oceno velikosti populacije, razen v robnih primerih, ko imamo opravka z zelo majhnim domačim okoljem v primerjavi z vzorčenim območjem. Pristranskost ocene se izraža kot precenjevanje ocenjene gostote.

V drugem sklopu smo simulacije uporabili za korekcijo pristranskosti ocen številčnosti in gostote, ki nastanejo zaradi učinka roba. Če simulacijo parametriziramo glede na biološke lastnosti vrste, ki jo preučujemo in lastnosti vzorčenja (velikost domačega okoliša, razlike v rabi prostora med spoloma, dejansko območje vzorčenja in ulovljivost...), lahko z razmerjem med ocenjeno in simulirano številčnostjo/gostoto kvantificiramo pristranskost empiričnih ocen teh parametrov. Metodo smo uporabili za korekcijo učinka roba pri empirični študiji ocene številčnosti medvedov v Sloveniji s pomočjo neinvazivnega genetskega vzorčenja, izvedeni leta 2007 (Skrbinšek T, Jeleničič M, Potočnik H, Trontelj P, Kos I (2008) Analiza medvedov odvzetih iz narave in genetsko-molekularne raziskave populacije medveda v Sloveniji, končno poročilo, pp. 1-128). V času pisanja pričujočega poročila imamo tik pred oddajo dva znanstvena članka: simulacijsko analizo učinka roba s predlagano metodo korekcije in oceno številčnosti medvedov v Sloveniji z uporabo neinvazivnega genetskega vzorčenja ob upoštevanju napak zaradi učinka roba. Za praktično uporabo metod smo razvili paket za programsko okolje R, ki je javno dostopen na medmrežju na povezavi <http://www.medvedi.si/molekularnaekologija/software>.

#### **5. Ocena stopnje realizacije programa dela na raziskovalnem projektu in zastavljenih raziskovalnih ciljev<sup>4</sup>**

Vse v projektni prijavi zastavljene cilje smo realizirali. Za korekcijo učinka roba smo našli enostavnejšo rešitev, kot smo jo predvideli v prijavi projekta, kar znatno poveča zanimivost in uporabnost metode za znanstveno in strokovno javnost. Informacijska orodja, zlasti aplikacija MsatBase, se že intenzivno uporabljajo v raziskavah varstvene genetike volka v Sloveniji in več raziskavah v ZDA. Preko spremljanja učinkovite velikosti populacije in genotipizacije vseh medvedov, ki so v Sloveniji legalno odvzeti iz narave, zagotavljamo trajen

genetski monitoring. Vsi v okviru projekta objavljeni članki so že citirani, čeprav so objavljeni razmeroma nedavno. Našo metodo za primerjalno računanje genetski pestrosti različnih populacij s pomočjo referenčne populacije je Kevin Keenan že implementiral v svojem programskem paketu *diveRsity* v1.4.4 (<http://cran.r-project.org/web/packages/diveRsity/vignettes/diveRsity.pdf>).

## 6. Utemeljitev morebitnih sprememb programa raziskovalnega projekta oziroma sprememb, povečanja ali zmanjšanja sestave projektne skupine<sup>5</sup>

Pri poteku raziskovalnega projekta smo dali prednost korekciji učinka roba, kar malenkostno odstopa od podrobnega vrstnega reda nalog začrtanega v programu, pri znanstvenih objavah pa rezultatom trajnega spremljanja populacije. Menimo, da gre za vsebinsko nebistvene spremembe, ki jih utemeljujemo s trenutnimi potrebami uporabnikov naših rezultatov in znanstveno aktualnostjo.

## 7. Najpomembnejši znanstveni rezultati projektne skupine<sup>6</sup>

Znanstveni dosežek			
1.	COBISS ID	29447897	Vir: COBISS.SI
	Naslov	SLO	Monitoring ефективne velikosti populacije rjavega medveda z novimi genetskimi pristopi
		ANG	Monitoring the effective population size of a brown bear ( <i>Ursus arctos</i> ) population using new single-sample approaches
	Opis	SLO	Efektivna velikost populacije ( $N_e$ ) bi lahko bila idealen parameter za monitoring populacij, ki potrebujejo aktivno varstvo, saj priločno povzema tako evlucijski potencial populacije kot njeno občutljivost na genetsko naključje. Na žalost pa je spremljanje tega parametra skozi čas pri naravnih populacijah zahtevno. Uporabili smo štiri nove metode za oceno $N_e$ iz enega samega vzorca genotipov in tako spremljali spreminjanje $N_e$ skozi čas pri medvedih v severnih Dinaridih. Genotipizirali smo 510 medvedov z uporabo 20 mikrosatelitskih lokusov in določili starost posameznih živali. Vzorce smo organizirali v kohorte glede na leto, v katerem so bile živali rojene in v letne vzorce s starostnimi kategorijami za vsako leto, v katerem so bile žive. Uporabili smo cenilko z določanjem starševstva (EPA) in z njo določili tako efektivno velikost populacije kot generacijski interval za vsak letni vzorec. Za vsako kohorto smo ocenili efektivno število živali, ki se parijo ( $N_b$ ) z metodami vezavnega neravnovesja, določitvijoe sorodstvenih povezav in približnega Bayesovega izračuna. Te ocene smo ekstrapolirali v $N_e$ z uporabo generacijskega intervala. EPA ocena je bila 276 osebkov (183-350 95% CI), kar zadostuje kriteriju za izogibanje parjenja v sorodstvu $N_e > 50$ , je pa še vedno nižje od dolgoročnega kriterija za viabilno populacijo $N_e > 500$ . Rezultati, ki smo jih dobili z drugimi metodami, dobro sovpadajo s tem rezultatom, vsi pa kažejo na hiter porast $N_e$ , najverjetneje ob koncu 1990-ih in v zgodnjih 2000-ih. Novi pristopi za oceno $N_e$ z enim samim vzorcem genotipov se lahko učinkovito uporabijo za vključevanje $N_e$ v programe monitoringa in bodo v prihodnosti velikega pomena za upravljanje in varstvo.

