



Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Titlu Proiect: "Implementarea Planului național de acțiune pentru
conservarea populației de urs brun din România"

Cod SMIS 2014+ 136899 Cod SMIS 2021+ 319056

**Studiu privind analiza probelor genetice, stabilirea numărului
minim de indivizi la nivel național, a diversității genetice și a
structurii populaționale**

**Activitatea 1. Monitorizarea și estimarea genetică a populației de
urs brun**

**Subactivitatea 1.5. Analiza probelor genetice, stabilirea numărului
minim de indivizi la nivel național și stabilirea diversității genetice
și a potențialului evolutiv al speciei**

Raport sintetic

Noiembrie 2025



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Cuprins

Preambul.....	3
Introducere	5
Dezvoltarea și implementarea infrastructurii și metodologiei de laborator	7
Modernizarea și digitalizarea fluxului de lucru	7
Implementarea cerințelor SR EN ISO/IEC 17025:2018	8
Fundamentarea științifică și metodologia de monitorizare genetică non-invazivă.....	9
Capacități operaționale: infrastructura de colectare, infrastructura digitală și testarea în laborator	11
Metodologie.....	11
Localizarea studiului.....	11
Colectarea, recepția și indexarea probelor	12
Procesarea probelor în laborator	13
Procesarea datelor	16
Rezultate	20
Conceperea ghidurilor și instrucțiunilor de recoltare și organizarea sesiunilor de instruire	20
Îmbunătățirea capacității Laboratorului de Genetică Moleculară și bazele monitorizării pe termen lung	22
Dezvoltarea și utilizarea aplicației GenUrs.....	25
Colectarea probelor	28
Genotiparea probelor și identificarea indivizilor pe baza rezultatelor	30
Analizele de capturare-recapturare spațial explicite și capturare-marcare-recapturare	34
Explorarea parametrilor genetici, a structurii populaționale, a fluxului de gene și a dimensiunea efectivă a populației.....	47
Planul de monitorizare genetică pe termen lung a speciei, infrastructura și resursele asociate	57
Referințe bibliografice.....	59



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Preambul

Prezentul studiu a fost elaborat în cadrul proiectului finanțat în Etapa 1 prin Programul Operațional Infrastructură Mare (POIM) și fazat, respective continuat în Etapa 2 prin Programul Dezvoltare Durabilă (PDD), conform contractelor de finanțare aferente. Documentul constituie un material tehnico-științific integrat, destinat utilizării instituționale interne și verificărilor realizate de autoritățile competente.

Având în vedere caracterul său de lucrare intelectuală și tehnico-științifică, studiul include informații a căror dezvăluire integrală este exceptată de la accesul liber al cetățenilor, în conformitate cu prevederile art. 12 alin. (1) lit. c) din Legea nr. 544/2001 privind liberul acces la informațiile de interes public, cu modificările și completările ulterioare, publicitatea acestor informații putând aduce atingere dreptului de proprietate intelectuală.

În acest sens, precizăm că divulgarea informațiilor tehnice, științifice și operaționale din cadrul studiului poate afecta cercetarea, procesele tehnice, integritatea rezultatelor sau derularea unor proiecte similare.

În consens cu cele menționate anterior, amintim și dispozițiile art. 12 alin. (1) lit. e) din Hotărârea Guvernului nr. 878/2005 privind accesul publicului la informația privind mediul, cu modificările și completările ulterioare, care reglementează anumite excepții referitoare la publicitatea informațiilor privind mediul. Astfel, autoritățile publice au posibilitatea de a refuza o cerere având ca obiect solicitarea de informații privind mediul, în cazul în care divulgarea acestor informații afectează drepturile de proprietate intelectuală.

Hotărârea Guvernului nr. 878/2005, cu modificările și completările ulterioare a transpus în legislația națională Directiva 2003/4/CE a Parlamentului European și a Consiliului din 28 ianuarie 2003 privind accesul publicului la informațiile despre mediu și abrogare a Directivei 90/313/CEE a Consiliului și asigură furnizarea informațiilor privind mediul în conformitate cu Convenția privind accesul la informație, participarea publicului la luarea deciziei și accesul la justiție în probleme de mediu, semnată la Aarhus la 25 iunie 1998, ratificată prin Legea nr. 86/2000.

Prevederile art. 4 alin. (4) lit. d) și e) din Convenția de la Aarhus permit autorităților publice să refuze temporar furnizarea informațiilor privind mediul, în cazul în care divulgarea acestora ar putea avea un efect negativ asupra caracterului confidențial al informațiilor comerciale și industriale protejate de lege, în scopul apărării unui interes economic legitim, precum și în cazul în care ar afecta drepturile de proprietate intelectuală.

Așadar, această prevedere este interpretată ca fiind aplicabilă și pentru a acoperi date rezultate din activități de cercetare științifică în curs de validare, care pot constitui proprietate intelectuală sau know-how strategic, susceptibil de valorificare științifică și instituțională.





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Reglementările enunțate sunt armonizate și cu Directivele europene privind reutilizarea informațiilor din sectorul public (2003/98/CE, 2013/37/UE, 2019/1024/UE), precum și cu Regulamentul UE 2023/2854 din domeniul protecției datelor științifice nepublicate.

De asemenea, cu privire la domeniul proprietății intelectuale, menționăm faptul că documentul conține și elemente protejate prin Legea nr. 8/1996 privind dreptul de autor și drepturile conexe, cu modificările și completările ulterioare.

Conform art. 7 și 12 din aceeași lege, operele originale de creație intelectuală în domeniul științific, oricare ar fi modalitatea de creație, modul sau forma de exprimare și independent de valoarea și destinația lor, cum ar fi studiile, proiectele și documentațiile științifice, constituie obiect al dreptului de autor, iar autorul operei are dreptul patrimonial exclusiv de a decide dacă, în ce mod și când va fi utilizată opera sa, inclusiv de a consimți la utilizarea operei de către alții.

Astfel, diseminarea, reproducerea, adaptarea sau transmiterea neautorizată, totală, a prezentului material, în alte scopuri decât derularea proiectului și îndeplinirea obligațiilor față de Autoritatea de Management, organismele intermediare, structurile de audit, Curtea de Conturi, respectiv Comisia Europeană, este strict interzisă.

Transmiterea neautorizată poate atrage consecințele prevăzute de legislația în vigoare, inclusiv sancțiuni pentru divulgarea de informații exceptate potrivit Legii nr. 544/2001, cu modificările și completările ulterioare, răspunderea administrativă și patrimonială conform Ordonanței de urgență a Guvernului nr. 57/2019 privind Codul administrativ, cu modificările și completările ulterioare, încălcarea drepturilor de autor potrivit Legii nr. 8/1996, cu modificările și completările ulterioare, precum și potențiale măsuri corective financiare în cadrul mecanismelor de control aferente programelor POIM și PDD.



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Introducere

Ursul brun (*Ursus arctos* L.), cel mai mare carnivor din Europa, a fost supus de-a lungul timpului unor multiple amenințări, însă și-a recuperat o parte semnificativă din arealul istoric și, conform studiului lui Chapron et al., (2014), se află, în prezent, în expansiune în regiuni din care fusese anterior dispărut. În prezent, arealul ocupat de ursul brun în Europa este estimat la aproximativ 1,2 milioane km², ceea ce reprezintă o creștere de 4,6% față de anul 2016 (Kaczensky et al., 2024).

Cea mai mare populație de urs brun din Europa se regăsește în Munții Carpați, distribuția speciei având un caracter transfrontalier, acoperind teritoriile Poloniei, Slovaciei, Ucrainei, României și Serbiei, cea mai mare concentrare fiind localizată în România. Prezențe ocazionale au fost raportate și în Ungaria și Republica Cehă. La nivelul întregului lanț carpatic s-au înregistrat creșteri ale ariei de distribuție a speciei. În ceea ce privește distribuția populației, aceasta a fost de aproximativ 28000 de km² în perioada 1960-1970, evoluând la 65000 km² în anul 2005. Ulterior, în cadrul proiectului Life for Bear, distribuția a fost evaluată la 69000 km² (2014-2017) (Jurj et al., 2021). Pentru perioada 2013–2018, distribuția actualizată a speciei a fost estimată la 81700 km², iar pentru perioada 2019–2024 s-a înregistrat o creștere semnificativă, ajungând la 110000 km². În România, populația de urs brun a înregistrat creșteri semnificative în ultimii ani (conform raportului de țară - *Directiva Habitare Articolul 17*).

