

Oponentský posudok na správu z výskumu: Odhad početnosti populace medvěda hnědého (*Ursus arctos*) analýzou DNA

(autori: Nikola Tkáčová, Jana Šrutová, Barbora Černá Bolfiková, Veronika Kornová, Mária Apfelová, Michal Kalaš, Vladimír Antal, Slavomír Findo, Marián Hletko a Pavel Hulva)

Úvodné prehlásenie

Posudzovaný výskum (ďalej len „výskum“ alebo „štúdia“) je predkladaný ako správa k projektu: Zisťovanie početnosti veľkých šeliem a zisťovanie stupňa hybridizácie vlka dravého na základe analýz DNA (Referenčné číslo: ŠOP SR/1159/2017). O vypracovanie oponentského posudku sme boli požiadaní Štátnou ochranou prírody SR dňa 30. 11. 2022. Všetky pripomienky sa týkajú verzie správy ako bola spracovaná v danom čase. Na tomto mieste tiež vyhlasujeme, že nie sme v danom výskume nijako zainteresovaní a nie sme v konflikte záujmov voči autorom tohto výskumu.

Angažmá autora recenzie v predchozí (a v této zprávě diskutované) studii (Paule 2015) a zejména vybočování posudku z vědeckého žánru (viz níže) toto tvrzení spíše zpochybňují.

Vzhľadom na celospoločenské aspekty spojené s uvedenou problematikou a v záujme otvoreného, transparentného a reprodukovateľného vedeckého bádania prosíme, aby bol tento posudok zverejnený v plnom znení spolu s finálnou verziou výskumnej správy.

Zpětná vazba je ve vědě důležitá a recenzenti jistě upozornili na mnohé nepřesnosti nebo nedorozumění. Zveřejnění recenzního řízení by mělo smysl, pokud by se odehrávalo v mantinelech vědeckého žánru. Tento text by ale jako recenze do vědeckého časopisu neobstál, protože obsahuje emocionálně laděné pasáže (např. termíny jako “medvědí služba” aj.), které působí spíše jako určené pro média. Bohužel také návrh na zveřejnění posudku na stávající studii bez zveřejnění posudku na předchozí studii (která neprošla recenzním řízením a je nereplikovatelná) o otevřeném, transparentním a reprodukovatelném přístupu příliš nesvědčí.

Prehľad spracovania

Štúdia sa zaoberá veľkosťou populácie medveďa hnědého (*Ursus arctos*) na Slovensku v rokoch 2019 až 2021, ktoré boli pre účely analýz rozdelené do dvoch sezón, a to jednotne od augusta do septembra nasledujúceho roka. Vedecké spracovanie štúdie je štandardné. Prezentovaný text správy je delený do klasických kapitol (úvod, materiál a metodika, výsledky, diskusia) a spolu s 19 tabuľkami, 23 obrázkami a rozsiahlym zoznamom použitej literatúry zaberá celkovo 80 strán. Výsledky sú založené na analýze mikrosatelitových genotypov získaných hlavne z neinvazívne zozbieraných vzoriek trusu a srsti, ktoré sú doplnené o vzorky krvi a tkanív z uhynutých alebo usmrtených jedincov. Z týchto vzoriek sú stanovené vybrané parametre genetickej diverzity a demografie populácie medveďa na Slovensku. Autori využili konvenčné analytické (laboratórne, štatistické) prostriedky na spracovanie dát a dosiahnutie stanovených cieľov.

Hlavným cieľom štúdie bolo (i) určenie veľkosti populácie tohto druhu na danom území. V abstrakte však autori uvádzajú aj ďalšie tri oblasti problematiky (ii, stanovenie trendov zmien veľkosti populácie; iii, stanovenie potenciálneho premnoženia; iv, analýza pravdepodobnosti stretnutia medveďa s človekom). Okrem stanovenia zmeny veľkosti populácie sa ďalšími bodmi (iii, iv) v samotnej štúdii už nezaoberali. Keďže v zmluve o dielo, zverejnenej v Centrálnom registri zmlúv, je predmet zmluvy špecifikovaný iba ako vypracovanie komplexnej štúdie odhadu početnosti populácie medveďa analýzou DNA, nie je jasné, či je možné chápať tieto ciele ako súčasť „komplexnej štúdie“.

Každý projekt je zaštitěn nějakou smlouvou, ale ta řeší formální stránky projektu a bývá formulována administrativními a nikoli vědeckými pracovníky. Vědecká náplň projektu je obsažena v návrhu projektu „Realizácia programov starostlivosti o veľké šelmy na Slovensku (Veľké šelmy 2)“, ktorý je mnohem podrobnejší a komplexnejší než je pár rádků ve smlouvě. Ano, klíčový pojem je v tomto případě přívlastek *komplexní*. Zde si recenze poněkud protiřečí, na jiném místě se píše: „Ak majú byť výsledky aktuálnej štúdie využité v programe starostlivosti o medveďa hnedého na Slovensku, je potrebné ich interpretovať objektívne a komplexne“, zde se však proti komplexním interpretacím vymezují a v řadě míst posudku navrhuji redukcionistický postup. Předmětem smlouvy není vědecký článek ve vědeckém časopise s cílovou skupinou úzkého okruhu specialistů, ale komplexní studie určená pro mnohem širší okruh čtenářů, vysvětlování některých základních souvislostí je proto zcela na místě. Vzniklá nedorozumění totiž musejí neustále znova vysvětlovat autoři zprávy a nikoli oponenti.

V štúdii sa však nachádzajú viaceré nezrovnalosti a nepresnosti, ktoré môžu nezainteresovaného čitateľa nabádať k nadmernému zovšeobecňovaniu publikovaných výsledkov (typicky porovnávanie celkového odhadu početnosti z predchádzajúceho genetického monitoringu z rokov 2012–2015 s výsledkami tejto štúdie). Z výsledkov ako sú teraz prezentované by sa čitateľ mohol napr. jednoducho domnievať, že početnosť populácie medveďa sa medzi sledovanými obdobiami nezmenila.

Zde došlo pravděpodobně k nedorozumění ohledně žánru. Autoři recenze tento žánr označují ambivalentně jako „výzkum“ nebo „štúdia“, což jsou dva různé pojmy. Co se týče žánru, asi nejlepší termín by byl *závěrečná zpráva*. Zpráva nemá formát vědeckého článku, ten je psán v angličtině a používá tak specializovaný žargon, že je pro aplikovanou sféru obtížně použitelný. Ve zprávě se držíme vědeckého stylu textu, ale ve srozumitelnější formě. Bohužel srozumitelný způsob může zvyšovat rizika některých nedorozumění, k čemuž došlo i v tomto případě. Snažili jsme se příslušná místa textu upravit, aby se riziko nedorozumění snížilo. Co se týče porovnávání s předchozím monitoringem, k nemožnosti přímého srovnání se ve zprávě vyjadřujeme, stejně tak jako v tiskové zprávě vydané v loňském roce - „Výsledky obou studií nejsou v tuto chvíli přímo porovnatelné, protože používají poněkud jiný způsob sběru dat i statistiky. Všechny metodické detaily starší studie nebyly zatím publikovány ve vědeckém časopise, novější studie ji proto zatím nemůže přesně zreplikovat, navíc statistické metody se vyvíjejí atd. V současnosti probíhá spolupráce českých i slovenských molekulárních ekologů se snahou sjednotit statistickou analýzu obou studií tak, aby výsledky byly srovnatelné bezprostředněji (stoprocentně se to ale asi nepodaří, neboť obě studie mají poněkud odlišný

průběh vzorkování).“ - i v komentářích v médiích, např. 4.9.2022: Sú medvede naozaj premnožené? (noviny.sk) (17:45).

Hlavné pripomienky

V úvode autori podrobne identifikujú výhody a limity využitia CMR (Capture Mark Recapture) prístupu, kde citujú aj prácu Tumendemberel at al. (2021), ktorá okrem konzervatívneho CMR prístupu na odhad početnosti používa aj aktuálne štandardnú metodiku SCR (Spatial Capture Recapture) na odhad denzity populácie medveďa.

Zde došlo k nedorozumení co se týče základního designu projektu. Existují stovky typů modelů používaných při CMR přístupu (v tomto ohledu je označení jednoho z nich jako standardního velmi problematické). Jako u nových a matematicky komplikovaných metod je u řady z nich problém s testováním *goodness of fit*. Většina stakeholderů se shoduje na tom, že interpretace čísla udávajícího cenzi velikost populace je obtížná, ne-li nemožná. Proto byl zvolen následující design, který:

Při odhadu cenzi velikosti populace používá metody co nejpodobnější k předchozí studii z let 2013–2014 (Paule 2015), aby bylo po sladění detailů metodiky možné stanovit trend změny velikosti populace, což byl přístup stanovený při iniciálním sestavení vědeckého týmu. Většina připomínek k metodice tedy měla být vznesena při recenzi předchozí studie, které zatím neproběhla. Metody použité v práci Paule 2015 jsou základní a tedy poměrně jednoduché. Využití analogických metod je tedy v současné situaci jediným způsobem, jak stanovit trendy vývoje populace. Do práce nebyly prostorově explicitní metody původně zahrnuty, na přání recenzentů tak nicméně činíme. Složitější přístupy budou součástí vědeckých publikací.