		<p>were organized into cohorts with regard to the year when the animals were born and yearly samples with age categories for every year when they were alive. We used the Estimator by Parentage Assignment (EPA) to directly estimate both <math>N(e)</math> and generation interval for each yearly sample. For cohorts, we estimated the effective number of breeders (<math>N(b)</math>) using linkage disequilibrium, sibship assignment and approximate Bayesian computation methods and extrapolated these estimates to <math>N(e)</math> using the generation interval. The <math>N(e)</math> estimate by EPA is 276 (183-350 95% CI), meeting the inbreeding-avoidance criterion of <math>N(e) &gt; 50</math> but short of the long-term minimum viable population goal of <math>N(e) &gt; 500</math>. The results obtained by the other methods are highly consistent with this result, and all indicate a rapid increase in <math>N(e)</math> probably in the late 1990s and early 2000s. The new single-sample approaches to the estimation of <math>N(e)</math> provide efficient means for including <math>N(e)</math> in monitoring frameworks and will be of great importance for future management and conservation.</p>
	Objavljeno v	Blackwell Scientific Publications; Molecular ecology; 2012; Vol. 21, no. 4; str. 862-875; Impact Factor: 5.522; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 2.624; A': 1; WoS: CQ, GU, HT; Avtorji / Authors: Skrbinšek Tomaž, Jelenčič Maja, Waits Lisette, Kos Ivan, Jerina Klemen, Trontelj Peter
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek
2.	COBISS ID	2619471 Vir: COBISS.SI
	Naslov	<p><i>SLO</i> Kalibracija in medsebojna primerjava podatkov o genetski pestrosti populacij iz različnih raziskav z uporabo referenčne populacije</p> <p><i>ANG</i> Using a reference population yardstick to calibrate and compare genetic diversity reported in different studies</p>
	Opis	<p><i>SLO</i> Pri vrstah s široko geografsko razširjenostjo je lahko genetska pestrost različnih populacij dobro preučena, pri tem pa je zaradi razlik v uporabljenih lokusih in zaradi različnih velikosti vzorcev pogosto rezultate različnih študij težko medsebojno primerjati. Kljub temu pa so takšne primerjave pomembne za oceno varstvenega statusa populacij, ki potrebujejo aktivno varstvo. Razvili smo novo metodo, kjer referenčno populacijo uporabimo kot »merilo« za kalibracijo rezultatov različnih študij na isto skalo, kar omogoči primerjave. Rjavega medveda smo uporabili kot vzorčno študijo za predstavitev pristopa. Genotipe 513 rjavih medvedov iz Slovenije smo uporabili za kalibracijo in primerjavo heterozigotnosti in alelske pestrosti 30 populacij rjavega medveda, preučevanih v 10 študijah širom globalne razširjenosti te vrste. Enostavnost primerjav z uporabo referenčne populacije dela metodo uporabno tudi za druge vrste in omogoča primerjavo genetske pestrosti med prej neprimerljivimi študijami in boljše razumevanje razporeditve genetske pestrosti posamezne vrste vzdolž njenega območja razširjenosti.</p> <p><i>ANG</i> In species with large geographic ranges, genetic diversity of different populations may be well studied, but differences in loci and sample sizes can make the results of different studies difficult to compare. Yet, such comparisons are important for assessing the status of populations of conservation concern. We propose a simple approach of using a single well-studied reference population as a 'yardstick' to calibrate results of different studies to the same scale, enabling comparisons. We use a well-studied large carnivore, the brown bear (<i>Ursus arctos</i>), as a case study to demonstrate the approach. As a reference population, we genotyped 513 brown bears from Slovenia using 20 polymorphic microsatellite loci. We used this data set to calibrate and compare heterozygosity and allelic richness for 30 brown bear populations from 10 different studies across the global distribution of the species. The simplicity of the reference population approach makes it useful for other species, enabling comparisons of genetic diversity estimates between previously incompatible studies and improving</p>



		our understanding of how genetic diversity is distributed throughout a species range.
	Objavljeno v	Longman Group; Heredity; 2012; Vol. 109, iss. 5; str. 299-305; Impact Factor: 4.597; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 2.624; A': 1; WoS: GU, HT, KM; Avtorji / Authors: Skrbinšek Tomaž, Jelenič Maja, Waits LP, Potočnik Hubert, Kos Ivan, Trontelj Peter
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek
3.	COBISS ID	3150246   Vir: COBISS.SI
	Naslov	<i>SLO</i> Ilegalno ubijanje bi lahko škodilo oživitvi populacije rjavega medveda v vzhodnih Alpah
		<i>ANG</i> Illegal killings may hamper brown bear recovery in the Eastern Alps
	Opis	<i>SLO</i> Opozorili smo na možen negativen vpliv krivolova pri prizadevanjih za ponovno oživitev vzhodnoalpske populacije rjavega medveda.
		<i>ANG</i> We elucidated the negative impact that illegal shooting might have on the recovery of the brown bear population in the Eastern Alps.
	Objavljeno v	International Association for Bear Research and Management; Ursus; 2011; Vol. 22, no. 1; str. 37-46; Impact Factor: 0.850; Srednja vrednost revije / Medium Category Impact Factor: 1.303; WoS: ZM; Avtorji / Authors: Kaczensky Petra, Jerina Klemen, Jonozovič Marko, Krofel Miha, Skrbinšek Tomaž, Rauer Georg, Kos Ivan, Gutleb Bernhard
	Tipologija	1.01 Izvirni znanstveni članek

### 8. Najpomembnejši družbeno-ekonomski rezultati projektne skupine<sup>2</sup>

	Družbeno-ekonomski dosežek	
1.	COBISS ID	Vir: vpis v poročilo
	Naslov	<i>SLO</i> Računalniška aplikacija za hranjenje in analizo podatkov genetskega monitoringa "MisBase"
		<i>ANG</i> Database for handling and analysis of genetic monitoring data "MisBase"
	Opis	<i>SLO</i> MisBase (Microsatellite data Base) omogoča hranjenje in obdelavo genetskih podatkov, podatkov o zbranih vzorcih in podatkov o osebkih, ki jim ti vzorci pripadajo, v domišljenih, razdelanih podatkovnih strukturah, ki omogočajo organizacijo velikih količin informacij, zagotavljanje kvalitete in sledljivosti, nekatere analize in izvoz podatkov za nadaljnje analize. Izhodni podatki so primerni za uporabo v populacijsko genetskih programih, programih za metodo "Mark-Recapture" in neposredno povezavo z Geografskimi informacijskimi sistemi (GIS).
		<i>ANG</i> MisBase (Microsatellite data Base) facilitates the storage, handling and analysis of genetic data, data on samples, and information about individuals the samples were taken from. It allows for easy handling of large amounts of information, quality control, and sample tracing. It implements several different analytical methods, as well as data export in all standard population genetic formats, in formats used in Mark-Recapture programs, and direct connectivity with Geographic Information Systems (GIS).
	Šifra	F.15 Razvoj novega informacijskega sistema/podatkovnih baz
	Objavljeno v	<a href="http://www.medvedi.si/molekularnaekologija/software">http://www.medvedi.si/molekularnaekologija/software</a>
	Tipologija	2.21 Programska oprema
2.	COBISS ID	Vir: vpis v poročilo
	Naslov	<i>SLO</i> Uspešna rešitev forenzičnega problema ogrožene živalske vrste