Dacă în jurul anului 1950 populația s-a situat la minimul de 860 de exemplare (Jurj et al., 2021), conform raportărilor din cadrul Directivei Habitare – Articolul 17, pentru perioada 2013–2018 s-a estimat o mărime a populației cuprinsă între 6450 și 7200 de exemplare, iar pentru perioada 2019–2024, între 9487 și 10657 de exemplare. Totodată, studiul realizat în anul 2022 privind estimarea populațiilor de urs, râs și pisică sălbatică din România (*Ursus arctos*, *Lynx lynx* și *Felis silvestris*) indică pentru ursul brun o populație estimată de 7410 - 8590 de indivizi.

Metodele non-invazive de tip capturare - marcare - recapturare au revoluționat monitorizarea populațiilor de carnivore mari, în special a speciei *Ursus arctos*. Aceste tehnici utilizează ADN extras din fire de păr, excremente sau alte urme biologice pentru identificarea



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



indivizilor, estimarea abundenței, evaluarea diversității genetice, a structurii populaționale, a fluxului genic și a potențialului evolutiv, fără a necesita manipularea sau deranjarea directă a animalelor.

În ceea ce privește estimarea abundenței urșilor bruni în Europa, aplicarea metodelor de capturare – marcare - recapturare bazate pe analize genetice a condus, în ultimii ani, la progrese semnificative, oferind rezultate relevante pentru managementul și conservarea speciei. Populațiile de urs brun din Europa prezintă o diversitate genetică variabilă, influențată de istoria demografică, fragmentarea habitatului și presiunea antropică. Populația de urs brun din Munții Carpați este considerată una dintre populațiile cu cea mai mare diversitate genetică din Europa, fiind mai puțin afectată de impactul antropic datorită habitatelor extinse, care au acționat ca refugii.

În ceea ce privește situația genetică a populației de urs brun din România, un studiu elaborat de Fedorca et al., (2019) și publicat în *Nature Scientific Reports*, în care s-au analizat 199 de probe genetice colectate în perioada 2011–2013, din întreaga arie de distribuție a speciei, a evidențiat o diversitate genetică ridicată. Rezultatele au sugerat existența unei populații continue în Carpați, fără discontinuități genetice majore. Totodată, analiza spațială a evidențiat corelații semnificative între variația genetică și structura geografică a populației (Fedorca et al., 2019). În acest context, autorii au propus măsuri de reducere a impactului infrastructurii de transport, cu scopul menținerii conectivității genetice de-a lungul lanțului carpatic.

Pe baza acestor considerente, scopul prezentului raport este de a evalua populația de urs brun din România, utilizând date recente privind abundența și structura genetică, pentru a contribui la elaborarea unor strategii eficiente de conservare și management durabil, inclusiv prin dezvoltarea unui plan de monitorizare genetică pe termen lung.

Primul obiectiv major al proiectului l-a reprezentat determinarea mărimii populației de urs brun și stabilirea numărului minim de indivizi la nivel național prin studii genetice. Acesta s-a realizat prin analiza probelor colectate, identificarea genetică a indivizilor, estimarea densităților și abundenței speciei, evaluarea diversității genetice, a structurii populaționale și a potențialului evolutiv.



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Dezvoltarea și implementarea infrastructurii și metodologiei de laborator

Modernizarea și digitalizarea fluxului de lucru

Pentru implementarea unui proiect de o asemenea amploare, Laboratorul de Genetică Moleculară al INCDS „Marin Drăcea”, operațional de o perioadă îndelungată și dotat progresiv cu infrastructură specializată începând cu anul 2008, a necesitat optimizarea fluxului intern de lucru.

În cadrul proiectului, laboratorul (Figura 1) a beneficiat de noi echipamente și actualizări tehnologice, menite să îmbunătățească eficiența proceselor de analiză genetică și gestionarea datelor. Totodată, *Ministerul Mediului, Apelor și Pădurilor* a dezvoltat aplicația mobilă *GenUrs*, integrată cu platforma informatică deja existentă la INCDS „Marin Drăcea” – DNAWildlife. Această integrare digitală a asigurat trasabilitatea completă și transparența procesului de recoltare, a transportului și analizei probelor genetice utilizate în monitorizarea populației de urs brun.



Figura 1. Laboratorul de Genetică Moleculară al INCDS „Marin Drăcea”



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Infrastructura laboratorului a fost completată cu echipamente performante, care permit automatizarea și standardizarea etapelor de lucru, după cum urmează: a) robot multifuncțional - Hamilton; b) robot de pregătire a plăcilor de amplificare a ADN-ului - Hamilton; c) imprimantă și cititor de coduri de bare, pentru gestionarea și trasabilitatea probelor; d) secvențiator ABI 3500XL Genetic Analyzer, echipat cu software-ul GeneMapper Full V6 pentru analiza genetică; e) robot pentru înfolierea plăcilor.

Etapă de recoltare a probelor din teren a presupus o serie de etape ce au inclus pregătirea infrastructurii de colectare, recoltarea cu ajutorul aplicației mobile și recepționarea/stocarea probelor la sediul INCDS „Marin Drăcea”.

Implementarea cerințelor SR EN ISO/IEC 17025:2018

Sistemul de management implementat în cadrul Laboratorului de Genetică Moleculară al INCDS „Marin Drăcea” este conform SR EN ISO/IEC 17025:2018, care stabilește cerințele privind competența laboratoarelor de încercări și etalonări. Acesta include politici, manualul calității, proceduri generale și specifice, instrucțiuni de lucru și formulare operaționale, toate gestionate printr-un sistem riguros de control documentar. Imparțialitatea și confidențialitatea sunt garantate prin politici dedicate și printr-un proces permanent de analiză a riscurilor, care asigură faptul că toate rezultatele obținute sunt independente, obiective și protejate de influențe interne și externe.

Structura organizatorică a laboratorului este clar definită, conform organigramei, cu atribuții și responsabilități distribuite transparent între nivelurile de management și personalul tehnic. Această organizare facilitează o comunicare eficientă și o coordonare optimă a activităților.

Laboratorul dispune de personal calificat și instruit, în conformitate cu cerințele SR ISO/IEC 17025:2018. Sesiunile de instruire se desfășoară periodic, vizând atât actualizarea cunoștințelor, cât și dezvoltarea de noi competențe pentru operarea echipamentelor moderne și pentru îmbunătățirea continuă a activității.

Întregul proces de lucru, de la transmiterea instrucțiunilor de prelevare a probelor până la analiza, validarea și raportarea rezultatelor, este reglementat prin proceduri proprii. Acestea



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



asigură acuratețea, repetabilitatea și robustețea datelor generate. Activitățile se desfășoară în spații distincte, dedicate fiecărei etape din fluxul de lucru, pentru a preveni contaminarea probelor și pentru a garanta integritatea rezultatelor.

În sprijinul menținerii calității, laboratorul participă periodic la teste de intercalibrare/intercomparare internaționale, care confirmă acuratețea și comparabilitatea rezultatelor obținute. De asemenea, se efectuează verificări regulate ale spațiilor de lucru, prin prelevarea de probe de suprafață, pentru a monitoriza potențiale contaminări.

Trasabilitatea măsurărilor și a condițiilor de lucru (temperatură, umiditate, stocare a reactivilor, funcționarea echipamentelor) este documentată și verificată permanent. Toate activitățile tehnice desfășurate în laborator sunt incluse în sistemul de management, fiind documentate, monitorizate și controlate în conformitate cu cerințele standardului.

Laboratorul derulează în mod continuu procese de evaluare a riscurilor, îmbunătățire și verificare a conformității, prin audituri interne. Acest cadru de management asigură menținerea competenței tehnice, integritatea rezultatelor și conformitatea cu cerințele SR ISO/IEC 17025:2018.

Fundamentarea științifică și metodologia de monitorizare genetică non-invazivă

Documentarea acestei secțiuni s-a realizat inclusiv prin intermediul a două articole științifice de tip peer-review, care oferă o sinteză relevantă a premiselor, metodologiilor, barierelor și provocărilor în procesele de monitorizare genetică non-invazivă. S-a urmărit modul în care complexitatea implementării variază în funcție de mărimea populației, de instrumentele disponibile (inclusiv tipurile de probe utilizate și numărul/ tipul de markeri genetici), de gradul de inovație al metodelor genetice non-invazive și de distribuția geografică (inclusiv acoperirea temporală și geografică), toate acestea influențând aplicabilitatea în cazul populațiilor de urs brun. Cele două articole (Baciu et al., 2022 și Ilinca et al., 2022), completate de alte analize metodologice în curs de publicare, constituie o bază științifică solidă pentru selecția instrumentelor și procedurilor utilizate la obținerea unor date genetice riguroase, comparabile și necesare pentru fundamentarea monitorizării populației de urs brun din România.