Upozorňujeme ovšem na potřebu zabývat se efektivní velikostí populace, která umožňuje vztáhnout získané hodnoty ke konceptu minimální životaschopné populace. Tato hodnota je důležitější než cenzi velikost populace z hlediska životaschopnosti a ochrany populace. Explicitní analýza životaschopnosti populace byla také zařazena.

Budoucím nedorozumením v tomto ohledu jsme se pokusili předejít podrobnější formulací cílů studie.

Prístup SCR v hodnotenej štúdií chýba napriek tomu, že priestorovým nárokom a interakciám je v úvode venovaná značná časť textu a zozbierané údaje sú pre použitie SCR vo vybraných študovaných územiach dostatočné. Navyše, jedným zo základných predpokladov štúdií zameraných na odhad početnosti pomocou CMR je časovo a priestorovo rovnomerný a systematický zber záznamov o výskyte konkrétnych jedincov, v tomto prípade genotypov.

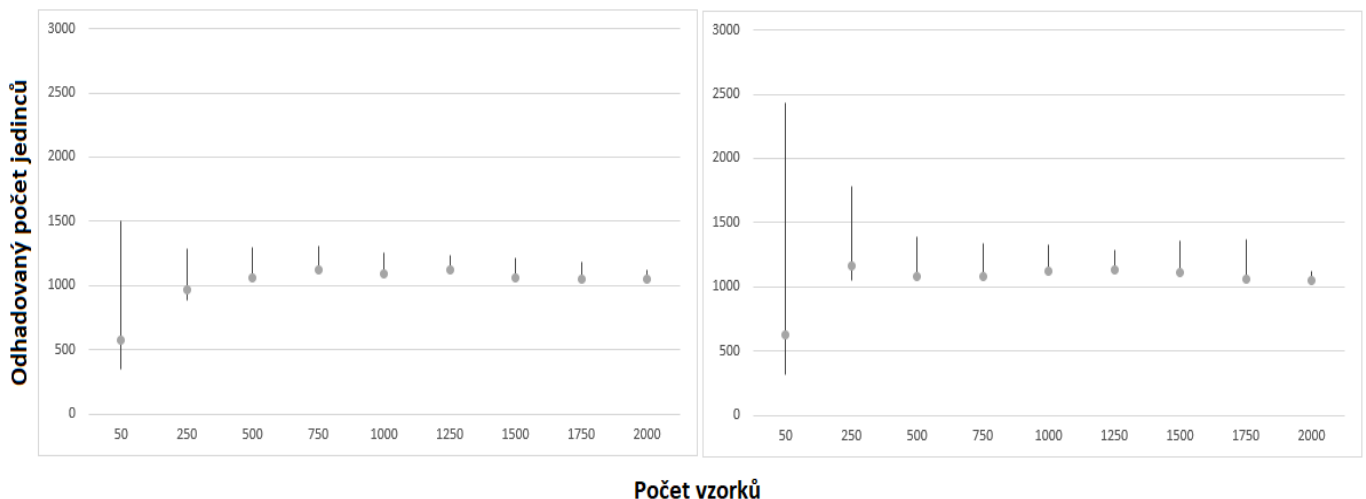
Prístupů k CMR je nepřeborné množství, každý má své výhody a nevýhody. Kromě základního modelu, srovnatelného s předchozí studií, byl realizován i SCR model a na přání recenzentů byl do studie zařazen.

Celkovo viac ako dvojnásobný počet vzoriek (genotypov) v druhej sezóne ako aj rozdielna intenzita zbierania materiálu v rôznych územiach naznačuje, že išlo skôr o náhodný a nesystematický zber.

Úsilí nebylo měřeno ani v předchozí studii, ke které se nová studie vztahuje (Paule 2015). Na druhou stranu není definováno, co se myslí výrazem „náhodný a nesystematický zber“. Stochasticita sběru vzorků je jedním z hlavních předpokladů použité metody.

Taktiež nie je vysvetlené a diskutované ako mohlo dôjsť pri významne rozdielnom počte identifikovaných jedincov v jednotlivých sezónach ($n_{\text{sezóna1}} = 233$ vs. $n_{\text{sezóna2}} = 412$ unikátnych genotypov) k takmer identickému odhadu veľkosti populácie, vždy cca 1000 jedincov (s podobnými 95% intervalmi) bez ohľadu na sezónu a použitú štatistickú metódu.

Vysvětlení je ilustrováno výsledky simulační studie na Obr. A1. Tento graf ukazuje jak se vyvíjí správnost a přesnost odhadu se vzrůstajícím počtem vzorků a proč vzorky 302 genotypů (1. sezóna) a 696 genotypů (2. sezóna) dospívají k podobným odhadům velikosti populace. Při zohlednění průběhu grafu pro model TIRM je dokonce možné, že odhad pro 1. sezónu (971 jedinců) je blíže reálné velikosti populace než odhad pro druhou sezónu (1056 jedinců)! Dotaz ale obsahuje podivnou interpretaci konzistence metody - konvergence různých variant modelů k podobnému výsledku je důkaz síly metody a kýžený výsledek každé modelovací procedury.



Obr. A1. Odhad velikosti populace pomocí softwaru CAPWIRE (model TIRM, osa y) při fixní velikosti populace 1000 jedinců a daném počtu vzorků (osa x). Vlevo jsou zobrazeny výsledky ze simulovaných datasetů vytvořených na základě uniformní distribuce s pravděpodobností záchytu jedince 1–100% a vpravo pro gamma distribuci z parametrů získaných na základě reálných dat.

Súčet $233 + 412 = 645$ ale sumárny počet unikátnych genotypov (jedincov) za obidve sezóny bol 632. Z toho vyplýva, že v každej sezóne sa vzorkovali fakticky iné medvede, pričom v druhej sezóne sa opätovne zachytilo zjavne menej ako 6 % jedincov z prvej sezóny (žiaľ obrázok znázorňujúci záchyty jednotlivých zvierat v priebehu času celej štúdie je nečitateľný).

V celkovém počtu 632 jedinců jsou zahrnuti i jedinci z CHKO Východné Karpaty a NP Poloniny a jednotlivé vzorky pocházející z období před obdobím určeném pro odhady početnosti. Celkový počet unikátních jedinců za obě sezóny byl tedy 601, součet za obě sezóny $233+412 = 645$ odpovídá. Nicméně v první sezóně bylo zahrnuto i 21 tkáňových vzorků z uhynulých jedinců. Tito jedinci tedy nemohli být znovu zachyceni ve druhé sezóně. Pro určení

průniků byly simulovány výběry o velikosti 233 (počet jedinců v první sezóně) a 412 (počet jedinců ve druhé sezóně) z 1000 (přibližný odhad početnosti). Bylo provedeno celkem 10 simulací a výsledný průnik se pohyboval v rozmezí 3,5-7,9 % jedinců z populace (1000 jedinců). Prosím uvědomte si, jak tento průnik zmenší běžná natalita a mortalita v populaci.

Bolo by určite zaujímavé, dosadiť tieto hodnoty do klasického CMR vzorca pre výpočet veľkosti uzavretej populácie ($n = M \times C / R$)...

Zde už začínáme být skutečně na rozpacích. Komplexní modelovací přístupy byly použity z toho důvodu, že pomocí trojčlenky se zadaný úkol vyřešit nedá (například proto, neboť „značených“ jedinců ubývá a „neznačených“ přibývá)... Podmínkou použití zmíněného vzorce je uzavřená populace - dvě roční sezóny, mezi kterými dochází k natalitě a mortalitě, takové podmínky zásadně porušují. V tom také spočívá odpověď na vzniklé nedorozumění.

Táto disproporcja vysvetľuje asi aj skutočnosť, prečo záchytové obdobie v CMR analýzach nebolo definované celou sezónou (čo by bolo celkom logické pre veľké a dlhoveké živočichy). Namiesto toho autori rozdelili sezóny do intervalov 25, resp. 20 záchytových udalostí

S tělesnou velikostí design studie nesouvisí, dlouhověkost je pak relativní pojem - v populacích velkých savců existuje kromě přirozené natality a mortality ještě velmi proměnlivá a neprediktabilní antropogenní mortalita (dopravní kolize, lov, pytláctví aj.). Zde odkazujeme na metodiku používanou v programu MARK a provedenou power analýzu.

a každú sezónu analyzovali zvlášť.

V obou studiích bylo hlavním kritériem v pozadí zahrnutí uzavřené populace.

Z metodiky nie je síce úplne jasné, čo táto záchytová udalosť predstavovala (v čase), ale je očakávané, že s rozdelením sezóny do viacerých kratších časových intervalov stúpa pravdepodobnosť opätovných záchytovej medzi intervalmi. V každom prípade, podľa tohto by sa autormi vyrátané populačné odhady pre jednotlivé sezóny mali asi skôr sčítať ako spriemerovať.