		ANG	Solving of a wildlife forensic problem
Opis	SLO	Zgodba o krivolovu medveda Rožnika je močno izpostavila problem ilegalnega ubijanja zavarovanih vrst ter z veliko medijsko izpostavljenostjo (o primeru in sodnem procesu so poročali vsi najbolj vidni mediji v Sloveniji in Avstriji) problematiko predstavila širši javnosti. Brez naših genetskih analiz bi ta primer ostal nepojasnen, saj ne bi bilo nobenega drugega načina, s katerim bi lahko trdno povezali najdeno truplo z medvedom, ki je »izginil« v Avstriji.	
	ANG	Illegal killing of a bear (named Rožnik) well-known to the Slovenian public received nation-wide media coverage in Slovenia and Austria. Without our genetic analyses the case would not have been solved as there is no other way to link a body of a killed bear found in the wild with the concrete bear that left Slovenia and migrated to Austria.	
Šifra	F.27	Prispevek k ohranjanju/varovanje naravne in kulturne dediščine	
Objavljeno v	številnih javnih občilih in spletnih medijih.		
Tipologija	3.25	Druga izvedena dela	
3.	COBISS ID	2641999	Vir: COBISS.SI
Naslov	SLO	Razvoj postopka za dokazovanje plenilcev drobnice iz DNA	
	ANG	Optimisation of the procedure to prove livestock predators from DNA	
Opis	SLO	Rast populacije volka in z njo povezano povečano plenjenje drobnice veljata v Sloveniji za aktualno problematiko, kar se odraža v motenem upravljanju in ohranjanju teh živali. Ravno tako je zaradi prepovedi usmrtitve v porasti število psov ( <i>Canis lupus familiaris</i> ), ki občasno tudi zakrivijo škodo na domačih živalih. Določitev krivca je zahtevna, zato je nujna uporaba forenzičnih tehnik. Razvili smo protokol za odvzem slin z ugrizne rane, laboratorijski protokol za ekstrakcijo in pomnoževanje DNA iz vzorcev slin z verižno reakcijo s polimerazo (PCR) ter preverili uspešnost pomnoževanja in učinkovitost protokolov. Vzorce smo jemali z roba ugriza z bombažnim vatirancem, shranjenim v sušilu in namočenim v 96 % etanol. Uporabljene vatirance smo do analize hranili v plastičnih vrečkah v zamrzovalniku. Rezultati so pokazali, da padavine nimajo pričakovanega vpliva na analizo DNA, medtem ko je vpliv odvzemnega mesta, števila odvzetih vzorcev in hitrosti posredovanja ob škodnih primerih očiten. Iz porazdelitve dobljenih rezultatov glede na mesto odvzema vzorcev sumimo zgolj ubijanje živali samo pri psu, pri volku na plenjenje in hranjenje s plenom ter na mrhovinarski način prehranjevanja pri lisici. Pomembni ugotovitvi naloge sta tudi nezahtevnost učinkovitega vzorčenja slin na mestu uboja brez predhodnih izkušenj in razmeroma visok odstotek pasjih ubojev drobnice.	
	ANG	Wolf population growth and associated increased predation on sheep are believed to be the current problem in Slovenia, which results in bad management and conservation of these animals. Because of the ban on executions there's also increasing the number of dogs ( <i>Canis lupus familiaris</i> ) who occasionally commit damage on domestic animals. Since determination of the culprit on the kill site is often difficult, the application of forensic approaches is required. We have developed a protocol for the collection of saliva from bite wounds, laboratory protocol for extraction and amplification of DNA from saliva and verified the effectiveness and efficiency of the amplification protocols. Samples were taken from the edge of the bite with a cotton swab, stored in dessicant and soaked in 96 % ethanol. Used swabs were kept in plastic bags in the freezer till the analysis. The results showed that weather conditions don't have expected impact on the analysis of DNA, while the impact of the extraction site, the number of samples and speed of intervention when the attack happens is obvious. Given the distribution patterns between the two extraction sites,	

		we suspect dog to merely kill the animal, wolf to prey and feed on its prey and fox to feed on carcasses. An important findings of our work are the simplicity of sampling without required previous experience and a relatively high percentage of canine kills detected.
Šifra	F.27	Prispevek k ohranjanju/varovanje naravne in kulturne dediščine
Objavljeno v	[T. Leon]; 2012; X, 54 f., [10] f. pril.; Avtorji / Authors: Leon Tomi	
Tipologija	2.11 Diplomsko delo	
4.	COBISS ID	Vir: vpis v poročilo
Naslov	SLO	edgewalkR - simulacijski program za testiranja učinka roba pri ocenjevanju populacijske gostote ali številčnosti
	ANG	edgewalkR - a simulation program for testing of the edge effect in population density and size estimation
Opis	SLO	Programski paket v okolju R z orodji za simuliranje procesa odlova in ponovnega ulova v virtualnih populacijah s poudarkom na detekciji osebkov in kvantifikaciji robnega učinka.
	ANG	R package with simulation tools for simulating mark-recapture process in a virtual population with emphasis on detection and quantification of the edge effect.
Šifra	F.15	Razvoj novega informacijskega sistema/podatkovnih baz
Objavljeno v	<a href="http://www.medvedi.si/molekularnaekologija/software">http://www.medvedi.si/molekularnaekologija/software</a>	
Tipologija	2.21 Programska oprema	
5.	COBISS ID	765303 Vir: COBISS.SI
Naslov	SLO	Populacijska genetika evrazijskega risa ( <i>Lynx lynx</i> L.) v Sloveniji
	ANG	Population genetics of Eurasian lynx ( <i>Lynx lynx</i> L.) in Slovenia
Opis	SLO	<p>Evrazijski ris (<i>Lynx lynx</i> L.) je v 19. stoletju izumrl v mnogih delih njegovega nekdanjega areala v centralni in severni Evropi. Na začetku 20. stoletja je ris izumrl tudi v Sloveniji. Risjo populacijo so pri nas ponovno vzpostavili leta 1973, ko so naselili tri pare iz Slovaških Karpatov. Novo osnovana populacija se je hitro razširila v sosednjo Hrvaško kot tudi v Bosno in Hercegovino. Reintrodukcija velja za eno izmed najuspešnejših ponovnih naselitev velikega plenilca. Po začetnem trendu rasti, prostorskem širjenju ter obdobju stabilizacije populacije, se v zadnjih 10–15 letih opaža kontinuiran padec številčnosti. Ris trenutno velja za najbolj ogroženega sesalca v naši regiji z oceno velikosti populacije med 15 do 25 odraslih osebkov. Cilji naše raziskave so bili razviti metode neinvazivnega vzorčenja DNA risov iz dlake, urina in iztrebkov, razviti metodo za individualno genotipizacijo risov, raziskati genetsko diverziteto ter raven sokrvja slovenske populacije evrazijskega risa. Raziskali smo genetsko diverziteto 22-ih mikrosatelitskih lokusov jedrne DNA pri 100 invazivnih, zgodovinskih in neinvazivnih vzorcih iz obdobja 1979–2010. Povprečno število alelov na lokus (NA) je bilo 2,789, povprečno efektivno število alelov (ne) je bilo 1,960, povprečna opažena heterozigotnost (Ho) je bila 0,433 in povprečna pričakovana heterozigotnost (He) je bila 0,453. Izvedli smo pregled genske pestrosti slovenske populacije evrazijskega risa skozi čas. Zmanjšanje genetske diverzitete, zmanjšanje populacijskega vidika sokrvja (koeficient sokrvja FIS) ter postopni dvig rodovniškega vidika sokrvja (individualni koeficient sokrvja) risje populacije v Sloveniji od reintrodukcije dalje smo prikazali s simulacijo časovnega okna. Populacija risov v Sloveniji ima najnižjo diverziteto mikrosatelitov izmed vseh do sedaj analiziranih populacij evrazijskega risa v Evropi, primerljivo le z genetsko diverziteto ponovno naseljenih populacij v švicarskih Alpah in Juri. Za nadaljnje upravljanje s populacijo evrazijskega risa v Sloveniji v prihodnosti bo</p>