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Conform studiului realizat de Baciuc et al., (2022), tehnicile non-invazive, precum recoltarea probelor de fecale și păr, reprezintă instrumente eficiente pentru estimarea diversității genetice, a abundenței și a structurii populaționale. Autorii subliniază importanța standardizării etapelor de eșantionare și recomandă utilizarea unor metode moderne, precum kitul Isohelix pentru recoltarea celulelor epiteliale, care reduce erorile de manipulare și contribuie la menținerea calității ADN-ului, fără a necesita condiții speciale de depozitare sau transport. Implicarea echipelor formate din personal instruit și câini special dresați pentru identificarea probelor crește, de asemenea, eficiența procesului. Recoltările realizate în special în sezoanele de toamnă și iarnă s-au dovedit mai eficiente, întrucât probele sunt mai ușor de identificat în teren, iar degradarea lor se produce mai lent, un factor esențial pentru succesul extracției ADN-ului.

Studiul elaborat de Ilinca et al., (2022) evidențiază necesitatea armonizării metodologice și a unei colaborări transfrontaliere între țările carpatice pentru a depăși diferite limitări, care în general sunt legate de finanțare, infrastructură și standardizare. Utilizând analize statistice avansate, autorii identifică corelații semnificative între rata de utilizare a probelor non-invazive, tipologia probelor, markerii genetici și durata monitorizării. Totodată, studiul demonstrează că succesul unui program național de monitorizare genetică depinde nu doar de tehnologia utilizată, ci și de sprijinul instituțional, de transferul de cunoștințe și de corelarea datelor genetice cu parametrii ecologici. Ba mai mult, statele în curs de dezvoltare sunt într-adevăr afectate de costul acoperirii la scară largă și pe termen lung a studiilor genetice.

Monitorizarea genetică la scară largă a unei populații mari de urs brun reprezintă o provocare logistică și financiară; cu toate acestea, contribuțiile științifice sunt considerabile, în special pentru elaborarea și ajustarea strategiilor de conservare și management pe termen lung.

Metodologia adoptată se bazează pe utilizarea tehnicilor non-invazive validate științific, incluzând recoltarea de probe fecale și de păr, precum și integrarea unor metode inovative de colectare și analiză genetică, cum ar fi kitul Isohelix pentru prelevarea celulelor epiteliale. Totodată, acest proces trebuie susținut prin implicarea specialiștilor instruiți periodic, inclusiv a câinilor dresați pentru identificarea probelor, precum și prin cooperarea activă între partenerii proiectului. Întregul demers se desfășoară în cadrul unui protocol analitic



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



standardizat, aliniat bunelor practici internaționale. Prin această abordare integrată, monitorizarea genetică non-invazivă permite obținerea unor rezultate riguroase, comparabile și reproductibile, contribuind la consolidarea eforturilor de conservare și management ale populației de urs brun din România și la alinierea acestora la inițiativele și strategiile europene de conservare a biodiversității.

Capacități operaționale: infrastructura de colectare, infrastructura digitală și testarea în laborator

La începutul proiectului au fost implementate campanii de testare pentru fiecare etapă, cu scopul selectării metodelor optime, adecvate obiectivelor proiectului și realității din teren. Având în vedere volumul foarte mare de probe ce urmau a fi colectate și analizate, au fost testate diferite proceduri de recoltare non-invazivă, incluzând probe de fecale și de păr, stocate în medii variate și pre-procesate prin metode diferite, pentru a determina eficiența fiecărei abordări.

Au fost testate mai multe opțiuni de colectare și stocare a probelor, punându-se accent pe identificarea soluțiilor care asigură integritatea materialului genetic pe tot parcursul fluxului de lucru, de la momentul prelevării până la efectuarea analizelor de laborator.

În paralel, a fost evaluată și metodologia de analiză automată, complet trasabilă prin utilizarea unor coduri de bare unice, și aliniată la protocoalele internaționale. Aceasta a permis digitalizarea integrală a procesului, de la colectare până la generarea rezultatelor.

Metodologie

Localizarea studiului

Colectarea probelor a fost planificată pe întreaga durată a proiectului, pentru a permite atât estimarea populației, cât și determinarea structurii populaționale, a fluxului de gene și a potențialului evolutiv al speciei. Activitatea de recoltare a fost desfășurată în întreaga arie de distribuție a ursului brun în România (Figura 2). A fost aplicat un design de eșantionare, derulat



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



pe parcursul a trei ani: începând din toamna anului 2022, continuând pe tot parcursul anilor 2023 și 2024, iar etapele de recoltare s-au încheiat odată cu recepționarea finală a tuturor probelor la începutul anului 2025.

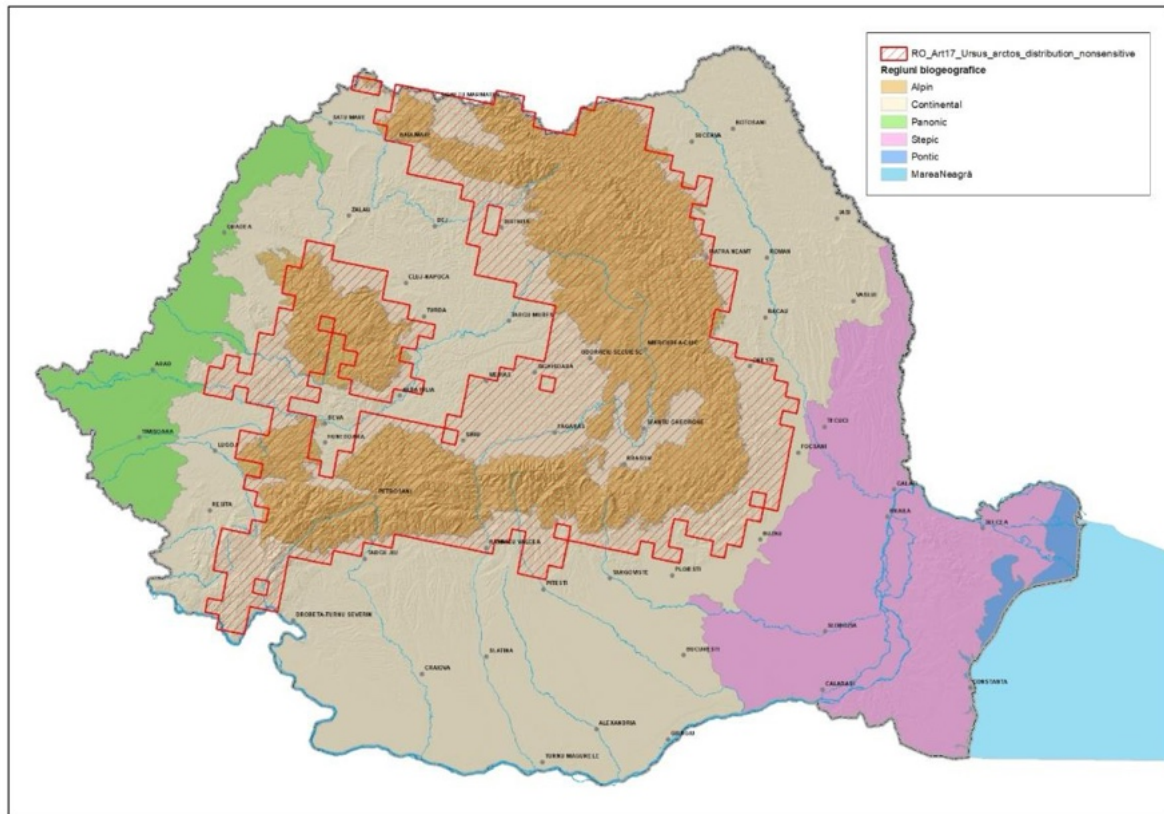


Figura 2. Aria de distribuție permanentă a ursului brun în România în anul 2022

Colectarea, recepția și indexarea probelor

Colectarea probelor biologice non-invasive (fecale și păr) s-a realizat în tuburi / plicuri individuale, marcate cu un cod unic de bare pentru asigurarea trasabilității complete. Pentru probele de fecale au fost utilizate tuburi Isohelix de 2 ml, prevăzute cu bețișoare sterile ambalate individual. Echipele de teren, formate din personalul proiectului și colaboratori specialiști, au parcurs suprafețele fondurilor cinegetice/ploturile de monitorizare, pornind de la zonele de conflict unde au fost instalate sistemele electrice de protecție, cu accent pe transecte predefinite revizitate periodic. Înainte de prelevare, fiecare probă a fost inspectată vizual pentru



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



a evalua prospețimea (conform scării de identificare pusă la dispoziție), fiind selectate în principal probe cu o vechime estimată de maximum trei zile.