Tato interpretace zjevně neodpovídá realitě (viz simulační analýzy). Přesto jsme provedli explorativní analýzu obou sezón dohromady, která dospěla k číslu 1385 (1487 - 1716), a to přitom takové nastavení neodpovídá uzavřenosti populace, tj. tento odhad je značně nadhodnocen.

Záchyty prevažne iných jedincov v každej sezóne tiež možno naznačuje priestorovú otvorenosť populácie v dôsledku veľkej imigrácie/emigrácie jedincov.

Prostorová uzavřenost populace byla matematicky testována, což je v práci uvedeno (např. v abstraktu „Na základě statistických testů byla populace hodnocena jako uzavřená.“)

Pri odhade veľkosti populácie je kriticky dôležitejšia interpretácia vzťahu medzi počtom získaných genotypov a počtom identifikovaných unikátnych jedincov v sledovanej vzorke. Pri dostatočnom počte genotypov pre objektívnu analýzu odhadu početnosti s narastajúcim množstvom genotypov nedochádza už k zvyšovaniu počtu identifikovaných jedincov a takzvaná rarefakčná krivka sa približuje k asymptote. Tu však s počtom vzoriek stále stúpal

(takmer priamo úmerne) aj počet identifikovaných jedincov. Rarefakčná krivka (celkovo aj pre sezóny osobitne) teda naznačuje stále vysoký počet (nezachytených) jedincov vo vzorkovanej populácii (Engel et al. 2021). Táto skutočnosť má zásadný vplyv na následné odhady početnosti.

Analýza matematických závislostí „od oka“ skrýva úskalí. Průměrný recapture rate je v této studii vyšší než ve studii Paule 2015. Ve starší studii ovšem rarefakční křivka není zobrazena, je zobrazeno rozložení vzorků v čase, kde je plató křivky způsobeno malým počtem vzorků v zimním období. Citovaná práce (Engel et al. 2021) sice obsahuje klíčové slovo *rarefaction*, ovšem se studovanou problematikou nemá mnoho společného (zabývá se indexy biodiverzity). Tato zpětná vazba je pro nás důležitá, k tomuto nedorozumění (a srovnání s obr. 7 z Paule 2015) by pravděpodobně docházelo často, rarefakční křivky jsme proto do finální verze zprávy nezařadili. Co se týče síly metody, prosím podívejte se na grafy v kapitole „Testování správnosti odhadů velikosti populace pomocí simulací“.

Hoci stanovenie zmeny vo veľkosti populácie je možné riešiť skôr modelovaním parametrov natality a mortality (prežívania) ako indikátorov trendov vývoja početnosti a nie empirickým porovnaním výsledkov dvoch nezávislých genetických štúdií, autori sa o to predsa len pokúsili.

Teoretický prístup je jistě možný, ale tato studie byla od začátku pojata jako empirická.

Síce konštatujú, že porovnanie aktuálnych výsledkov s predchádzajúcou štúdiou (Paule 2015) kvôli odlišnostiam v metodike nie je možné, avšak jedným dychom dodávajú, že datasety sú viacmenej analogické a je pravdepodobné, že obidve práce [po zjednotení metodiky] by nedospeli k dramatickým rozdielom vo výsledkoch.

Formulace byly upřesněny - analogií bylo míněno použití stejných markerů a srovnatelných metod (vymezení sezón, statistický přístup k CMR modelování), tudíž potenciální možnost srovnat oba datasety (zdráhali jsem se použít termín *homologie* kvůli rozdílu v ošetření primárních dat). Dále došlo k nedorozumění ohledně definice pojmu *dramatické rozdíly*. Vztahovali jsme tento obrat k údajům běžně publikovaným ve slovenských periodikách (např. „I keď sa medzi nami určite nájdu aj takí, pre ktorých nie je a priori neprípustných ani hypoteticky nevídaných 8000 ks medveďov. Mňa vrátane...“ Ing. Jaroslav Ďurík, Naše polovníctvo), což jsme dostali od ŠOP SR i za úkol.

Taktiež sa odvolávajú na biologické vlastnosti cicavcov a priemerné ročné prírastky u iných druhov. Potom sa ale naskytá otázka zmysluplnosti určenia veľkosti populácie ako hlavného cieľa práce po tak relatívne krátkom období od realizácie prvého genetického sčítania.

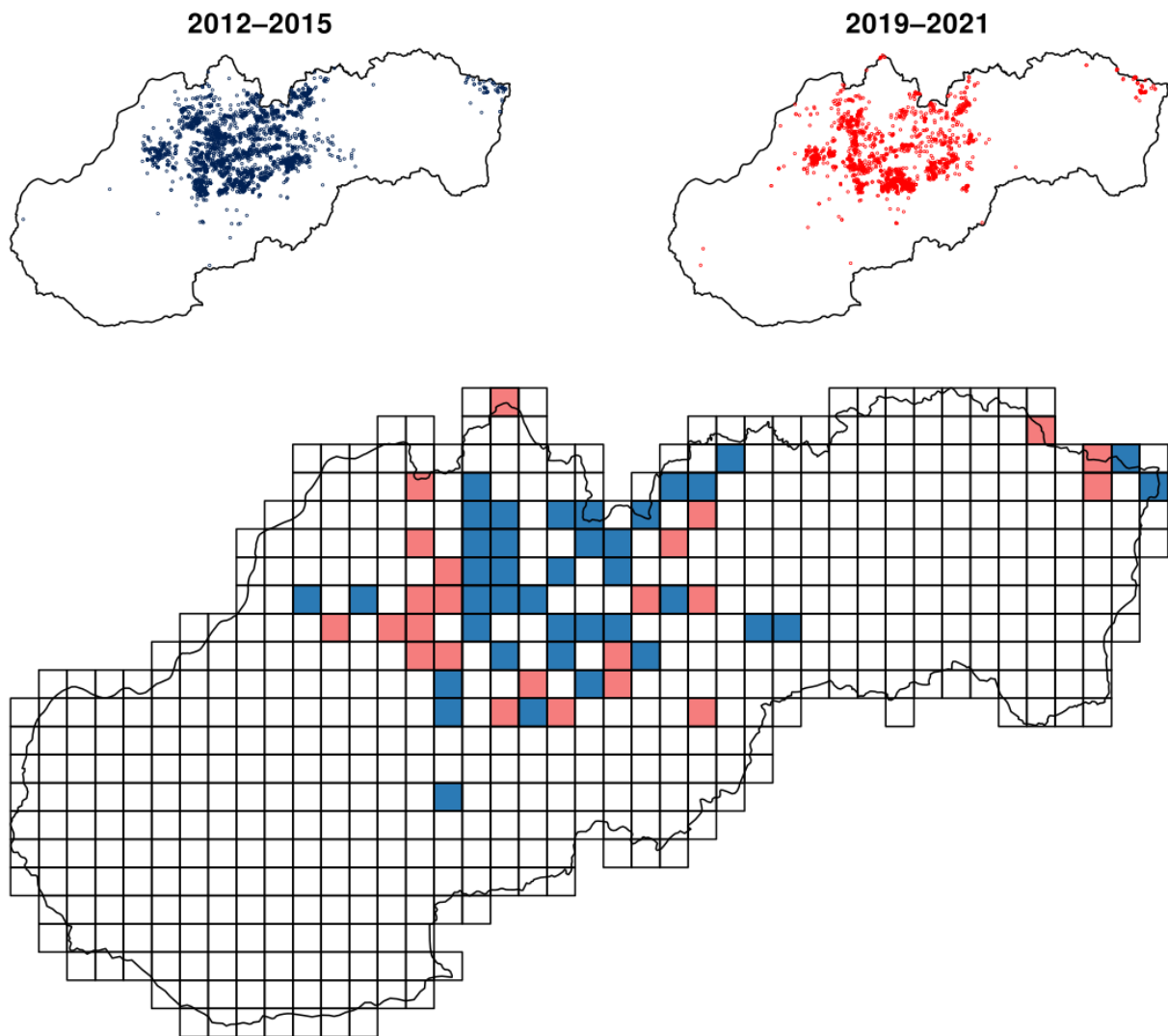
Je relevantní vztáhnout v diskusi výsledky studie ke známým empirickým hodnotám. U řady populací velkých savců je standardem kontinuální monitoring, atd.

Autori v kapitole „Zmena veľkosti populácie“ určili podobnosť dvoch datasetov na základe prekryvu MCP (Minimum Convex Polygon) geometrie a predpokladali, že sa územie kde prebiehal výskum nijako zásadne nelíšil od územia v predchádzajúcej štúdiu (Paule 2015). Žiaľ MCP geometria nijako nesúvisí s intenzitou vzorkovania v priestore ale iba s polohu okrajových vzoriek.