		potrebno razmisliti o naselitvi novih osebkov iz velikih populacij.
	ANG	Over the 19th century the Eurasian lynx ( <i>Lynx lynx</i> L.) was extinct in large parts of its former distribution area in central and northern Europe. After extinction, at the beginning of the 20th century, the lynx population in Slovenia has been re-established in the year 1973, through the reintroduction of three pairs of animals from the Slovakian Carpathian Mountains. The newly founded population rapidly expanded into neighbouring Croatia as well as to Bosnia and Herzegovina and the reintroduction itself became one of the most successful reintroductions of a large predator to date. After initial expansion and period of stabilization, a decrease of the population size has been observed during the last 10 to 15 years. Lynx is currently one of the most endangered Slovenian mammals, with the population size estimated from 15 to 25 individuals. The goals of our research were to develop the methods of non-invasive DNA sampling from lynx hair, faeces and urine, to develop the methods for individual genotyping, to analyze the genetic diversity and the change in level of inbreeding in lynx population in Slovenia. We studied genetic diversity at 22 nuclear DNA microsatellites loci for 100 invasive, historic and non-invasive lynx samples, dating from 1979 to 2010. Mean number of alleles per locus (NA) was 2,789, effective number of alleles (ne) was 1.960, average observed heterozygosity (Ho) was 0.433 and average expected heterozygosity (He) of the Slovenian lynx population was 0.453. We conducted genetic diversity analyses of the Slovenian lynx population through time. A decrease of genetic diversity, a decrease of inbreeding as non random mating (FIS) and an increase of pedigree inbreeding (individual inbreeding coefficient) in population of lynx in Slovenia from the reintroduction on, was revealed by the travelling window analysis. The population of lynx in Slovenia has the lowest microsatellite diversity among all Eurasian lynx populations studied until now and is only comparable to the genetic diversity in the reintroduced populations in Swiss Alps and Jura Mountains. For further management and conservation of the Slovenian lynx population we need to consider the population augmentation from a large source population.
Šifra	D.09	Mentorstvo doktorandom
Objavljeno v	[P. Polanc]; 2012; XI, 155 f., [19] f. pril.; Avtorji / Authors: Polanc Primož	
Tipologija	2.08	Doktorska disertacija

## 9. Drugi pomembni rezultati projektne skupine<sup>8</sup>

--

## 10. Pomen raziskovalnih rezultatov projektne skupine<sup>9</sup>

### 10.1. Pomen za razvoj znanosti<sup>10</sup>

SLO

Molekularno genetski pristopi so postali nepogrešljiv del ekoloških in naravovarstvenih študij. Ob bliskovitem razvoju samih molekularnih metod pa nekoliko zaostaja razvoj teoretskih in analitskih pristopov. To vrzel smo zapolnili v dveh pogledih, ki sta pomembna za učinkovito varstvo ogroženih živalskih vrst in ki hkrati predstavljata splošna raziskovalna izziva:

1. Nadgradnja obstoječih analitskih orodij za enkratno analizo populacij v časovno in prostorsko generalizirane pristope, ki bodo omogočali trajen genetski monitoring in prostorsko integracijo doslej nepovezanih populacijskih študij. To nam je uspelo z vgradnjo novih pristopov za oceno efektivne populacijske velikosti ( $N_e$ ) v niz genetskih podatkov pridobljen prek daljšega obdobja standardnega populacijskega monitoringa. Efektivna velikost populacije je pomemben varstveno

genetski parameter, ki priročno povzema evolucijski potencial populacije in njeno občutljivost na stohastične dogodke. Pri vrstah s široko geografsko razširjenostjo je lahko genetska pestrost različnih populacij dobro preučena, pri tem pa je zaradi razlik v uporabljenih lokusih in zaradi različnih velikosti vzorcev pogosto rezultate različnih študij težko medsebojno primerjati. Kljub temu pa so takšne primerjave pomembne za oceno varstvenega statusa populacij, ki potrebujejo aktivno varstvo. Zato smo razvili novo metodo, kjer referenčno populacijo uporabimo kot »merilo« za kalibracijo rezultatov različnih študij.

2. Korekcija pristranskosti ocen številčnosti in populacijskih gostot z metodo odlova in ponovnega ulova zaradi učinka roba. Učinek roba je dobro znan problem, ki nastane, kadar je območje vzorčenja manjše od celotnega območja populacije, tako da pride do kršitev predpostavke o zaprtosti populacije in s tem sistematične napake ocen številčnosti in gostot. Za problem ni bilo učinkovite rešitve. Razvili smo metodo, kjer preko računalniške simulacije ocenimo pristranskost empiričnih ocen ključnih parametrov in na podlagi tega izvedemo ustrezne popravke.

ANG

Molecular genetics has become an indispensable part of ecological and conservation-oriented studies. However, the development of adequate new theoretical and analytical approaches is often lagging behind the speedy growth of molecular methods. We tried to fill two aspects of this gap that are important for efficient conservation work, and that at the same time present challenges to the scientific community:

1. A generalization of existing analytical tools that are suitable for single-populations analyses, in order to enable long-term monitoring and spatially integrated analysis of different populations. We did so by applying new single-sample estimates of effective population size ( $N_e$ ) to spatial series of genetic data obtained during the course of standard population monitoring. Effective population size is an important conservation genetic parameter that summarizes the evolutionary potential of a population together with its vulnerability toward stochastic events. In several endangered species with wide ranges, many independent genetic diversity studies in different countries exist, but their results are not compatible with each other due to different loci used and differences in sample size. Such comparisons nevertheless are important, e.g. for the assessment of conservation status of populations. We therefore have developed a method that uses a single well-studied population as yardstick for calibration, rendering results from different studies mutually comparable.

2. Correction of population size or density estimation bias in mark-recapture methods caused by edge effect. The Edge effect is a well-known problem in ecology that arises when the sampling area is smaller than the entire population range, thus violating the assumption of population closure, which in turn leads to systematic bias of population size or density estimates. No efficient solution for this problem exists. We have developed a method that uses computer simulations to estimate the bias of biological key parameters, based on which one can estimate and apply the necessary correction to the final density estimate.

## 10.2. Pomen za razvoj Slovenije<sup>11</sup>

SLO

Slovenija je kot država z nadpovprečno dobro ohranjeno naravno dediščino postavljena pred visoko mednarodno odgovornost, da zagotovi ohranitev mednarodno pomembnih segmentov narave. Mednje sodijo populacije velikih zveri, ki so med pomembnejšimi v srednji Evropi in ki predstavljajo naravni most med Balkanom in alpskim prostorom. Del mednarodnih obveznosti Slovenije je dolgoročno spremljanje teh populacij ter trajnostno upravljanje z njimi. Za oboje so potrebni natančni podatki o številčnosti, populacijski gostoti, razširjenosti, starostni sestavi in drugem. Rezultati projekta so prinesli bistven napredek pri rutinskem pridobivanju, obdelavi in praktični uporabi tovrstnih podatkov. Velike količine genetskih podatkov o Slovenski populaciji rjavega medveda so pregledno in dostopno zbrane v posebej v ta namen programirani bazi MisBase. Z njeno pomočjo smo, na primer, enostavno in zanesljivo rešili razvpit forenzičen primer krivolova medveda Rožnika. S pomočjo genetskega monitoringa smo ugotovili, da varstveno genetski kazalci naše risje populacije zaskrbnjuječe nazadujejo in da bo potrebno doseljevanje osebkov iz drugih populacij, s katerimi bi kompenzirali dolgotrajno popolno

izoliranost populacije. Ponudili pa smo tudi novo razvite metode za ugotavljanje povzročitelja škode na domačih živalih, ki se v že izvajajo v praksi in so sestavni del strategije upravljana z volkom.