Pentru recoltarea probelor de fecale s-a parcurs suprafața probei cu un bețișor steril, după care acesta a fost introdus în tubul cu soluție tampon și rupt la nivelul zonei marcate, urmată de sigilarea tubului cu tamponul complet imersat.

Probele de păr au fost colectate din instalații de tip coral sau arbore marcat - realizate din sârmă ghimpată, amplasate în zone de activitate intensă a urșilor. S-au utilizat mănuși și pensete sterile, astfel încât rădăcinile firelor de păr să fie păstrate intacte. Fiecare smoc sau grup de fire apropiate a fost tratat ca un eșantion distinct și introdus în plicuri opace preinscripționate cu coduri de bare.

Înregistrarea probelor s-a realizat prin aplicația mobilă *GenUrs*, prin scanarea codului unic al recipientului sau plicului. Aplicația a preluat automat coordonatele GPS și a permis completarea informațiilor suplimentare privind condițiile de recoltare, starea probei și observațiile relevante.

Probele au fost ulterior expediate către Laboratorul de Genetică Moleculară al INCDS „Marin Drăcea” prin curier sau predate personal de echipele din teren. Recepția s-a efectuat în camera de recepție, unde probele au fost verificate, sortate și pregătite pentru procesare.

Procesarea probelor în laborator

În cadrul studiilor genetice non-invazive de amploare, în special în cele care implică recoltarea firelor de păr sau a fecalelor pentru monitorizarea populațiilor de urs, controlul și prevenirea erorilor de genotipare reprezintă o componentă esențială pentru acuratețea identificării individuale și pentru robustețea estimărilor populaționale.

Toate etapele (izolare ADN, amplificare, analiză de fragmente) au fost efectuate în spații fizice separate. Au fost impuse reguli stricte privind mișcarea personalului, echipamentului și materialelor pentru a preveni contaminarea și s-au folosit în permanență soluții speciale (Clean PCR, Remove DNA) și lămpi UV pentru decontaminarea spațiului de lucru. Probele de păr s-au procesat în spații separate fizic, în altă clădire.



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Izolarea ADN

Protocolul de izolare a ADN-ului a fost conceput pentru a răspunde cerințelor de eficiență, reproductibilitate și repetabilitate, esențiale în contextul procesării unui volum mare de probe. În același timp, pentru a garanta obținerea unui material genetic de înaltă calitate și puritate, etapa de izolare a fost supusă unui proces riguros de optimizare.

Extragerea ADN-ului s-a realizat direct din lichidul conținut în tuburile de colectare Isohelix fără preprocesarea probei (aceasta este necesară în mod obișnuit în cazul materialului solid). Abordarea a permis reducerea semnificativă a riscului de contaminare și a crescut eficiența procesului.

Pentru a asigura consistența între extrageri și a minimiza intervenția umană, a fost implementat un protocol complet automatizat de izolare a ADN-ului, utilizând robotul Hamilton. Configurația, testarea pe eșantioane extinse și elaborarea protocoalelor de lucru, au fost dezvoltate la fața locului în colaborare cu echipa Omega BIO-TEK din Marea Britanie, pentru a garanta obținerea unor rezultate optime. Extracția s-a realizat cu ajutorul kitului Omega Mag-Bind® Universal Pathogen, care utilizează particule magnetice pentru purificarea ADN-ului. Protocolul are prevăzute etape automate de liza celulară, legare, spălare și eluție finală într-un tampon specializat.

Prin standardizarea și automatizarea procesului, protocolul propus reprezintă o soluție robustă, reproductibilă și aplicabilă la scară largă, facilitând obținerea unor date genetice de înaltă precizie, esențiale în cadrul studiilor genetice de mare amploare.

Reacția de polimerizare în lanț

Reacțiile de amplificare au fost realizate utilizând o enzimă de reacție testată și optimizată împreună cu distribuitorii Quantabio la fața locului. Amplificarea fragmentelor de ADN s-a realizat prin intermediul reacției de polimerizare în lanț, utilizând 15 microsateliți divizați în două multiplexe, incluzând un marker pentru determinarea sexului: SRY, G1A, G10B, G10C, G10L, G10H, MU50, MU59, MU15, MU51, G10D, MU11, MU05, MU09 și G10P (Paetkau et al., 1995, Taberlet et al., 1997, Paetkau et al., 1998, Bellemain și Taberlet 2004). Volumul amestecului de reacție a inclus mixul dezvoltat de Quantabio AccuStart, mix



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



de primeri specifici (Multiplex I sau Multiplex II), apă ultra pură și ADN genomic extras anterior. Pipetarea master mix-ului de reacție s-a făcut cu un robot de pipetare Hamilton, altul decât cel de extracție, pentru reducerea riscului contaminării. Pregătirea mastermix-ului s-a făcut într-o cameră dedicată, utilizând pipete electronice calibrate și etalonate conform SR EN ISO/IEC 17025:2018.

Reacțiile PCR au fost efectuate pe termociclere marca Kyrtec, etalonate și verificate în mod regulat pentru a asigura condiții constante și controlate pe durata acestora.

Având în vedere calitatea diferită a ADN-ului extras din probe de fecale și păr, ce poate influența eficiența amplificării, probele au fost supuse unor replicări succesive. Această strategie a fost adoptată pentru a garanta consistența, robustețea și specificitatea reacțiilor.

Analiza de fragmente

Protocoloalele de secvențiere utilizate pe sistemul ABI 3500xl Genetic Analyzer și cele de procesare a datelor în GeneMapper v6.0 au fost dezvoltate și implementate la fața locului în colaborare cu specialiștii și operatorii de distribuție ai *Thermo Fisher Scientific*. Pentru analiza produselor de amplificare prin electroforeză capilară, s-a utilizat polimerul POP-7, iar amestecul de reacție a fost compus din 1 μ L de produs PCR, 9 μ L de formamidă Hi-Di (Applied Biosystems) și 0,5 μ L de marker de mărime GeneScan™ 600 LIZ® Size Standard v2.0. Denaturarea amestecului s-a realizat prin incubare la 95°C timp de 3 minute, urmată de răcire imediată pe gheață, conform protocolului standard.

Identificarea și analiza genotipurilor

Identificarea corectă a indivizilor rezultați din analiza probelor non-invazive presupune utilizarea unui număr ridicat de markeri genetici pentru a evita comasarea indivizilor diferiți, fenomen frecvent întâlnit atunci când numărul acestora este redus. Literatura de specialitate recomandă utilizarea unui panel extins de markeri de tipul microsateliților (SSR) sau SNP-uri cu grad ridicat de polimorfism, datorită puterii lor crescute de discriminare individuală și a probabilității reduse de atribuire eronată (Waits et al., 2001; Morin et al., 2001).



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Pentru a fundamenta criteriile de acceptare a potrivirilor genetice, a fost utilizat un set extins de genotipuri provenite din probe de țesut, caracterizate prin rate foarte scăzute de eroare (Skrbinšek et al., 2012).

Pentru fiecare probă, genotipul final a fost stabilit prin obținerea unui genotip de consens. Conform standardelor internaționale în analiza probelor non-invasive (Taberlet et al., 1996; Bonin et al., 2004).

Au fost incluse probe blank/probe de control cu genotip cunoscut și proceduri riguroase de prevenire a contaminării, asigurând trasabilitatea completă a fiecărui pas al analizei.

Procesarea datelor

Explorarea parametrilor genetici, a structurii populaționale și a fluxului de gene

Setul genetic de date a fost preprocesat pentru identificarea profilurilor genetice redundante utilizând Allelematch (Galpern et al., 2012), iar probabilitatea de identitate (PID, PIDsibs) a fost estimată cu pachetele Adegenet (Jombart, 2008) și Poppr (Kamvar et al., 2014). Frecvența alelelor nule a fost evaluată cu Genepop v4.7.5 (Raymond & Rousset, 1995) și FreeNA (Chapuis & Estoup, 2007, 2009).