Prostorové analýzy nebyly původně cílem této studie (touto problematikou se zabývá jiná aktivita projektu *Velké šelmy 2*). MCP byly původně použity pro ilustraci shody zkoumaného území (kapitola „Porovnání studovaného území“). Nicméně na podnět recenzentů byly výsledky této metody ze zprávy odstraněny a srovnání vzorkovacího designu je komentováno obecněji.

Preto sme použitím GPS súradníc všetkých vzoriek porovnali priestorovú podobnosť v intenzite vzorkovania na študovanom území v dvoch rôznych obdobiach. Použili sme test rozloženia bodov v priestore (spatial point pattern test), ktorý umožňuje štatistické porovnanie podobnosti dvoch takýchto datasetov bez zaťaženia konceptom náhodnosti, uniformity a zoskupovania bodov (Andresen 2016, Steenbeek et al. 2022). Bez ohľadu na skutočnosť, že počet zozbieraných vzoriek v aktuálnej štúdii bol oproti Paule (2015) o 27% menší ($n_{2012-2015} = 2977$ vs. $n_{2019-2021} = 2172$), z danej analýzy vyplýva, že významne sa líšila aj priestorová intenzita vzorkovania populácie medzi obdobiami.

Recenzenti sice srovnávajú čísla pomocí štatistického testu, ovšem bez jakéhokoli ošetření porovnatelnosti příslušných dat. Zaprvé, nebyla analyzována intenzita vzorkování, ale prostý počet vzorků (ani v jedné studii nebylo měřeno vzorkovací úsilí). Zadruhé, počet vzorků je pro CMR studii irelevantní - podstatný je počet genotypů. Protože filtrování kvality dat nebylo v obou studiích standardizováno, je takové srovnání zatím nemožné. Zatřetí, předpoklad, že jakékoli rozdíly v počtu a distribuci vzorků mezi oběma studii jsou důsledkem jen rozdílů intenzity vzorkování, je chybný. Za uběhlou dobu došlo také ke změnám v lokální distribuci a početnosti. Tyto změny na lokální úrovni jsou často výrazné vlivem dramatických změn v krajině, jako jsou kůrovcová těžba, změny zemědělského hospodaření, změny v příkrmování zvířete - např. ukončení krmení jádrovým krmivem, změny turismu (např. v souvislosti s opatřeními proti šíření Covid-19), jak ukazuje i empirická evidence z jednotlivých CHKO. Vzhledem k tomu, že vzorkovací úsilí ani v jedné studii nebylo měřeno, explicitní odlišení obou faktorů není možné.



Obr. 1. Podobnosť intenzity zbierania vzoriek v rokoch 2012–2015 a 2019–2021. Štvorce (10×10 km), kde bola štatisticky významne ($p < 0.05$) väčšia relatívna intenzita vzorkovania počas prvého výskumu sú modré a štvorce, kde bola intenzita vzorkovania väčšia v druhom výskume sú červené. Štvorce, kde sa relatívna intenzita zberu štatisticky nelíšila sú biele.

Robustná verzia globálneho indexu podobnosti S identifikovala zhodu iba na 66 %. Zatiaľ čo v prvom výskume sa zbieralo najmä v jadre západokarpatského areálu medveďa, v aktuálnom výskume vzorky pochádzali najmä z jeho okrajových častí (obr. 1).

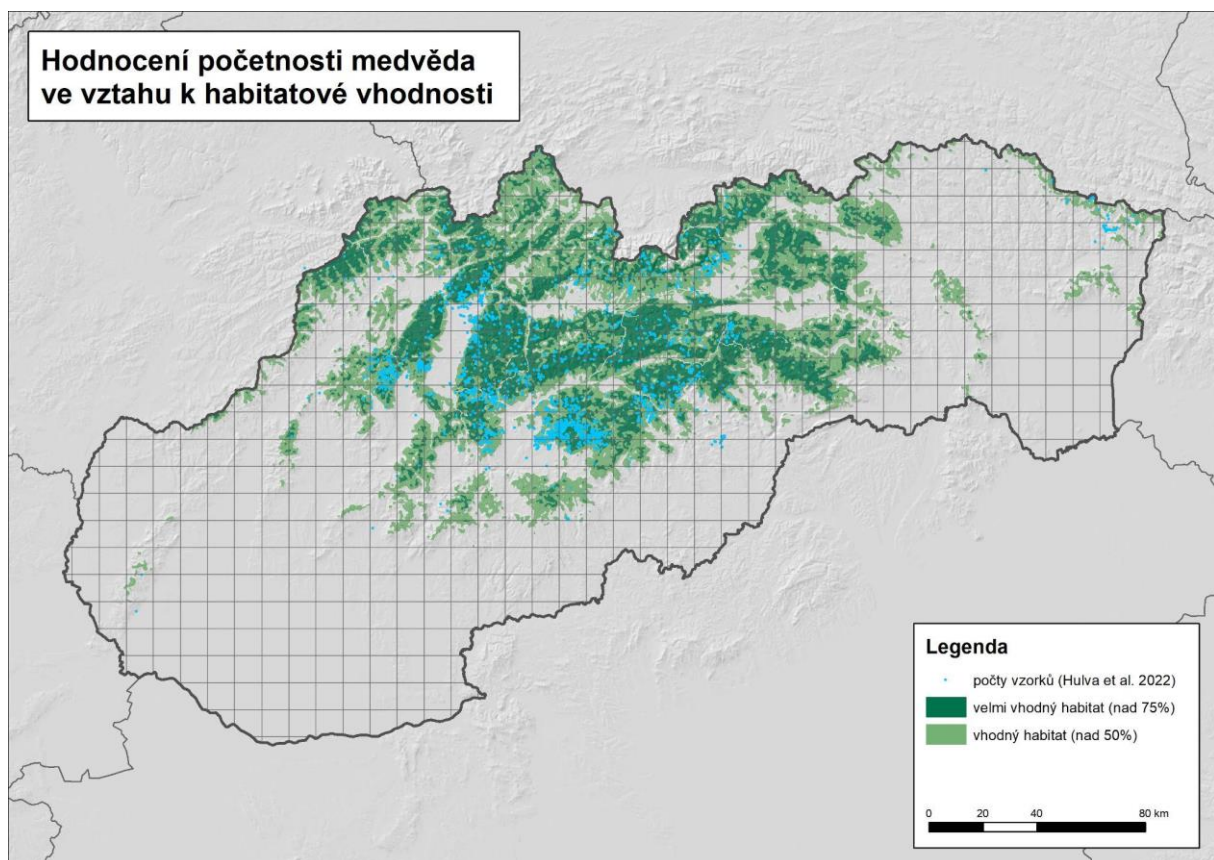
Nejsou definovány pojmy *jádro* a *periferie*. V kontextu demografické studie je důležitější početnost než poloha. Nicméně již Rigg & Adamec (2007) zmiňují např. NP Malá Fatra a CHKO Polana jako jádrové oblasti s nejvyšší hustotou populace. Na základě námi vytvořených odhadů velikosti jednotlivých subpopulací je právě subpopulace na území CHKO Polana nejpočetnější. Na tomto území se mohlo po populačním úbytku v průběhu 19. století vyskytovat refugium, odkud se po zavedení ochrany tamní populace mohli jedinci šířit do okolních orografických celků (Straka et al. 2012). Dalším možným vysvětlením může být atraktivita CHKO Polana. Toto vulkanickou činností vzniklé pohoří nabízí pro medvědí populaci dostatek

vhodných úkrytů a přirozené potravy. Historicky je zde také zakořeněno příkrmování zvěře, které medvědům rozšiřuje potravní nabídku (Skuban et al. 2016) a z těchto důvodů se na toto území mohou stahovat jedinci z okolních pohoří.

Z prezentovaných výsledkov je zřejmé že zo zozbieraných vzoriek nebolo možné spracovať odhady celkovej početnosti, resp. denzity na 100 km² najmä pre TANAP a NAPANT a tiež ďalších 7 území v kompetencii národných parkov a chránených krajinných oblastí. Relevantné sa javia odhady pre štyri viacmenej periférne oblasti výskytu: Malá Fatra, Veľká Fatra, Poľana, Muránska Planina. Ak chýbajú vzorky z výmerou najrozsiahljších území považovaných za jadrovú oblasť výskytu medveďa v Západných Karpatoch, môžeme hovoriť o odhade veľkosti populácie pre Západné Karpaty?

Tvrzení, že vzorky chybějí, je chybná interpretace. Je jich menší počet než v předchozí studii, přičemž srovnání počtu ani kvality genotypů neznáme. Dále není s jistotou možné interpretovat, jaká část rozdílu jde na vrub rozdílům ve vzorkování a jaká změnám početnosti. Pokud by vzorkování bylo nedostatečné, projeví se nižším recapture rate, který se zase projeví zvýšením odhadu. Ve skutečnosti je ovšem recapture rate v nové studii vyšší.

Dále, vysokohorské prostředí TANAP a dalších oblastí západních Karpat, které zahrnují nejvyšší pohoří Karpatského oblouku, představuje suboptimální habitat pro medvěda hnědého (Obr. A2). Ani z toho důvodu není věcně správné nazývat taková území “jádrom areálu”.