ANG

Because of its well-preserved nature and wildlife, Slovenia carries a great deal of international responsibility in the joint effort to conserve and sustain common European and global natural heritage. An important integral part of this heritage are the sizable large carnivore populations that act also as a natural stepping stone between the wider ecoregions of Balkans and the Alps. Slovenia is internationally obliged to take care of these populations through long term monitoring and sustainable wildlife management. Both of these tasks demand accurate data on population numbers, density, distribution, age structure and other parameters. The results of this project represent a substantial improvement in the way these data can routinely be produced, analyzed and implemented. Large amounts of genetic data about the Slovenian and the wider Dinaric brown bear population have been incorporated into a new comprehensive data storage and handling application (MisBase) developed during this project. With the aid of this application it was possible, for example, to trace and solve the notorious forensic case of illegal killing of the bear "Rožnik". Our optimized genetic monitoring approach revealed a serious decline in conservation genetic indicators of the Slovenian lynx population through time. To counter the unfavorable development caused by the complete isolation of this local population, refreshment by individuals from other populations will be necessary. Finally, we delivered a set of newly developed or optimized protocols for the identification of domestic animals kills by free-living carnivores that has already been successfully implemented in the national management strategy for wolves.

**11. Samo za aplikativne projekte in podoktorske projekte iz gospodarstva!  
Označite, katerega od navedenih ciljev ste si zastavili pri projektu, katere konkretne rezultate ste dosegli in v kakšni meri so doseženi rezultati uporabljeni**

Cilj		
<b>F.01</b>	<b>Pridobitev novih praktičnih znanj, informacij in veščin</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.02</b>	<b>Pridobitev novih znanstvenih spoznanj</b>	
	Zastavljen cilj	<input checked="" type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	Dosežen <input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	V celoti <input type="text"/>
<b>F.03</b>	<b>Večja usposobljenost raziskovalno-razvojnega osebja</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.04</b>	<b>Dvig tehnološke ravni</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.05</b>	<b>Sposobnost za začetek novega tehnološkega razvoja</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE

	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.06</b>	<b>Razvoj novega izdelka</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.07</b>	<b>Izboljšanje obstoječega izdelka</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.08</b>	<b>Razvoj in izdelava prototipa</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.09</b>	<b>Razvoj novega tehnološkega procesa oz. tehnologije</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.10</b>	<b>Izboljšanje obstoječega tehnološkega procesa oz. tehnologije</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.11</b>	<b>Razvoj nove storitve</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.12</b>	<b>Izboljšanje obstoječe storitve</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.13</b>	<b>Razvoj novih proizvodnih metod in instrumentov oz. proizvodnih procesov</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.14</b>	<b>Izboljšanje obstoječih proizvodnih metod in instrumentov oz. proizvodnih</b>	

<b>procesov</b>		
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.15</b>	<b>Razvoj novega informacijskega sistema/podatkovnih baz</b>	
	Zastavljen cilj	<input checked="" type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	Dosežen <input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	V celoti <input type="text"/>
<b>F.16</b>	<b>Izboljšanje obstoječega informacijskega sistema/podatkovnih baz</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.17</b>	<b>Prenos obstoječih tehnologij, znanj, metod in postopkov v prakso</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.18</b>	<b>Posredovanje novih znanj neposrednim uporabnikom (seminarji, forumi, konference)</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.19</b>	<b>Znanje, ki vodi k ustanovitvi novega podjetja ("spin off")</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.20</b>	<b>Ustanovitev novega podjetja ("spin off")</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.21</b>	<b>Razvoj novih zdravstvenih/diagnostičnih metod/postopkov</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.22</b>	<b>Izboljšanje obstoječih zdravstvenih/diagnostičnih metod/postopkov</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>



	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.23</b>	<b>Razvoj novih sistemskih, normativnih, programskih in metodoloških rešitev</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.24</b>	<b>Izboljšanje obstoječih sistemskih, normativnih, programskih in metodoloških rešitev</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.25</b>	<b>Razvoj novih organizacijskih in upravljavskih rešitev</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.26</b>	<b>Izboljšanje obstoječih organizacijskih in upravljavskih rešitev</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.27</b>	<b>Prispevek k ohranjanju/varovanje naravne in kulturne dediščine</b>	
	Zastavljen cilj	<input checked="" type="radio"/> DA <input type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text" value="Dosežen"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text" value="V celoti"/>
<b>F.28</b>	<b>Priprava/organizacija razstave</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.29</b>	<b>Prispevek k razvoju nacionalne kulturne identitete</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.30</b>	<b>Strokovna ocena stanja</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.31</b>	<b>Razvoj standardov</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE

	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.32</b>	<b>Mednarodni patent</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.33</b>	<b>Patent v Sloveniji</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.34</b>	<b>Svetovalna dejavnost</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>
<b>F.35</b>	<b>Drugo</b>	
	Zastavljen cilj	<input type="radio"/> DA <input checked="" type="radio"/> NE
	Rezultat	<input type="text"/>
	Uporaba rezultatov	<input type="text"/>

**Komentar**


**12.Samo za aplikativne projekte in podoktorske projekte iz gospodarstva!**  
**Označite potencialne vplive oziroma učinke vaših rezultatov na navedena področja**

	Vpliv	Ni vpliva	Majhen vpliv	Srednji vpliv	Velik vpliv	
<b>G.01</b>	<b>Razvoj visokošolskega izobraževanja</b>					
G.01.01.	Razvoj dodiplomskega izobraževanja	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.01.02.	Razvoj podiplomskega izobraževanja	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.01.03.	Drugo:	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
<b>G.02</b>	<b>Gospodarski razvoj</b>					
G.02.01	Razširitev ponudbe novih izdelkov/storitev na trgu	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.02.	Širitev obstoječih trgov	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.03.	Znižanje stroškov proizvodnje	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.04.	Zmanjšanje porabe materialov in energije	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.05.	Razširitev področja dejavnosti	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.06.	Večja konkurenčna sposobnost	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	