Indicii diversității genetice au fost estimați utilizând programe specifice: GenAlEx v6.5 (Peakall & Smouse, 2012), Genepop v4.7 (Rousset, 2008) și Adegenet.

Structura genetică a fost analizată prin metoda bayesiană implementată în STRUCTURE v2.2.3 (Pritchard et al., 2000). Determinarea valorii optime a lui K s-a realizat cu PopHelper (Evanno et al., 2005; Francis, 2017) și CLUMPP v1.1.2 (Jakobsson & Rosenberg, 2007). Pentru o analiză comparativă asupra structurii genetice, a fost utilizat și programul PopCluster v1.3.0.0 (Wang, 2022).

Modelele de diferențiere genetică spațială au fost investigate prin analiza sPCA (Jombart et al., 2008) utilizând triangulația Delaunay. Diferențierea genetică (F_{ST}) între clustere a fost estimată cu Arlequin v3.5.2.2 (Excoffier & Lischer, 2010).

Relațiile de rudenie au fost identificate prin metoda maximum-likelihood implementată în Colony v2.0.6.5 (Jones & Wang, 2010; Wang, 2004; 2012).



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Modelele de flux genetic au fost analizate cu EEMS (Petkova et al., 2016), folosind 14 configurații spațiale diferite și o selecție a modelului bazată pe coeficientul R^2 .

Modelarea habitatului potențial a integrat 14 straturi tematice raster și vectoriale, armonizate prin reproiectare, decupare și reeșantionare.

Analizele de capturare-marcare-recapturare și capturare-recapturare spațial explicite

Modelele capturare-marcare-recapturare utilizează metode statistice pentru estimarea mărimii populației, ratelor de supraviețuire și alți parametrii demografici care se bazează pe numărul de indivizii care au fost capturați, marcați și recapturați mai târziu (Jolly, 1982). Capturarea indivizilor sălbatici nu este un proces constant în timp și spațiu, abordarea capturare-marcare-recapturare este bazată pe un model complex care ține cont de probabilitatea variabilă de capturare a indivizilor (Moqanaki et al., 2022).

S-au utilizat mai multe metode de modelare, considerând criterii diferite pentru a avea în vedere toate aspectele posibile privitoare la design-ul de colectare, caracteristica datelor și cerințele speciei.

Metodele de capturare–recapturare spațial explicite, implementate prin pachetul oSCR (Sutherland et al., 2019), împreună cu modelele bayesiene pentru estimarea densității populaționale și algoritmi Markov chain Monte Carlo (MCMC) integrați în NIMBLE (Turek et al., 2021; de Valpine et al., 2017; NIMBLE Development Team, 2019), sunt recunoscute ca fiind printre cele mai robuste și precise abordări pentru estimarea densităților și a mărimii populațiilor de animale sălbate, în special pentru specii rare sau dificil de monitorizat, precum ursul brun. Aceste metode maximizează verosimilitatea istoricului capturărilor, integrează incertitudinea privind activitatea indivizilor și permit modelarea multi-sesiune și structurată pe sexe (Sutherland et al., 2019; Linden et al., 2018; Gardner et al., 2018; Efford și Schofield, 2019; Dupont et al., 2021; Romairone et al., 2018; Proffitt et al., 2015; Fukasawa și Higashide, 2025; Royle et al., 2018; Freeman et al., 2022; López-Bao et al., 2018; Crum et al., 2023; Efford și Boulanger, 2019; Connor et al., 2023; Burgar et al., 2018; Green et al., 2020; Royle et al., 2015; Durbach et al., 2020; Xiao et al., 2019).



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Modelele de capturare-recapturare spațial explicite rezolvă limitările majore ale metodelor clasice de capturare - marcarea - recapturare precum eterogenitatea detectabilității și definirea ariei efective de eșantionare (Sutherland et al., 2019; Royle et al., 2018; López-Bao et al., 2018; Efford și Boulanger, 2019; Green et al., 2020; Durbach et al., 2020). Prin integrarea explicită a informației spațiale, se estimează direct densitatea, supraviețuirea și recrutarea, acestea fiind validate pe scară largă pentru speciile de carnivore mari (Sutherland et al., 2019; Linden et al., 2018; Gardner et al., 2018; Romairone et al., 2018; Proffitt et al., 2015; Royle et al., 2018; Freeman et al., 2022; López-Bao et al., 2018; Crum et al., 2023; Efford și Boulanger, 2019; Connor et al., 2023; Bugar et al., 2018; Green et al., 2020; Royle et al., 2015; Durbach et al., 2020; Xiao et al., 2019).

Densitatea s-a determinat utilizând un model SCR de tip Bernoulli binomial. Estimarea medie a abundenței s-a realizat pentru fiecare județ, având la bază densitățile obținute pentru ambele sexe, raportate la habitatul favorabil al speciei, prin ajustarea raportului sexelor calculat pe baza probabilității de detecție a masculilor. Această abordare a permis pe de o parte corectarea potențialelor erori generate de diferențele de detectabilitate între sexe, iar pe de altă parte estimarea mai precisă a structurii populației (McKnight și Ligon 2017; Lounsberry et al., 2015; Brazeal et al., 2017).

Pentru modelele alternative de estimare non-spațiale au fost testate mai multe metode de tip capturare - marcarea - recapturare recunoscute internațional și validate în numeroase studii: Rcapture Mh Chao (Baillargeon și Rivest, 2007), Capwire TIRM (Miller et al., 2005) și MARK Huggins (White și Burnham, 1999). Toate aceste modele sunt adecvate pentru contexte în care detectabilitatea este variabilă între indivizi, o condiție tipică pentru studiile genetice non-invazive la mamifere mari (Boulanger et al., 2004, Kendall et al., 2009).

Pentru estimarea mărimii populației s-au considerat exclusiv probele colectate non - invaziv în perioada Martie – Decembrie 2023. Perioada de eșantionare analizată este anterioară sezonului de reproducere, ceea ce reduce probabilitatea ca evenimentele demografice asociate natalității să influențeze semnificativ distribuția indivizilor în teren. În plus, majoritatea cazurilor de mortalitate cunoscute au fost documentate și, acolo unde a fost posibil, au fost incluse în setul de date fiind tratate corespunzător în analiza statistică.



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Prin urmare, s-a presupus că populația eșantionată se comportă, în limite rezonabile, ca o populație demografic închisă, ipoteză susținută de caracteristicile ecologice ale populației de urs brun din România, care are o distribuție extinsă și relativ continuă în Carpați.

Având în vedere configurația habitatului și contextul geografic, populația poate fi considerată demografic închisă, având în vedere suprafața extinsă în care specia este prezentă și următoarele situații la graniță: a) în est și vest nu există habitat favorabil și coridoare funcționale care să permită intrări și ieșiri din populație; b) în nord există atât intrări cât și ieșiri din populație echilibrate și ne semnificative raportate la dimensiunea totală a populației de urs din România; c) în sud, schimburile cu populația din Serbia sunt extrem de reduse, Dunărea constituind o barieră naturală. Suprafața afectată de efectul de margine este marginală în raport cu aria totală eșantionată, care corespunde celei mai mari populații de urs din Europa. În consecință, considerăm că impactul potențial al abaterilor de la ipoteza de închidere este ne semnificativ. Estimările pot fi considerate valabile chiar și în condițiile unei eșantionări care acoperă un interval mai lung, atâta timp cât dinamica populației este relativ stabilă și evenimentele demografice sunt cunoscute și, acolo unde este posibil, integrate în analiză (Škrbinšek et al., 2017).

Deși, în sens strict biologic, populația nu poate fi complet închisă, întrucât migrația și mortalitatea sunt procese naturale continue, ipoteza de închidere demografică este acceptabilă din punct de vedere statistic. În general, în cazul unei populații mari și distribuite pe un areal extins, influența migrațiilor nete sau a altor abateri demografice punctuale este limitată și nu compromite validitatea generală a modelelor de tip capturare-marcare-recapturare aplicate (Iosif et al., 2021).