Obr. A2. Mapa zobrazujúca vhodnosť habitatu pre medveďa hnedého na území Slovenska. Svätou zelenou farbou je zobrazen vhodný habitat pre výskyt medveďa vytvorený na základe modelovania habitatu. Pre vhodný habitat bol stanovený interval vhodnosti habitatu 50–75 %. Tmavou zelenou farbou je zobrazen kľúčový habitat, tzn. územie potenciálneho výskytu medveďa hnedého, v ktorom je vhodnosť habitatu vyššia než 75 %.

Ovšem hlavní problém tohoto argumentu je jak již bylo zmíněno v tom, že recenzenti vůbec neberou v úvahu fakt, že rozdíly v počtu vzorků nemusí být způsobeny jen rozdílným vzorkovacím úsilím, ale také změnou velikosti či distribuce lokální populace v souvislosti se změnami v prostředí. Tyto procesy probíhají v období Velkého Zrychlení velmi intenzivně. Právě fragmentace a ztráta vhodných habitatů představuje v současné době jedno z největších rizik pro lokální populace medvěďů hnědých v Evropě (Ripple et al. 2014). Ještě důležitějším parametrem jsou pak změny kvality habitatu. Analýza těchto faktorů probíhá nad rámec této studie.

Závažným faktorom, ktorý je potrebné brať tiež v úvahu pri porovnávaní populačných odhadov z rôznych štúdií založených na neinvazívnych vzorkách je aj rozdiel v štatistickom spôsobe analýz identít jedincov. Vzorky trusu sú vysoko náchylné na chyby pri genotypovaní (chýbajúca amplifikácia alel). Autori určite správne vyhodnotili, že pre spoľahlivú identifikáciu jedinca je možné povoliť nezhodu na 2 lokusoch mikrosatelitového genotypu. Toto kritérium však bolo v predchádzajúcej štúdii (Paule 2015) nastavené nižšie (1 lokus), čo mohlo viesť k výraznému nadhodnoteniu vtedajšieho odhadu počtu jedincov. Pri sade 8 lokusov rozdielne nastavenie tohto parametru môže spôsobiť aj viac ako 50% (sic!) rozdiel v odhade veľkosti populácie (Creel et al. 2003). Ak sa majú výsledky týchto dvoch štúdií akokoľvek porovnať, toto je nevyhnutné v danom kontexte správne interpretovať.

Tato záležitost byla ve studii identifikována, podrobně analyzována a diskutována (rovněž diskutována v médiích, např. 4.9.2022: [Sú medvede naozaj premnožené? \(noviny.sk\)](#) - 8:45), není tedy jasné, proč tyto argumenty recenze opakuje.

Ostatné pripomienky

- V „Abstrakte“ sa uvádza amplifikácia 12 mikrosatelitových lokusov, ale z výsledkov a následnej diskusie vyplýva, že pre finálne analýzy bol použitý nakoniec set iba 8 lokusov plus pohlavný SRY lokus (identicky so štúdiou Paule 2015). Túto skutočnosť je potrebné uviesť v abstrakte na správnu mieru.

Formulace byla upřesněna.

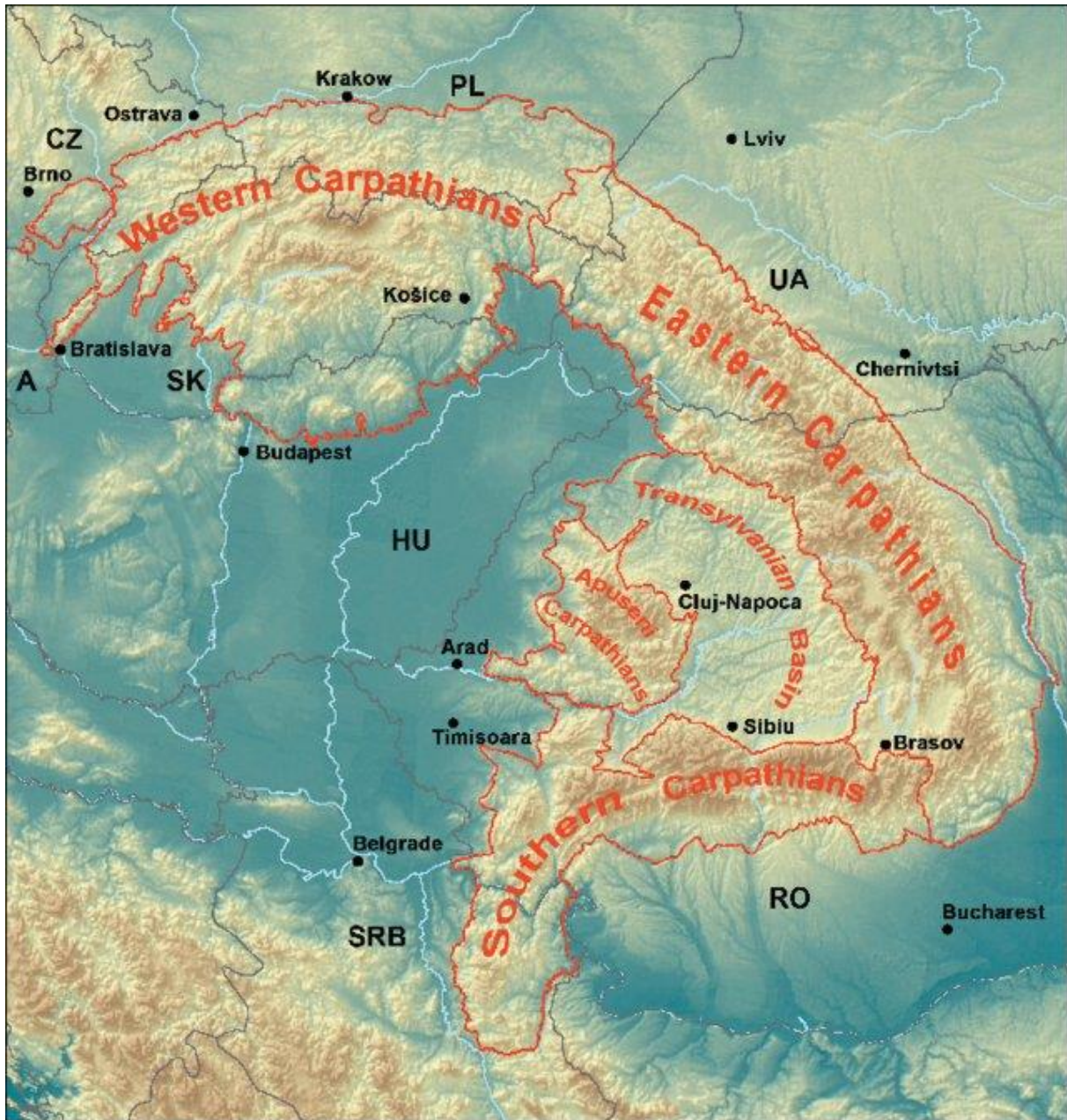
- V texte sa okrem abstraktu nikde nešpecifikujú ciele. Tie by bolo vhodné uviesť ako samostatnú kapitolu za úvodom.

Kapitola “Ciele” byla doplněna.

- Autori používajú termíny Západné a Východné Karpaty. Celé územie Slovenska však geograficky aj bio-geograficky patrí do provincie Západných Karpát (Východné Karpaty je len

názov jednej CHKO). Pre sub-populácie medveďa odporúčame radšej používať termíny stredné, resp. východné Slovensko.

To je veľmi sporné tvrzení - (viz např. [Divisions of the Carpathians - Wikipedia](#), Kliment et al. 2016, aj.). Hranice mezi Západními a Východními Karpaty procházející Slovenskem je dokonce mnohými autory vnímána jako nejvýraznější biogeografický zlom v rámci Karpat (Obr. A3).



Obr.A3. Mapa zobrazujúci členění Karpatského pohorí a jeho podjednotek (zdroj: Kliment et al. 2016).

- Autori v metodike uvádzajú odhad veľkosti populácie pre územia na základe jedincov z druhej sezóny, ale vo výsledkoch uvádzajú odhady zo sezóny, kde identifikovali viac genotypov.

Odhady velikosti populace pro jednotlivá území jsou stanoveny z dat, která byla získána ve druhé sezóně. V tabulce s výsledky jsou uvedeny i počty genotypů pro lépe ovzorkovanou sezónu na daném území. V některých oblastech byl počet genotypů vyšší v první sezóně, ale pro tyto oblasti nejsou uvedeny odhady početnosti.

Výpočet hustoty pro plochy kompetenčních území ŠOP SR je zavádějící, nakol'ko zahrňuje aj plochy nevhodných biotopov. Druhým problémom tohto prístupu je nerešpektovanie behaviorálnych a priestorových nárokov medveďa rozdelením súvislého územia bez migračných bariér medzi dve kompetenčné územia aj keď sa s určitosťou jedná o jednu populáciu (napr. Veporské vrchy patria pod CHKO Poľana aj NP Muránska Planina). Preto odporúčame použiť aktuálne prístupy priestorových odhadov SCR (napr. Royle et al. 2008, 2011, Tumendemberel et al 2021).