G.02.07.	Večji delež izvoza	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.08.	Povečanje dobička	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.09.	Nova delovna mesta	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.10.	Dvig izobrazbene strukture zaposlenih	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.11.	Nov investicijski zagon	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.02.12.	Drugo:	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
<b>G.03</b>	<b>Tehnološki razvoj</b>					
G.03.01.	Tehnološka razširitev/posodobitev dejavnosti	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.03.02.	Tehnološko prestrukturiranje dejavnosti	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.03.03.	Uvajanje novih tehnologij	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.03.04.	Drugo:	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
<b>G.04</b>	<b>Družbeni razvoj</b>					
G.04.01	Dvig kvalitete življenja	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.02.	Izboljšanje vodenja in upravljanja	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.03.	Izboljšanje delovanja administracije in javne uprave	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.04.	Razvoj socialnih dejavnosti	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.05.	Razvoj civilne družbe	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.04.06.	Drugo:	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
<b>G.05.</b>	<b>Ohranjanje in razvoj nacionalne naravne in kulturne dediščine in identitete</b>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	
<b>G.06.</b>	<b>Varovanje okolja in trajnostni razvoj</b>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input checked="" type="radio"/>	
<b>G.07</b>	<b>Razvoj družbene infrastrukture</b>					
G.07.01.	Informacijsko-komunikacijska infrastruktura	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.07.02.	Prometna infrastruktura	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.07.03.	Energetska infrastruktura	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
G.07.04.	Drugo:	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
<b>G.08.</b>	<b>Varovanje zdravja in razvoj zdravstvenega varstva</b>	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	
<b>G.09.</b>	<b>Drugo:</b>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	

**Komentar**

--

**13.Pomen raziskovanja za sofinancerje<sup>12</sup>**

	Sofinancer	
1.	Naziv	Agencija Republike Slovenije za okolje
	Naslov	Vojkova 1b, 1001 Ljubljana

Vrednost sofinanciranja za celotno obdobje trajanja projekta je znašala:		54.436	EUR
Odstotek od utemeljenih stroškov projekta:		25	%
Najpomembnejši rezultati raziskovanja za sofinancerja			Šifra
1.	Računalniška aplikacija za hranjenje in analizo podatkov genetskega monitoringa MisBase ( <a href="http://www.medvedi.si/molekularnaekologija/software">http://www.medvedi.si/molekularnaekologija/software</a> )		F.15
2.	Razvoj genetskih pristopov za monitoring učinkovite velikosti populacije		A.01
3.	Razvoj genetskih pristopov za primerjalno ocenjevanje genetske pestrosti populaciji ogroženih vrst		A.01
4.	Razvoj metode za korekcijo pristranskosti ocen številčnosti in populacijskih gostot z metodo ulova-ponovnega ulova zaradi učinka roba		F.27
5.	Optimizacija protokolov za genetske raziskave volka		F.27
Komentar	<p>Agencija RS za okolje je 4.7.2012 prejela končno poročilo o aplikativnem raziskovalnem projektu ARRS L1-2196 Računska orodja za varstveno genetiko in genetski monitoring rjavega medveda (<i>Ursus arctos</i>), ki ga je izvajal Oddelek za biologijo Biotehniške fakultete Univerze v Ljubljani. Iz končnega poročila in iz rednih letnih poročil je razvidno, da je delo na projektu potekalo skladno s programom. Projektni rezultati so večinoma že preneseni v prakso upravljanja s populacijami ogroženih prostoživečih živalskih vrst, predvsem velikih zveri. Tako računalniški sistem pod točko 1 omogoča stalno spremljanje in identifikacijo posameznih živali, na primer medveda Rožnika, ki je postal znan primer krivolova z mednarodno razsežnostjo. Novi pristopi genetskega monitoringa in primerjav genetske pestrosti (točki 2 in 3) prek učinkovite populacijske velikosti so razkrili dokaj ugodno gibanje nekaterih varstvenih kazalcev medvedje populacije, a hkrati njihov zelo zaskrbljujoč razvoj pri risu. Izboljšave metod za ocenjevanje številčnosti populacij (točka 4) so pomembne zaradi majhnosti in odprtosti slovenskega ozemlja, kjer je učinek roba lahko precej velik. Protokoli in nove metode za genetske raziskave volka (točka 5) se že izvajajo pri analizi škode na drobnici v povezavi z reševanjem odškodninskih primerov in načrtovanjem preventivnih ukrepov. Glede na navedeno Agencija RS za okolje ugotavlja, da so rezultati projekta upravičili pričakovanja sofinancerja in da bodo v dolgoročno in vsestransko pomoč pri načrtovanju ukrepov ohranjanja ogroženih vrst velikih zveri.</p>		
Ocena	<p>Skrb za ohranjanje, dolgoročni monitoring in trajnostno upravljanje s populacijami velikih zveri v Sloveniji je ena zahtevnejših nalog Agencije RS za okolje. Rezultati projekta nam bodo pri tem v pomoč, ker ponujajo sodobne, znanstveno preverljive, ekonomične in mednarodno priznane rešitve. S podpiranjem razvoja sodobnih znanstvenih metod v varstvu narave je storjen velik korak k uresničitvi mednarodnih pričakovanj, ki jim je Slovenija izpostavljena zaradi svoje mednarodno pomembne naravne dediščine.</p> <p>Rezultati projekta so pomembni ne le s stališča neposredne uporabnosti, temveč tudi kot prispevek k promociji ohranjanja narave in prispevek k mednarodni prepoznavnosti države.</p>		

#### 14. Izjemni dosežek v letu 2012<sup>13</sup>

##### 14.1. Izjemni znanstveni dosežek

Znanstveni članek: Monitoring the effective population size of a brown bear (*Ursus arctos*) population using new single-sample approaches (Monitoring efektivne velikosti populacije rjavega medveda (*Ursus arctos*) z uporabo novih pristopov, ki potrebujejo en sam vzorec genotipov)

Tomaž Skrbinšek, Maja Jelenčič, Lisette Waits, Ivan Kos, Klemen Jerina, Peter Trontelj  
Molecular Ecology (2012), 21:862-875

Kot prvi smo pokazali, da je mogoče vključiti monitoring efektivne velikosti populacije v rutinske, dolgoročne programe monitoringa redkih in ogroženih vrst. Efektivna velikost populacije ( $N_e$ ) bi lahko bila idealen parameter za monitoring populacij, ki potrebujejo aktivno varstvo, saj naravno povzema tako evlucijski potencial populacije kot njeno občutljivost na genetsko naključje. Novi pristopi za oceno  $N_e$  z enim samim vzorcem genotipov se lahko učinkovito uporabijo za vključevanje  $N_e$  v programe monitoringa in bodo v prihodnosti velikega pomena za upravljanje in varstvo.

#### 14.2. Izjemni družbeno-ekonomski dosežek

Računalniška aplikacija za kontinuiran genetski monitoring redkih in ogroženih živalskih vrst MisBase.