Pentru verificarea validității rezultatelor obținute a fost implementată și o analiză Markov chain Monte Carlo (MCMC) în cadrul pachetului *NIMBLE* (Turek et al., 2021; de Valpine et al., 2017; NIMBLE Development Team, 2019). De asemenea, a fost utilizat programul *SPACECAP* versiunea 1.0.6 în R versiunea 3.4.2 (Gopalaswamy et al., 2012), cu setări aliniate celor folosite în *oSCR*, pentru rularea unor modele bayesiene SECR destinate estimării densității populaționale.



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Rezultate

Conceperea ghidurilor și instrucțiunilor de recoltare și organizarea sesiunilor de instruire

S-au conceput ghiduri și instrucțiuni de recoltare (Figura 3 și Figura 4), filmulețe de prezentare ale metodologiei și s-au organizat sesiuni de instruire, creându-se totodată un grup digital tehnic de remediere a problematicilor, în care s-au sesizat dificultățile utilizatorilor, intervenindu-se punctual și prompt pentru soluționarea lor.

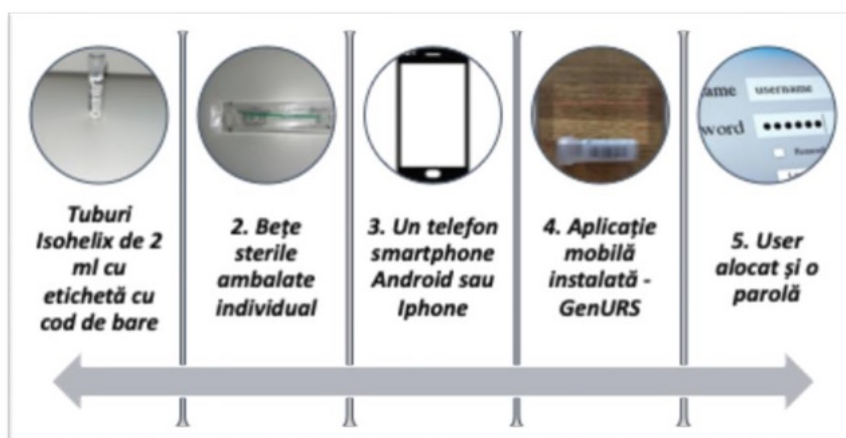


Figura 3. Infrastructura de colectare pentru probele de fecale

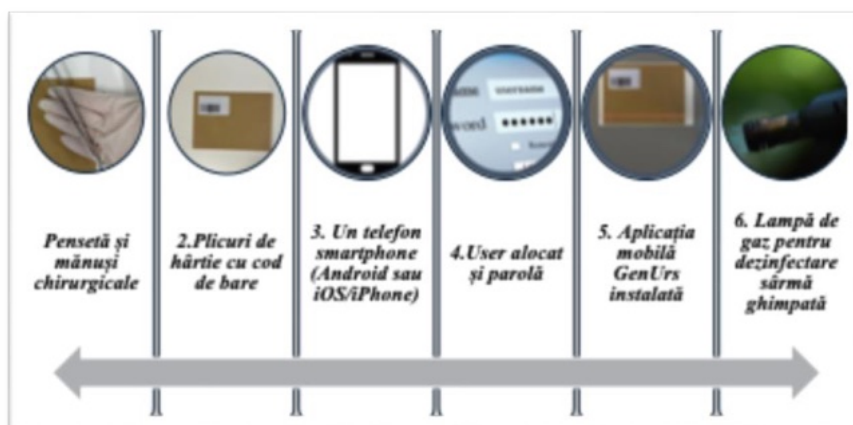


Figura 4. Infrastructura de colectare pentru probele de păr



Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Personalul INCDS „Marin Drăcea” a organizat campanii de instruire (Figura 5 și Figura 6) pentru personalul contractual și voluntari implicați în recoltarea probelor biologice dezvoltând astfel o rețea largă de specialiști în ecologie, biologie, silvicultură și cinegetică, specialiști care au participat la sesiuni practice și teoretice de pregătire, la care le-au fost prezentate în teren metoda de colectare, procedura de prelevare a probelor de fecale, instalarea capcanelor de păr și colectarea firelor de păr, respectiv utilizarea aplicației digitale *GenUrs*.



Figura 5. Sesiuni de instruire practice privind colectarea probelor de fecale



Figura 6. Sesiuni de instruire practice privind instalarea capcanelor de păr și colectarea probelor



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



INCDS „*Marin Drăcea*” a creat conturi individuale de utilizator în platforma *GenUrs*, fiecare cu nume de utilizator și parolă dedicate, care au fost distribuite specialiștilor implicați. În total, au fost înregistrați 800 de utilizatori activi. Pentru activitățile de prelevare, aceștia au utilizat kit-uri specializate Isohelix, concepute pentru stocarea eficientă a materialului biologic și adaptate colectării unui volum foarte mare de date la nivel național, precum și plicuri de hârtie opace pentru transportul și depozitarea firelor de păr. Pentru organizarea, monitorizarea și controlul permanent al activităților de eșantionare, a fost utilizată platforma informatică DNAWildlife a Laboratorului de Genetică Moleculară.

Probele colectate în tuburi Isohelix, au fost păstrate la temperatura camerei până la momentul recepției. Transportul acestora s-a realizat prin intermediul unui serviciu de curierat. Recepția probelor în laborator a fost documentată utilizând aceeași aplicație informatică, care a fost ulterior integrată în întregul flux de procesare și analiză de laborator.

Îmbunătățirea capacității Laboratorului de Genetică Moleculară și bazele monitorizării pe termen lung

Aplicația pentru colectarea informațiilor *GenUrs* a fost utilizată în cadrul proiectului de către toți utilizatorii care au recoltat probele în teren. Fiecărei probe i s-a atribuit un cod unic care a fost scanat în momentul recoltării. Astfel, aplicația a facilitat înregistrarea tuturor datelor și informațiilor referitoare la probă, precum data recoltării, tipul probei, județul și fondul cinegetic sau condițiile meteorologice. De asemenea, aplicația a permis localizarea probei în timp real și înregistrarea coordonatelor în mod electronic, pentru ca Laboratorul de Genetică Moleculară să poată avea acces la toate datele legate de recoltarea și localizarea probei (Figura 7). Astfel, s-a asigurat și optimizat procesul de recoltare a probelor din teren. În etapa de recepție a probelor codurile aferente acestora au fost scanate cu ajutorul cititorului de coduri de bare, evitând astfel erorile umane de tastare. Ulterior, probele au fost recepționate cu ajutorul aplicației mobile și înregistrate în sistem (Figura 8).



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Figura 7. Indexarea probelor cu ajutorul aplicației *GenUrs*

În cadrul etapei de pregătire a infrastructurii pentru etapa de recoltare s-a folosit o imprimantă pentru generarea și imprimarea codurilor de bare unice aferente probelor pentru recoltarea firelor de păr, asigurând astfel o identificare precisă și o trasabilitate completă. Etichetele generate au fost aplicate pe plicurile de recoltare, iar fiecare cod a fost atribuit unei probe unice, care a putut fi scanată în momentul recoltării utilizând aplicația mobilă.



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Figura 8. Scanarea probelor genetice

În urma testărilor comparative, metodele dezvoltate în colaborare cu Omega BIO-TEK pentru extracția ADN și cu Quanta Bio pentru amplificarea PCR s-au evidențiat prin performanțe superioare, oferind constant cel mai ridicat randament de extracție, stabilitate în amplificare și reproductibilitatea genotipurilor. Acestea au fost, astfel, selectate drept proceduri standard pentru implementarea finală în cadrul proiectului.

Analiza fragmentelor de ADN marcate fluorescent a fost realizată pe platforma ABI 3500 XL Genetic Analyzer. Procesul de analiză a fost optimizat și validat în colaborare cu echipele tehnice Thermo Fisher Scientific, asigurând reproductibilitatea și calitatea rezultatelor.

Optimizarea tehnicilor de extracție, amplificare și secvențiere

Selectarea acestor metode a fost fundamentată pe criterii esențiale pentru un program național de monitorizare genetică (specificitate, robustețe, repetabilitate, reproductibilitate și acuratețe) iar întregul proces analitic a fost integrat într-un flux complet trasabil prin coduri de bare și conectat la infrastructura digitală a laboratorului, în conformitate cu cerințele SR ISO/IEC 17025:2018. Prin această etapă, proiectul a stabilit un sistem modern, sigur și eficient



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



de analiză genetică, adaptat unui volum mare de probe și compatibil cu standardele internaționale. Rezultatele au fost intercalibrate cu două laboratoare internaționale acreditate, din Austria și Grecia. Toate etapele de prelucrare și analiză a probelor au fost efectuate în Laboratorul de Genetică Moleculară al INCDS „Marin Drăcea” autorizat, în conformitate cu procedurile și normele de calitate specifice.