Podrobná analýza zahrnujúca priestorová data probíhá, nicméně nebyla plánována do této závěrečné zprávy. Do revidované verze byly nicméně základní jednoduché analýzy (SECR) zahrnuty.

- V kapitole „Demografia“ sa pojednáva iba o veľkosti populácie a pomere pohlaví, pričom pojem demografia zahrňuje tiež parametre ako napr. natalita, mortalita, veková štruktúra, prežívanie (survival rate). Vhodnejšie by bolo kapitolu premenovať.

Žiadna studie nezahrňuje prístupy celého oboru, nicméně tato studie metodicky spadá do oboru demografie.

- Pre odhad početnosti sa použili modely uvažujúce o uzavretej populácii, ale na základe testov pre spojené sezóny bola hypotéza uzavretej populácie zamietnutá.

Ano, práve proto byly sezóny analyzovány zvlášť. Bohužel celý posudek provází nepochopení použité strategie (viz např. návrh použití vzorce pro uzavřenou populaci).

- V kapitole „Efektívna veľkosť populácie a minimálna životaschopná populácia“ pozitívne hodnotíme snahu o stanovenie týchto parametrov. Dovoľujeme si však navrhnúť aktualizáciu tradičnej definície efektívnej veľkosti populácie (N_e) v znení, že N_e vyjadruje odhad genetickej veľkosti populácie, ktorá je nepriamo úmerná rýchlosti genetickej erózie; menšia N_e spôsobuje väčšie príbuzenské kríženie a stratu genetickej rozmanitosti. Tento vzťah je nelineárny: strata genetickej diverzity sa zrýchľuje s poklesom N_e a je obzvlášť rýchla vo veľmi malých populáciách (Hoban et al. 2020).

Definíc efektívni velikosti populace je mnoho, souhlasíme s tím, že vymezení tohoto termínu přes spojení s intenzitou genetické eroze je názorná, do úvodu byly tedy přidány příslušné formulace inspirované Hoban et al. (2020).

- Autori reportujú štyri homogénne genetické klastre (K) v populácii pri odhade efektívnej veľkosti populácie, ale v metodike a výsledkoch sa táto informácia nenachádza. Navrhujeme doplniť analýzu identifikácie K do metodiky a výsledkov a následne určiť parametre diverzity a početnosti pre každý klaster zvlášť.

Analýzy identifikace genetických klastrů, parametry genetické diverzity a odhady početnosti pro tyto klastry byly doplněny do jednotlivých kapitol.

Informácie k N_e navrhujeme presunúť z kapitoly „Demografia“ do „Genetická diverzita“.

Všetchny odhady týkající se velikosti populace byly soustředěny do jedné kapitoly.

- K parametrom genetickej diverzity je potrebné doplniť hodnoty smerodajnej odchýlky (SD) po bonferroniho korekcii.

U parametrů genetické diverzity byly doplněny informace k bonferroniho korekci.

- Uvádžanie minimálnej životaschopnej populácie (MVP, Minimum Viable Population) nemá podporu vo výsledkoch, takže navrhujeme vynechať z nadpisu kapitoly aj textu alebo doplniť o príslušné analýzy nie porovnaním empirických hodnôt dvoch štúdií, ale doplnením o aktuálne analýzy na modelovanie životaschopnosti populácie (Gerber & González-Suárez 2010).

Zhodnocení MVP se provádí srovnáním odhadů N_e se známými thresholdy. Porovnání empirických hodnot je zase zcela jiná otázka stanovení minulých demografických trendů. Do studie byly nicméně doplněny analýzy životaschopnosti populace pomocí matematického modelování, které původně byly považovány za spadající nad rámec této studie.

- Uvažovať o efekte autoregulačných mechanizmov v populácii ako to robia autori v diskusii je nemožné, keďže neexistujú relevantné dáta pre skúmanú populáciu.

Z evolučného hľadiska je možné očakávať, že pri nadbytku dospelých rujných samíc bude aj miera sexuálne selektívnej infanticídy nižšia (McLellan 2005). Tento mechanizmus infanticídy je diskutabilný najmä z dôvodu, že samec nemá istotu úspešnej kopulácie neskôr počas ruje a teda otcovstva, obzvlášť v početnej populácii. Aktuálnu prevahu samíc potvrdzuje tiež zistený nepomer v odhadovanej pohlavnej štruktúre (samce:samice = 1:1,2 až 1:1,5 podľa metódy a sezóny). Efekty ďalších potenciálnych mechanizmov infanticídy ako príležitostná potrava a redukcia kompetície v prosperujúcej populácii s dostatkom zdrojov sú ešte menej pravdepodobné (Steyaert et al. 2013).

V rámci žánru diskuse je běžné srovnání s publikovanými údaji, navíc takto obecné parametry se vztahují k druhu, nikoli k populaci.

- Kapitoly „Vzťah populácie k nosnej kapacite prostredia“ a „Zmeny správania medved'ov“ je potrebné vypustiť z diskusie. Autori tieto problematiky neanalyzovali.

Prosíme recenzenty, aby brali v úvahu, že zadáním dle smlouvy není vědecká publikace ve specializovaném časopise, ale komplexní studie. Na jiném místě recenzenti sami uvádějí: „Ak majú byť výsledky aktuálnej štúdie využité v programe starostlivosti o medveďa hnedého na Slovensku, je potrebné ich interpretovať objektívne a komplexne.“ Nejedná sa však o podrobnou diskusiu, čož bylo v textu explicitně uvedeno.

- Niektoré obrázky a tabuľky opakujú tú istú informáciu. Navyše v duplicitnom obrázku 16 k tabuľke 11 nesedia údaje pre Poľanu. Podobne v tabuľkách 11 a 17 nesedia počty jedincov pre NP Veľká Fatra, TANAP, CHKO Ponitrie a CHKO Kysuce.

Tyto nepřesnosti byly korigovány.

- V záverečnom pod'akovaní sa nelogicky ďakuje spoluautorom výskumu za zber vzoriek a uvádza sa tiež, kto z autorov realizoval laboratórne práce a viedol výskum.

Tieto informácie by mali byť uvedené pod názvom kapitoly „Autorský podiel“ (author contributions).

Ano to byly nepřesnosti, spoluautoři studie byli odstraněni z poděkování, autorský podíl byl specifikován v odděleném odstavci.

Celkové zhodnotenie a odporúčania

Vedecký údaj bez interpretácie v kontexte okolností ako sa k nemu dospelo zostáva iba nič nehovoriacim číslom, akým je aj medializovaný údaj o odhade veľkosti populácie zistený touto štúdiou. Žiaľ vedeckému bádaniu sa týmto (pod politickým tlakom) urobila doslova „medvedia služba“.

Čím tedy bylo zveřejnění čísel z minulé nerecenzované, nepublikované a nereplikovatelné studie, kterého se účastnil i autor posudku? V principu ovšem je takový formalismus na společensky aktuální témata aplikovatelný obtížně - realizace a publikování vědeckých prací trvá roky, mezitím informační vakuum zaplní dezinformace, které vznikají v řádu hodin... Popis jakékoli vědecké metodiky je tak specializovaný, že má cenu pro úzký okruh expertů, ovšem nikoli pro širší veřejnost, atd.

Bohužel ale termíny jako je „medvědí služba“ se tento posudek dostává mimo vědecký žánr. Obrat *doslova* „medvedia služba“ by zasloužil pozastavení. Přívlastek *doslova* naznačuje, že jej autoři berou jako terminus technicus. Ve skutečnosti je to ale biofobní kulturní projekce části industriální společnosti a tedy předsudek (detaily jsou nad rámec tohoto dopisu, bylo by potřeba odkázat např. na práce Frazera nebo Eliadeho). Z přírodovědeckého hlediska je medvěd klíčovým druhem temperátní zóny se zásadní rolí v řadě nenahraditelných ekosystémových služeb. Označení „medvědí služba“ je tedy pro přírodovědce kompliment a tak ho také bereme. Použití zmíněného obratu ve vědeckém textu je freudovský chybný úkon, odhalující nevědomý emocionální postoj k celé problematice (který je patrný i v jiných pasážích). Samozřejmě naprosto chápeme instinktivní obavy laické veřejnosti ze šelem a v žádném případě nepopíráme, že medvěd může být člověku nebezpečný, ovšem úlohou profesionálního přírodovědce je být advokátem racionálního přístupu, nezneužívat projekce archetypálních obsahů a neúčastnit se Velkého regresu ve smyslu Geiselbergéra.

Co se týče politického tlaku, opět se jedná o psychologickou projekci - studie vznikala za absolvování mnoha kol zpětné vazby, což vyžadovalo značnou rezistenci k politickému tlaku (zodpovědnost vědců objektivně informovat veřejnost je věc zcela jiná), zatímco posudek byl psán evidentně narychlo jako ústupek politickému tlaku.