Genetski monitoring populacije je zelo zahteven tudi z informacijskega vidika. Večina programskih orodij za manipuliranje z genetskimi podatki in njihovo analizo je narejena za enkratne študije. Ko poskušamo z njimi obvladati ogromne količine stalno dopolnjujočih se podatkov, kot nastajajo ob trajnem genetskem monitoringu, pridemo hitro do meje njihove uporabnosti. Da bi zapolnili to vrzel, smo izdelali učinkovito, optimizirano računalniško aplikacijo MisBase za hranjenje, organizacijo in obdelavo velikih količin podatkov, ki nastajajo pri genetskem monitoringu redkih in/ali ogroženih živalskih vrst. Aplikacija je že zdaj nepogrešljiva za monitoring medveda v Sloveniji in monitoring volka, ki se izvaja v okviru Life+ projekta SloWolf. Dostopna je na povezavi <http://www.medvedi.si/molekularnaekologija/software>

### C. IZJAVE

Podpisani izjavljam/o, da:

- so vsi podatki, ki jih navajamo v poročilu, resnični in točni
- se strinjamo z obdelavo podatkov v skladu z zakonodajo o varstvu osebnih podatkov za potrebe ocenjevanja ter obdelavo teh podatkov za evidence ARRS
- so vsi podatki v obrazcu v elektronski obliki identični podatkom v obrazcu v pisni obliki
- so z vsebino zaključnega poročila seznanjeni in se strinjajo vsi soizvajalci projekta

#### Podpisi:

*zastopnik oz. pooblaščen oseba  
raziskovalne organizacije:*

in

*vodja raziskovalnega projekta:*

Univerza v Ljubljani, Biotehniška  
fakulteta

Peter Trontelj

**ŽIG**

Kraj in datum:

**Oznaka prijave: ARRS-RPROJ-ZP-2013/155**

<sup>1</sup> Opredelite raziskovalno področje po klasifikaciji FOS 2007 (Fields of Science). Prevajalna tabela med raziskovalnimi področji po klasifikaciji ARRS ter po klasifikaciji FOS 2007 (Fields of Science) s kategorijami WOS (Web of Science) kot podpodročji je dostopna na spletni strani agencije (<http://www.arrs.gov.si/sl/gradivo/sifranti/preslik-vpp-fos-wos.asp>).  
[Nazaj](#)

<sup>2</sup> Napišite povzetek raziskovalnega projekta (največ 3.000 znakov v slovenskem in angleškem jeziku) [Nazaj](#)

<sup>3</sup> Napišite kratko vsebinsko poročilo, kjer boste predstavili raziskovalno hipotezo in opis raziskovanja. Navedite ključne ugotovitve, znanstvena spoznanja, rezultate in učinke raziskovalnega projekta in njihovo uporabo ter sodelovanje s tujimi partnerji. Največ 12.000 znakov vključno s presledki (približno dve strani, velikost pisave 11). [Nazaj](#)

<sup>4</sup> Realizacija raziskovalne hipoteze. Največ 3.000 znakov vključno s presledki (približno pol strani, velikost pisave 11) [Nazaj](#)

<sup>5</sup> V primeru bistvenih odstopanj in sprememb od predvidenega programa raziskovalnega projekta, kot je bil zapisan v predlogu raziskovalnega projekta oziroma v primeru sprememb, povečanja ali zmanjšanja sestave projektne skupine v zadnjem letu izvajanja projekta, napišite obrazložitev. V primeru, da sprememb ni bilo, to navedite. Največ 6.000 znakov vključno s presledki (približno ena stran, velikost pisave 11). [Nazaj](#)

<sup>6</sup> Navedite znanstvene dosežke, ki so nastali v okviru tega projekta. Raziskovalni dosežek iz obdobja izvajanja projekta (do oddaje zaključnega poročila) vpišete tako, da izpolnite COBISS kodo dosežka – sistem nato sam izpolni naslov objave, naziv, IF in srednjo vrednost revije, naziv FOS področja ter podatek, ali je dosežek uvrščen v A'' ali A'. [Nazaj](#)

<sup>7</sup> Navedite družbeno-ekonomske dosežke, ki so nastali v okviru tega projekta. Družbeno-ekonomski rezultat iz obdobja izvajanja projekta (do oddaje zaključnega poročila) vpišete tako, da izpolnite COBISS kodo dosežka – sistem nato sam izpolni naslov objave, naziv, IF in srednjo vrednost revije, naziv FOS področja ter podatek, ali je dosežek uvrščen v A'' ali A'.

Družbeno-ekonomski dosežek je po svoji strukturi drugačen kot znanstveni dosežek. Povzetek znanstvenega dosežka je praviloma povzetek bibliografske enote (članka, knjige), v kateri je dosežek objavljen.

Povzetek družbeno-ekonomskega dosežka praviloma ni povzetek bibliografske enote, ki ta dosežek dokumentira, ker je dosežek sklop več rezultatov raziskovanja, ki je lahko dokumentiran v različnih bibliografskih enotah. COBISS ID zato ni enoznačen, izjemoma pa ga lahko tudi ni (npr. prehod mlajših sodelavcev v gospodarstvo na pomembnih raziskovalnih nalogah, ali ustanovitev podjetja kot rezultat projekta ... - v obeh primerih ni COBISS ID). [Nazaj](#)

<sup>8</sup> Navedite rezultate raziskovalnega projekta iz obdobja izvajanja projekta (do oddaje zaključnega poročila) v primeru, da katerega od rezultatov ni mogoče navesti v točkah 7 in 8 (npr. ker se ga v sistemu COBISS ne vodi). Največ 2.000 znakov, vključno s presledki. [Nazaj](#)

<sup>9</sup> Pomen raziskovalnih rezultatov za razvoj znanosti in za razvoj Slovenije bo objavljen na spletni strani: <http://sicris.izum.si/> za posamezen projekt, ki je predmet poročanja [Nazaj](#)

<sup>10</sup> Največ 4.000 znakov, vključno s presledki [Nazaj](#)

<sup>11</sup> Največ 4.000 znakov, vključno s presledki [Nazaj](#)

<sup>12</sup> Rubrike izpolnite / prepisite skladno z obrazcem "izjava sofinancerja" <http://www.arrs.gov.si/sl/progproj/rproj/gradivo/>, ki ga mora izpolniti sofinancer. Podpisan obrazec "Izjava sofinancerja" pridobi in hrani nosilna raziskovalna organizacija – izvajalka projekta. [Nazaj](#)

<sup>13</sup> Navedite en izjemni znanstveni dosežek in/ali en izjemni družbeno-ekonomski dosežek raziskovalnega projekta v letu 2012 (največ 1000 znakov, vključno s presledki). Za dosežek pripravite diapozitiv, ki vsebuje sliko ali drugo slikovno gradivo v zvezi z izjemnim dosežkom (velikost pisave najmanj 16, približno pol strani) in opis izjemnega dosežka (velikost pisave 12, približno pol strani). Diapozitiv/-a priložite kot priponko/-i k temu poročilu. Vzorec diapozitiva je objavljen na spletni strani ARRS <http://www.arrs.gov.si/sl/gradivo/>, predstavitev dosežkov za pretekla leta pa so objavljena na spletni strani <http://www.arrs.gov.si/sl/analize/dosez/>. [Nazaj](#)