Dezvoltarea și utilizarea aplicației GenUrs

GenUrs este o aplicație mobilă compatibilă Android și iOS dezvoltată pentru a digitaliza procesul de recoltare a probelor din teren (Figura 9). Astfel, probele genetice (plicuri și tuburi Isohelix) au avut asociate coduri de bare unice și au fost scanate automat cu ajutorul aplicației mobile.

Probele recoltate prin aplicația mobilă au avut asociate automat coordonatele geografice pentru a se evita erori involuntare. Aplicația mobilă a fost dezvoltată astfel încât să înregistreze cu precizie ridicată locația de recoltare chiar și în condiții de lipsa semnal internet.

Echipa proiectului, a putut vedea în timp real progresul recoltării probelor și distribuția geografică a acestora pentru a putea lua măsuri ce țin de concentrarea eforturilor de recoltare pe zonele insuficient acoperite. Un alt avantaj al aplicației îl reprezintă vizibilitatea în timp real a volumului de probe expediate de parteneri, ceea ce permite ajustarea aprovizionării și o planificare eficientă a resurselor. De asemenea, este important de menționat că aplicația *GenUrs* a fost concepută astfel încât să poată gestiona un număr foarte mare de utilizatori simultan (de ordinul miilor) fără riscul suprascrierii datelor sau al blocării interfeței de lucru.

Comunicarea cu nivelul API se face în mod criptat pe baza algoritmului Rijndael, algoritm AES (Advanced Encryption Standard) care este aprobat inclusiv pentru utilizarea documentelor cu grad ridicat de confidențialitate din guvernul SUA.

Aplicația mobilă este publicată în magazinele de aplicații Android și iOS. Aplicația este dezvoltată în Flutter, un *framework* bazat pe DART, pentru a avea un singur cod sursă atât pentru versiunea Android cât și pentru cea destinată dispozitivelor iOS. Aplicația oferă două



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





interfețe, una pentru parteneri și alta pentru utilizatorii de tip Laborant (ambele niveluri). Selecția interfeței de afișat se determină încă de la *login*, în funcție de rolul fiecărui utilizator.

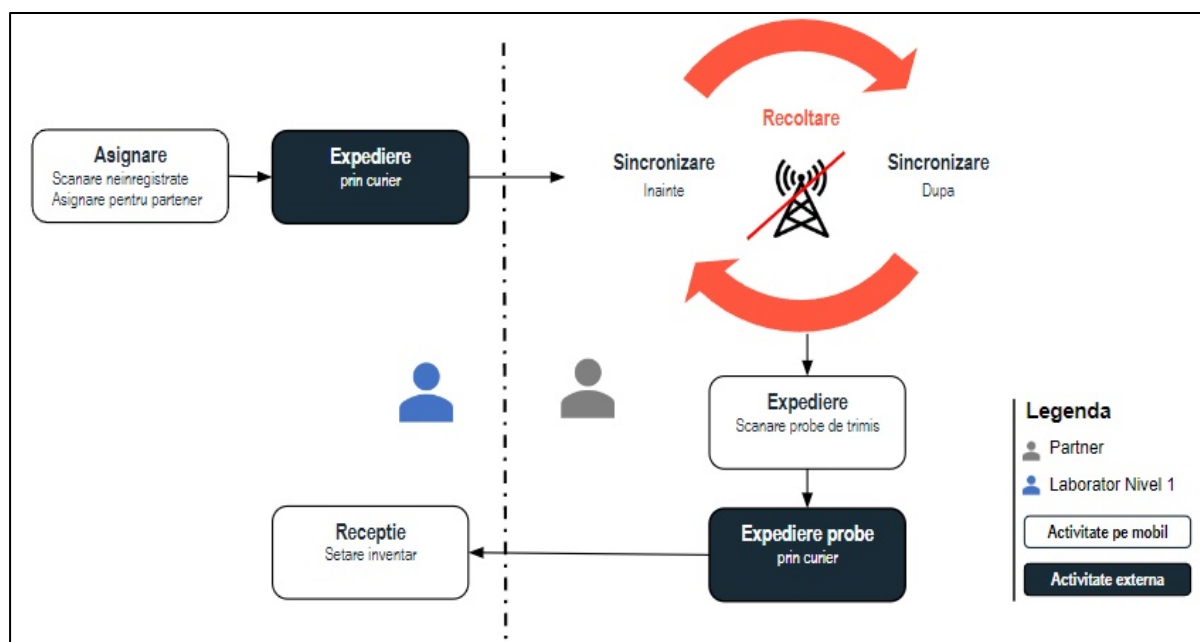


Figura 9. Fluxul de lucru de la asignare și până la recepție

Fiecare partener a fost responsabil cu colectarea de probe dintr-o anumită zonă dar platforma nu limitează geografic recoltarea de probe de către utilizatori. În acest mod este posibilă o concentrare a eforturilor de colectare din partea mai multor utilizatori pe anumite zone dacă este nevoie. Platforma impune o restricție privind codurile de bare utilizabile de către utilizatorii unui partener, aceștia neputând să folosească codurile asignate unui alt partener. Având în vedere că în numeroase zone din care se colectează probe genetice nu există acoperire de telefonie mobilă, aplicația *GenUrs* a fost dotată cu un mecanism de utilizare offline. Înainte de deplasarea în teren, utilizatorul trebuie să inițieze o sincronizare cât timp are acces la internet, moment în care pe dispozitiv se descarcă lista codurilor de bare alocate partenerului și încă neutilizate. La revenirea din teren, o nouă sincronizare transferă către baza de date centrală toate probele salvate în timpul recoltării.





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Recoltarea în sine a fost proiectată să fie intuitivă și toate butoanele sunt de dimensiuni mari pentru ca această operațiune să poată fi făcută chiar și de către utilizatorii cu cunoștințe digitale reduse după instruirea corespunzătoare. Codul de bare este scanat (Figura 10) și, dacă este recunoscut ca assignat acestui partener, apare un ecran unde se pot introduce detaliile recoltării de către utilizator.



Figura 10. Scanarea probelor

Prin apăsarea butonului “Salvează” se vor salva informațiile aferente fiecărei recoltări într-un tabel dintr-o baza de date locală (în memoria telefonului). Acest lucru funcționează indiferent de condițiile din teren și datele nu se pierd dacă telefonul rămâne fără baterie.

Procesul de recoltare se consideră încheiat atunci când utilizatorul termină vizita în teren și apasă butonul de sincronizare în condiții de semnal la internet. Acest lucru declanșează o funcționalitate ce trimite toate datele de la probele recoltate către serverul central. Din acest



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



moment, probele recoltate sunt vizibile pe harta din componenta WEB a platformei DNAWildlife.

Procesul de expediere a probelor către laborator a fost conceput pentru a fi cât mai simplu. Utilizatorul responsabil cu transmiterea probelor prin curier scanează codurile de bare înainte de împachetare, ceea ce permite estimarea precisă a numărului de probe care urmează să fie recepționate și facilitează planificarea adecvată a resurselor materiale și umane. La sosirea în laborator, probele sunt scanate de utilizatorii de tip Laborator nivel I și II, care le atribuie locațiile de inventar prin intermediul aplicației mobile.

Aplicația *GenUrs* a fost perfecționată în mod continuu, cu scopul de a crește eficiența și precizia procesului de colectare și stocare a probelor. Îmbunătățirile implementate au asigurat o integrare completă a etapelor fluxului de lucru în cadrul aplicației, permițând înregistrarea corectă și actualizarea în timp real a datelor, cu condiția ca utilizatorul să urmeze instrucțiunile corespunzătoare.

Colectarea probelor

Acțiunea de colectare în cadrul proiectului a început în toamna anului 2022 și s-a finalizat prin recepționarea tuturor probelor în primele luni ale anului 2025 .