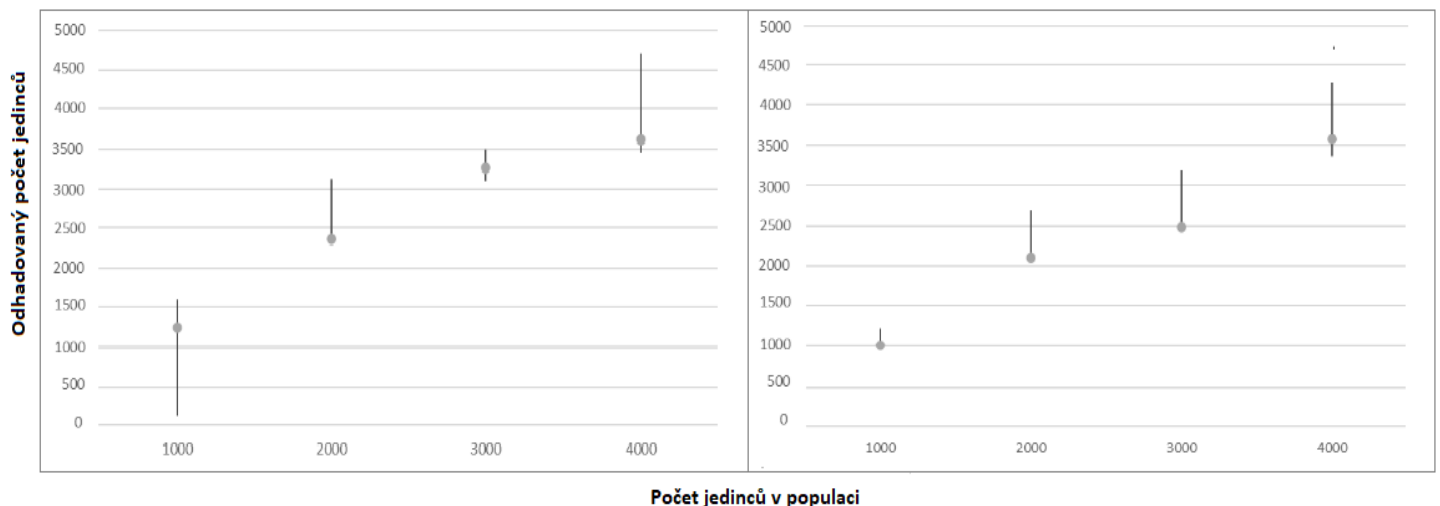
Vznesením viacerých – viac či menej – závažných pripomienok

Výše ukazujeme, že mnohé z týchto pripomínek jsou založené na chybných nebo diskutabilních premisách.

k predloženej štúdiu sme určite nechceli kritizovať odborné schopnosti autorov, ktorí sa pokúsili z nazbieraného materiálu vyťažiť maximum informácií. Hlavnou príčinou problému je jednoznačne nedostatočné vzorkovanie populácie v teréne.

Zaprvé, pro CMR štúdiu není rozhodující počet vzorků, ale počet genotypů. Zde nezáleží jen na jejich kvantitě, ale i na kvalitě (ta je pro určení identit podstatná). Současná studie použila pravděpodobněji přísnější filtrování kvality dat (ale s jistotou to bude možné tvrdit až po sjednocení metodiky). Předchozí komentář má evokovat, že záleží jen na kvantitě dat, klíčová je ovšem i kvalita.

Zadruhé, posudek prostupuje nepochopení mnohých aspektů matematické podstaty studie (viz komentáře výše). V Obr. A4 jsou uvedeny výsledky simulační studie, které ukazují, jak by vypadaly při daném počtu vzorků odhady velikosti populace v programu CAPWIRE, pokud by bylo vzorkováno z výrazně větší populace, jak tvrdí recenzenti. Z grafu na Obr. A1 vyplývá, že správnost konverguje k reálným hodnotám poměrně brzy, excesivní vzorkování má pak spíš vliv na přesnost odhadu a nikoli jeho správnost.



Obr. A4. Odhad velikosti populace pomocí softwaru CAPWIRE model - TIRM (osa y) z fixní velikosti počtu vzorků (696) odpovídající počtu vzorků získanému ve druhé sezóně a dané velikosti populace (osa x). Vlevo jsou zobrazeny výsledky ze simulovaných datasetů vytvořených na základě uniformní distribuce s pravděpodobností záchytu jedince 1-100% a vpravo pro gamma distribuci z parametrů získaných na základě reálných dat.

Musíme len súhlasiť s tvrdením autorov, že napriek použitiu rovnakých laboratórných postupov a štatistických analýz, kvôli odlišnostiam v metodike nie je možné výsledky porovnávať absolútne. Ale naopak, myslíme si, že výsledky je možné a potrebné porovnávať relatívne s ohľadom na okolnosti zberu vzoriek. Po detailnom preštudovaní použitej metodiky a prezentovaných výsledkov sme presvedčení, že v predkladanej štúdiu je dostatok nepriamych dôkazov o náraste početnosti medveďa na Slovensku v porovnaní s posledným genetickým monitoringom v rokoch 2012–2015.

Závěry ve finální verzi studie jsme se pokusili přeformulovat tak, aby byly maximálně opatrné a nedávaly prostor pro vznik nedorozumění. Oponenti ovšem nepředkládají žádná data ani

analýzy, ktoré by naznačovali výše uvedenou interpretaci. Stejně tak bychom mohli tvrdit, že pokud by platilo uváděné nižší množství vzorků v nové studii, zároveň pozorovaný vyšší recapture rate, představují nepřímé důkazy o zmenšení populace. Namísto zveřejňování spekulací znovu (po několika neúspěšných pokusech) navrhujeme vědeckou spolupráci na finálním sjednocení datasetů a metodik stávající a předchozí studie, aby mohla být veřejnosti předložena fakta.

Ak majú byť výsledky aktuálnej štúdie využité v programe starostlivosti o medveďa hnedého na Slovensku, je potrebné ich interpretovať objektívne a komplexne. Zvlášť je dôležité aby interpretácia výsledkov bola konzistentná už v abstrakte, ktorému bude asi drvivá väčšina čitateľov venovať najväčšiu pozornosť. Preto navrhujeme aby sa vo finálnej verzii správy (aj v abstrakte) jasne uviedlo, že:

1. Jednalo sa o náhodný a nesystematický zber,

Není definováno, co se myslí pojmem „náhodný a nesystematický sber“. Metoda CMR má specifické požadavky, některé modely právě vyžadují stochasticitu a odchylky od ní představují porušení předpokladu metody.

pričom v druhej sezóne s dvojnásobným počtom vzoriek sa opätovne zachytilo menej ako 6 % unikátnych jedincov z prvej sezóny.

Viz odpověď na toto téma výše, toto není platný argument.

Počet identifikovaných jedincov úmerne stúpал s pribúdajúcimi genotypmi,

To je nonsens - je evokováno, že se jedná o přímou úměru, což ovšem neodpovídá realitě.

čo svedčí o nedostatočnom ovzorkovaní populácie.

To je mylný závěr, viz simulační studie a další odpovědi.

2. Podobnosť rozloženia vzoriek v priestore medzi aktuálnou a predchádzajúcou štúdiou bola nízka (66 %). Narozdiel od prvého výskumu, keď sa zbierali vzorky najmä v jadre západokarpatského areálu medveďa, v aktuálnom výskume vzorky pochádzali najmä z jeho okrajových častí.

Viz komentář výše.

Kvôli nedostatku vzoriek nebolo možné ani objektívne modelovať odhad veľkosti populácie v kľúčových jadrových územia ako NAPANT a TANAP.

Viz komentář výše.

3. Zo získaných dát nie je možné urobiť odhad početnosti medveďa pre celé Slovensko, ale len vo vybraných územiach areálu,

Opět, není možné odlišit různou intenzitu vzorkování a lokální změny početnosti. Jinak viz komentáře k přístupu SECR.

avšak relatívne porovnanie s predchádzajúcou štúdiou v kontexte metodických rozdielov naznačuje zväčšenie populácie na Slovensku za necelú dekádu.

Oponenti nepředkládají žádná data ani analýzy, které by naznačovaly takovou interpretaci. Závěry ve finální verzi studie jsme se pokusili přeformulovat tak, aby byly maximálně opatrné a nedávaly prostor pro vznik nedorozumění. Např.: „Prozatím neexistují data a analýzy, které by naznačovaly zvětšování populace medvěda na Slovensku. Přesnější informace o trendech této populace bude možné zformulovat po finálním sladění metodiky studií z let 2013–2014 a 2019–2021“.

Osobitným prínosom realizovaného výskumu je poznanie, že takto navrhnutý monitoring medveďa nie je ďalej zmysluplné aplikovať pre relatívne veľkú populáciu. V tejto fáze, už asi nie je užitočné ani míňať energiu na vyladovanie použitých metodík a opätovné analyzovanie vzoriek.