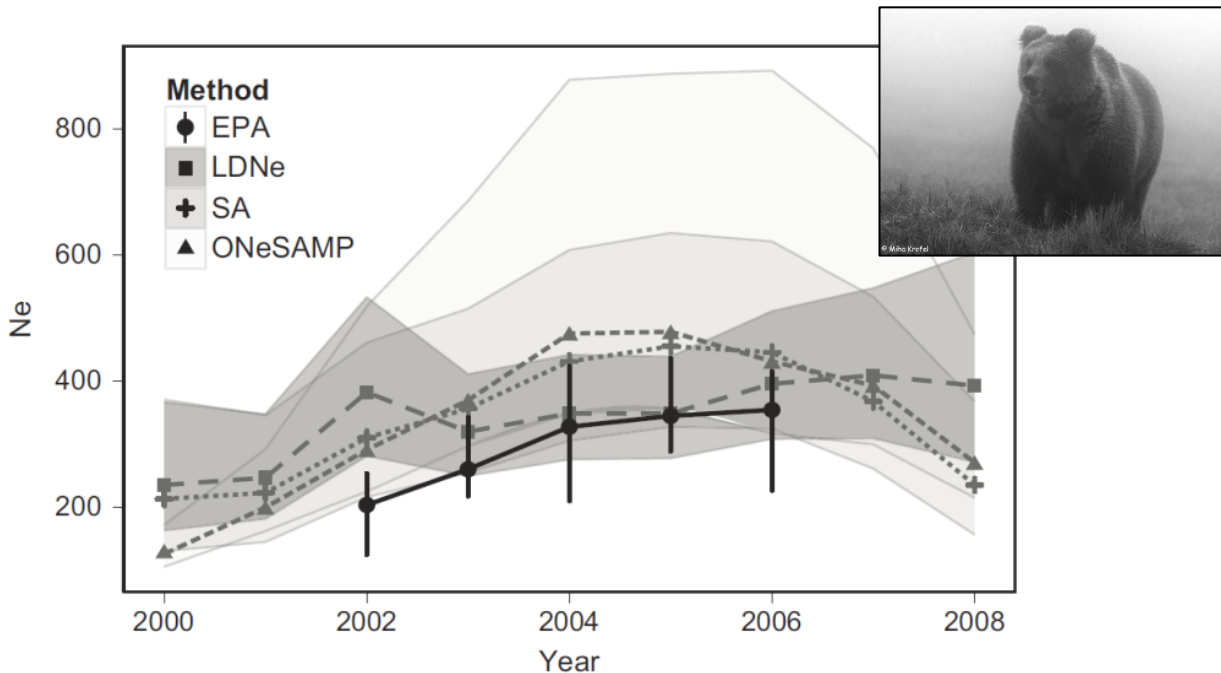
Obrazec: ARRS-RPROJ-ZP/2013 v1.00  
61-39-87-0A-4B-07-84-D2-F2-AD-FA-92-A2-83-39-FA-D2-79-8D-A3

# NARAVOSLOVNE VEDE

## Področje: 1.06 Biologija

### Dosežek 1

Vir: Skrbinšek T, Jelenčič M, Waits L, Kos I, Jerina K, Trontelj P (2012) Monitoring the effective population size of a brown bear (*Ursus arctos*) population using new single-sample approaches. **Molecular Ecology**, 21, 862-875.



**Graf gibanja efektivne velikosti populacije rjavega medveda v severnih dinaridih. Poligoni (daljice za EPA metodo) kažejo 95% intervale zaupanja ocen.**

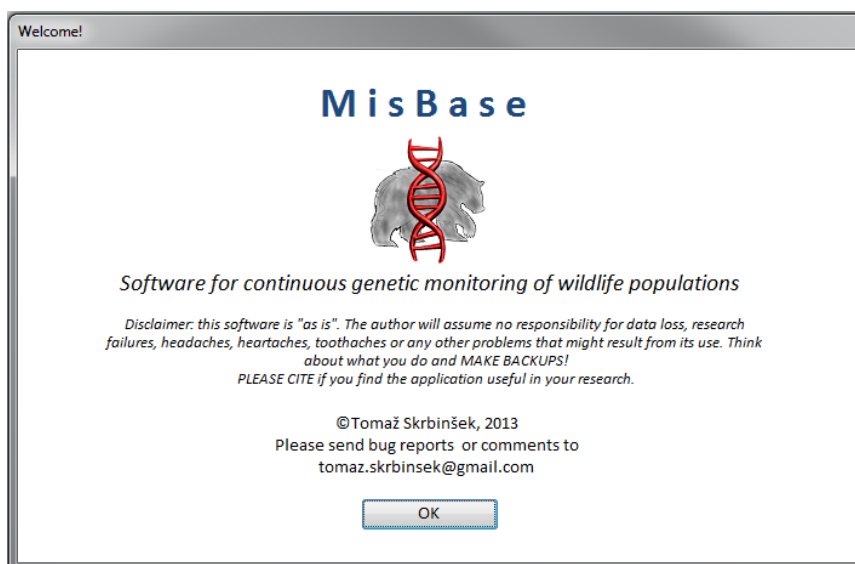
Kot prvi smo pokazali, da je mogoče monitoring efektivne velikosti populacije vključiti v rutinske, dolgoročne programe monitoringa redkih in ogroženih vrst. Efektivna velikost populacije ( $N_e$ ) bi lahko bila idealen parameter za monitoring populacij, ki potrebujejo aktivno varstvo, saj priročno povzema tako evlucijski potencial populacije kot njeno občutljivost na genetsko naključje. Ocenjena  $N_e$  je bila 276 osebkov (183-350 95% CI), kar zadostuje kriteriju za izogibanje parjenja v sorodstvu  $N_e > 50$ , je pa še vedno nižje od dolgoročnega kriterija za populacijo, sposobno dolgoročnega preživetja ( $N_e > 500$ ). Rezultati kažejo tudi na hiter porast  $N_e$ , najverjetneje ob koncu 1990-ih in v zgodnjih 2000-ih. Novi pristopi za oceno  $N_e$  lahko učinkovito vključijo spremljanje tega parametra v programe monitoringa in bodo v prihodnosti velikega pomena za upravljanje in varstvo redkih in ogroženih živalskih vrst.

# NARAVOSLOVNE VEDE

## Področje: 1.06 Biologija

### Dosežek 1

Vir: <http://www.medvedi.si/molekularnaekologija/software>



### *Pozdravni zaslon programa **MisBase**.*

Genetski monitoring populacije je zelo zahteven tudi z informacijskega vidika. Večina programskih orodij za manipuliranje z genetskimi podatki in njihovo analizo je narejena za enkratne študije. Ko poskušamo z njimi obvladati ogromne količine stalno dopolnjujočih se podatkov, kot nastajajo ob trajnem genetskem monitoringu, pridemo hitro do meje njihove uporabnosti.

Da bi zapolnili to vrzel, smo izdelali učinkovito, optimizirano računalniško aplikacijo **MisBase** za hranjenje, organizacijo in obdelavo velikih količin podatkov, ki nastajajo pri genetskem monitoringu redkih in/ali ogroženih živalskih vrst. Temelji na relacijski podatkovni bazi, ki smo ji vgradili širok nabor specifičnih orodij – omogočanje sledljivosti vzorcev, ocenjevanje napak in individualna prepoznavna osebkov. Omogoča tudi ocene nekaterih populacijsko-genetskih parametrov, izvoz podatkov in neposredno povezavo z GIS okolji.

Aplikacija je že zdaj nepogrešljiva za monitoring medveda v Sloveniji in monitoring volka, ki se izvaja v okviru Life+ projekta SloWolf. Aplikacija je javno dostopna na povezavi <http://www.medvedi.si/molekularnaekologija/software> in menimo, da bo doživela široko uporabo tudi pri drugih živalskih vrstah v drugih okoljih