Hodnocení jako *smysluplné* a *užitečné* jsou bohužel poněkud subjektivní.

Do budúcnosti navrhujeme aby sa zber dát vykonával systematicky iba na obmedzenom počte vybraných plôch (napr. kvadráty 10×10 km) reprezentujúcich variabilitu identifikovaných genetických sub-populácií, ich biotopov a environmentálnych charakteristík. Týmto spôsobom sa dosiahne dostatočne presný odhad trendu zmien početnosti (Mumma et al. 2015, Kendal et al. 2019), pričom sa výrazne zníži časová aj finančná náročnosť výskumu.

Každá stratégia má svá pro a proti. Zaprvé, u menších ploch existuje větší pravděpodobnost imigrace - emigrace. Zadruhé, v tak heterogenní krajině jako představuje Slovensko existuje problém s výběrem reprezentativních ploch - každý typ prostředí podléhá jiným antropogenním vlivům, které jsou v posledních dekádách poměrně dramatické (změny v lesnickém a zemědělském hospodaření, přikrmování, turismus) aj.

Taktiež kombinácia viacerých metodických prístupov poskytne komplexnejšiu informáciu o demografii druhu.

V rámci projektu *Velké šelmy 2* byly použity různé metodické přístupy, jejich integrace probíhá nad rámec této studie.

Na záver sa chceme poďakovať vedeniu Štátnej ochrany prírody SR, že sme boli poctení možnosťou oponovať túto štúdiu a veríme, že spoločné úsilie v hľadani „pravdy o medveďovi“ posluži na prospech druhu a celej spoločnosti.

Ex scientia, veritas!

S úctou,

Ing. Peter Klinga, PhD. Mgr. Peter Kaňuch, PhD.

výskumník v oblasti ochranárskej genetiky samostatný vedecký pracovník,

Lesnícka fakulta TU vo Zvolene odd. evolučnej a behaviorálnej ekológie

Ústav ekológie lesa SAV vo Zvolene

Zvolen, 12. 12. 2022

Teatrálnej zvolání na závěr opět vzdaluje text vědeckému žánru. O tom, zda je tento posudek v souladu s uvedeným heslem, nechť si čtenář udělá obrázek sám. Strážlivý vědec by měl ovšem veřejnosti spíše vysvětlovat, že síla moderní vědy spočívá i v tom, že neoperuje s pojmem *pravda*, ale s pojmem *hypotéza* a i jinak vychází z metodologie Poppera a jeho následovníků. Tím se věda liší např. od politiky nebo náboženství.

O osudu medvěďů na Slovensku samozřejmě rozhodnou občané Slovenska přes své volené zástupce. Naší povinností je konat svou práci - tedy aplikovat postupy moderní přírodovědy i na toto téma a konstatovat, že populace medvěďů na Slovensku je z evolučně genetického pohledu populace malá, vliv stochastických faktorů je tedy velký a myslitelné jsou i negativní scénáře vývoje početnosti.

Za autorský tým Mgr. Nikola Tkáčová, Mgr. Jana Šrutová a doc. RNDr. Pavel Hulva, Ph.D.

Katedra zoologie, Přírodovědecká fakulta, Univerzita Karlova

Použitá literatura

Andresen M.A. (2016) An area-based nonparametric spatial point pattern test: the test, its applications, and the future. *Methodological Innovations* 9: 1–11.

Creel S., Spong G., Sands J.L., Rotella J., Zeigle J., Joe L., Murphy K.M. & Smith D. (2003) Population size estimation in Yellowstone wolves with error-prone noninvasive microsatellite genotypes. *Molecular Ecology* 12: 2003–2009.

Engel T., Blowes S.A., McGlinn D.J., May F., Gotelli N.J., McGill B.J. & Chase J.M. (2021) Using coverage-based rarefaction to infer non-random species distributions. *Ecosphere* 12: e03745.

Gerber L. & González-Suárez M. (2010) Population viability analysis: Origins and contributions. *Nature Education Knowledge* 3:15.

Hoban S., Bruford M., D'Urban Jackson J., et al. (2020) Genetic diversity targets and indicators in the CBD post-2020 global biodiversity framework must be improved. *Biological Conservation* 248: 108654.

Kendall K.C., Graves T.A., Royle J.A., Macleod A.C., McKelvey K.S., Boulanger J. & Waller J.S. (2019) Using bear rub data and spatial capture-recapture models to estimate trend in a brown bear population. *Scientific Reports* 9: 16804.

McLellan B.N. (2005) Sexually selected infanticide in grizzly bears: the effects of hunting on cub survival. *Ursus* 16:141–156.

Mumma M.A., Zieminski C., Fuller T.K., Mahoney S.P. & Waits L.P. (2015) Evaluating noninvasive genetic sampling techniques to estimate large carnivore abundance. *Molecular Ecology Resources* 15: 1133–1144.

Paule L. (2015) Odhad veľkosti populácie medveďa hnedého na Slovensku na základe genetických analýz. Pp.: 73–84. In: Lešová A. & Antal V. (eds.) *Ochrana a manažment veľkých šeliem na Slovensku*. Štátna ochrana prírody SR, Banská Bystrica.

Royle J.A., Kéry M. & Guélat J. (2011) Spatial capture-recapture models for search-encounter data. *Methods in Ecology and Evolution* 2: 602–611.

Royle J.A. & Young K.G. (2008) A hierarchical model for spatial capture-recapture data. *Ecology* 89: 2281–2289.

Steenbeek W., Vandeviver C., Andresen M.A., Malleson N. & Wheeler A. (2022) sppt: spatial point pattern test. R package version 0.2.3. <https://github.com/wsteenbeek/sppt>

Steyaert S.M.J.G., Reusch C., Brunberg S., Swenson J.E., Hackländer K. & Zedrosser A. (2013) Infanticide as a male reproductive strategy has a nutritive risk effect in brown bears. *Biology Letters* 9: 201306242.

Tumendemberel O., Tebbenkamp J.M., Zedrosser A., Proctor M.F., Blomberg E.J., Morin D.J., Rosell F., Reynolds H. V., Adams J. R. & Waits L.P. (2021) Long-term monitoring using DNA sampling reveals the dire demographic status of the critically endangered Gobi bear. *Ecosphere* 12: 96–111.

Použitá literatúra

Hoban, S., Bruford, M., D'Urban Jackson, J., Lopes-Fernandes, M., Heuertz, M., Hohenlohe, P. A., Paz-Vinas, I., Sjögren-Gulve, P., Segelbacher, G., Vernesi, C., Aitken, S., Bertola, L. D., Bloomer, P., Breed, M., Rodríguez-Correa, H., Funk, W. C., Grueber, C. E., Hunter, M. E., Jaffe, R., ... Laikre, L. (2020). Genetic diversity targets and indicators in the CBD post-2020

Global Biodiversity Framework must be improved. *Biological Conservation*, 248, 108654. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2020.108654>

Hulva, P. (2022). *Sú medvede naozaj premnožené?* NOVINY.SK. <https://plus.noviny.sk/24podcast/704148-su-medvede-naozaj-premnozene>

Kliment, J., Turis, P., & Janišová, M. (2016). Taxa of vascular plants endemic to the Carpathian Mts. *Preslia*, 88(1), 19–76.

Paule, L. (2015). Odhad veľkosti populácie medveďa hnedého na Slovensku na základe genetických analýz. In A. Lešová & V. Antal (Eds.), *Ochrana a manažment veľkých šeliem na Slovensku* (pp. 73–84). Štátna ochrana prírody SR.

Rigg, R., & Adamec, M. (2007). Status, ecology and management of the brown bear (*Ursus arctos*) in Slovakia. In *Slovak Wildlife Society. SWS – Slovak Wildlife Society*, Liptovský Hrádok, Slovakia.

Ripple, W. J., Estes, J. A., Beschta, R. L., Wilmers, C. C., Ritchie, E. G., Hebblewhite, M., Berger, J., Elmhagen, B., Letnic, M., Nelson, M. P., Schmitz, O. J., Smith, D. W., Wallach, A. D., & Wirsing, A. J. (2014). Status and Ecological Effects of the World's Largest Carnivores. *Science*, 343(6167). <https://doi.org/10.1126/science.1241484>

Skuban, M., Find'o, S., & Kajba, M. (2016). Human impacts on bear feeding habits and habitat selection in the Poľana Mountains, Slovakia. *European Journal of Wildlife Research*, 62(3), 353–364. <https://doi.org/10.1007/s10344-016-1009-x>

Straka, M., Paule, L., Ionescu, O., Štofík, J., & Adamec, M. (2012). Microsatellite diversity and structure of Carpathian brown bears (*Ursus arctos*): Consequences of human caused fragmentation. *Conservation Genetics*, 13(1), 153–164. <https://doi.org/10.1007/s10592-011-0271-4>

Wikipedia contributors. (2022). *Divisions of the Carpathians*. Wikipedia, The Free Encyclopedia. https://en.wikipedia.org/wiki/Divisions_of_the_Carpathians