S-au înregistrat în aplicația *GenUrs* 24056 de probe biologice provenite de la specia urs (Figura 11), dintre acestea, sub 3% nu au fost recepționate de către personalul de laborator din diverse motive: rătăcirea probelor de către personalul din teren sau de către serviciul de curierat, conservarea necorespunzătoare realizată în teren, precum și alte erori iremediabile care au condus la deteriorarea kiturilor de colectare a probelor biologice. Având în vedere amploarea logistică a procesului de colectare a probelor biologice la nivel național, numărul probelor pierdute este relativ redus și inevitabil. Această proporție poate fi considerată nesemnificativă, neafectând calitatea și relevanța rezultatelor finale ale studiului, care se bazează exclusiv pe probele genotipate cu succes.

Din totalul numărului de probe, 17029 sunt fecale, 7019 păr și 8 provin din alte categorii de probe biologice de la specia studiată.



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană

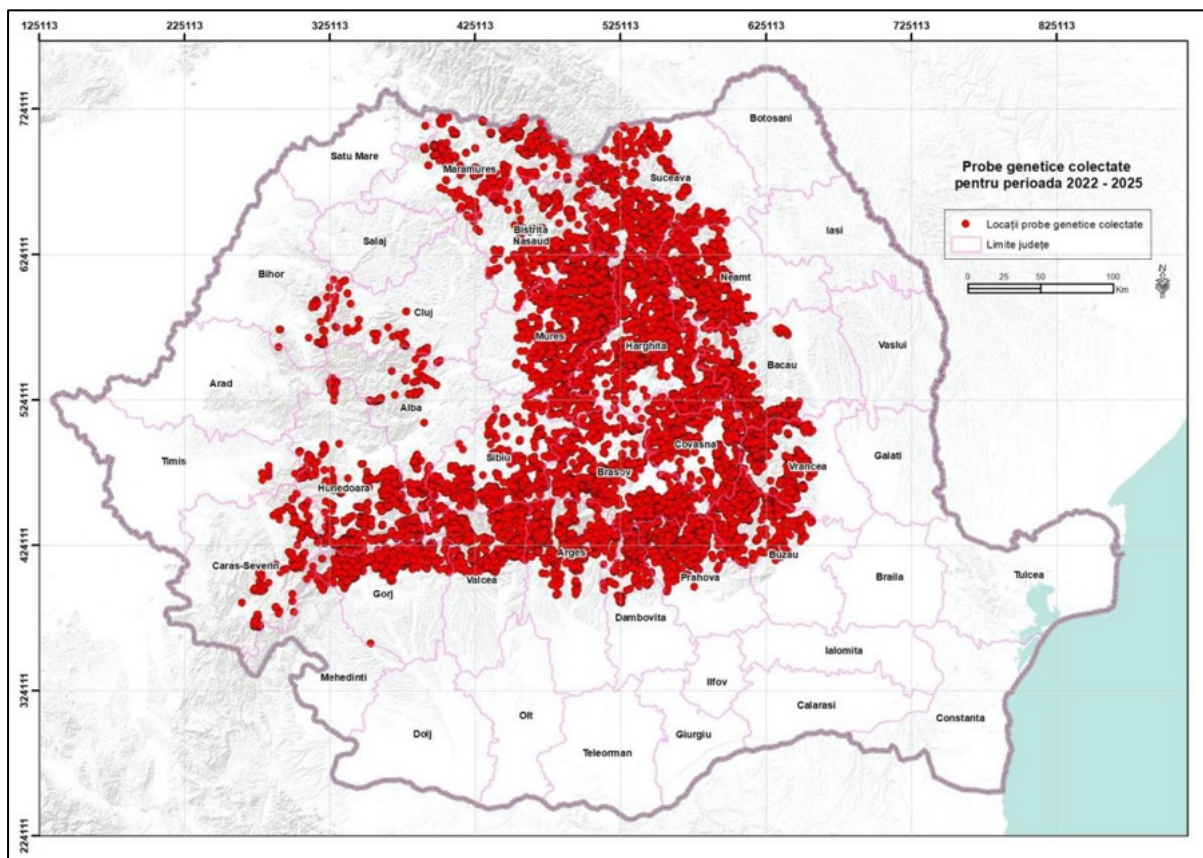


Figura 11. Distribuția probelor colectate la nivel național

Analiza datelor genetice a fost realizată ca o suită integrată de etape riguroase, menite să asigure atât validitatea statistică a rezultatelor, cât și interpretabilitatea biologică, ecologică și etologică a acestora. Deși s-a planificat inițial colectarea a minim 18000 de probe, optimizarea procedurilor de recoltare, personalul instruit și câinii specializați au contribuit la colectarea cu aproximativ 34% mai mult decât planificarea inițială. Acest fapt demonstrează importanța implementării tehnicilor de ultimă generație pentru a desfășura studii genetice la scară mare și justifică pe deplin eforturile extraordinare din spatele procesului, atât cele științifice cât și cele practice. În cadrul laboratorului s-au analizat integral toate probele recepționate. Totodată, trebuie menționat faptul că în cadrul acestui studiu au fost colectate probe din 25 de județe situate în arealul de distribuție al speciei (Figura 12).



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană

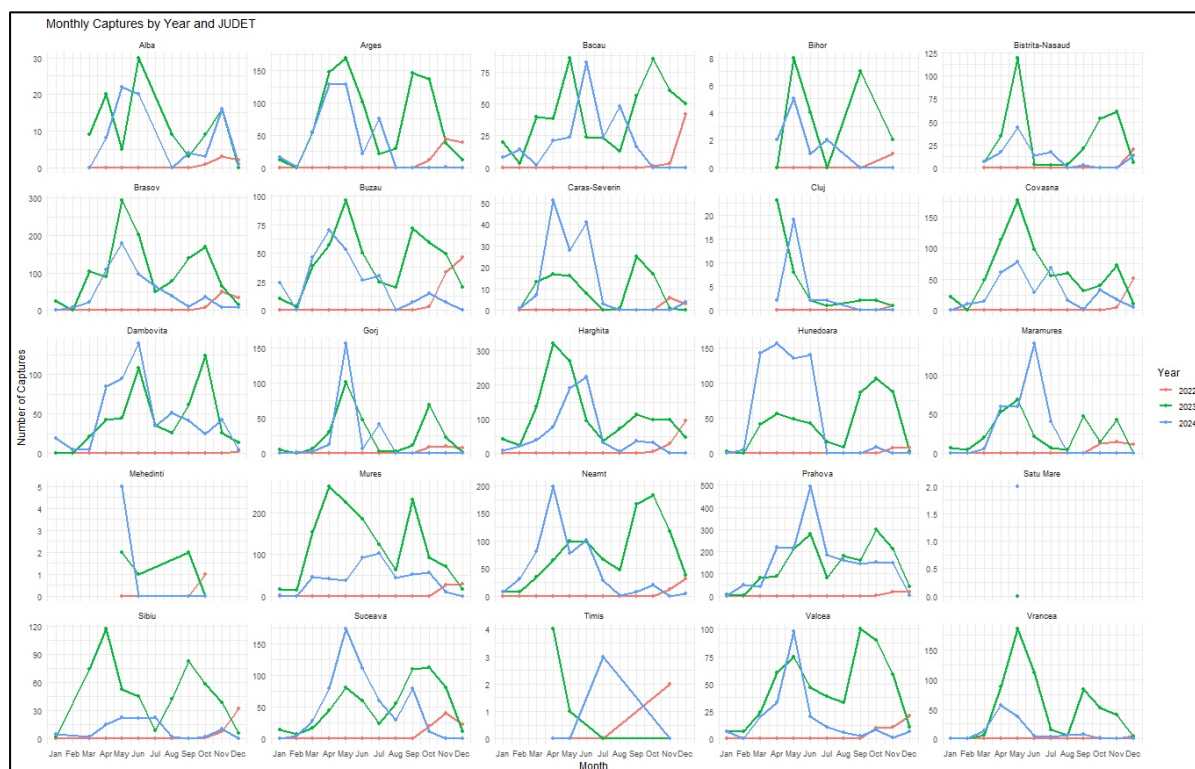


Figura 12. Situația probelor genetice colectate pe ani și pe luni, la nivelul județelor

Genotiparea probelor și identificarea indivizilor pe baza rezultatelor

S-a reușit genotiparea a 57% din probele recepționate conforme (minim 3-5 fire de păr cu rădăcină în plic) și turbiditate tub Isohelix în clasele 1 și 2. Probele care au înregistrat cel mai mare succes au provenit din clasa 1 de turbiditate (Figura 13), confirmând rezultatele testelor din teren, care s-au efectuat înainte de campania de recoltare. Acestea au fost urmate de probele încadrate în clasa a doua.



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană

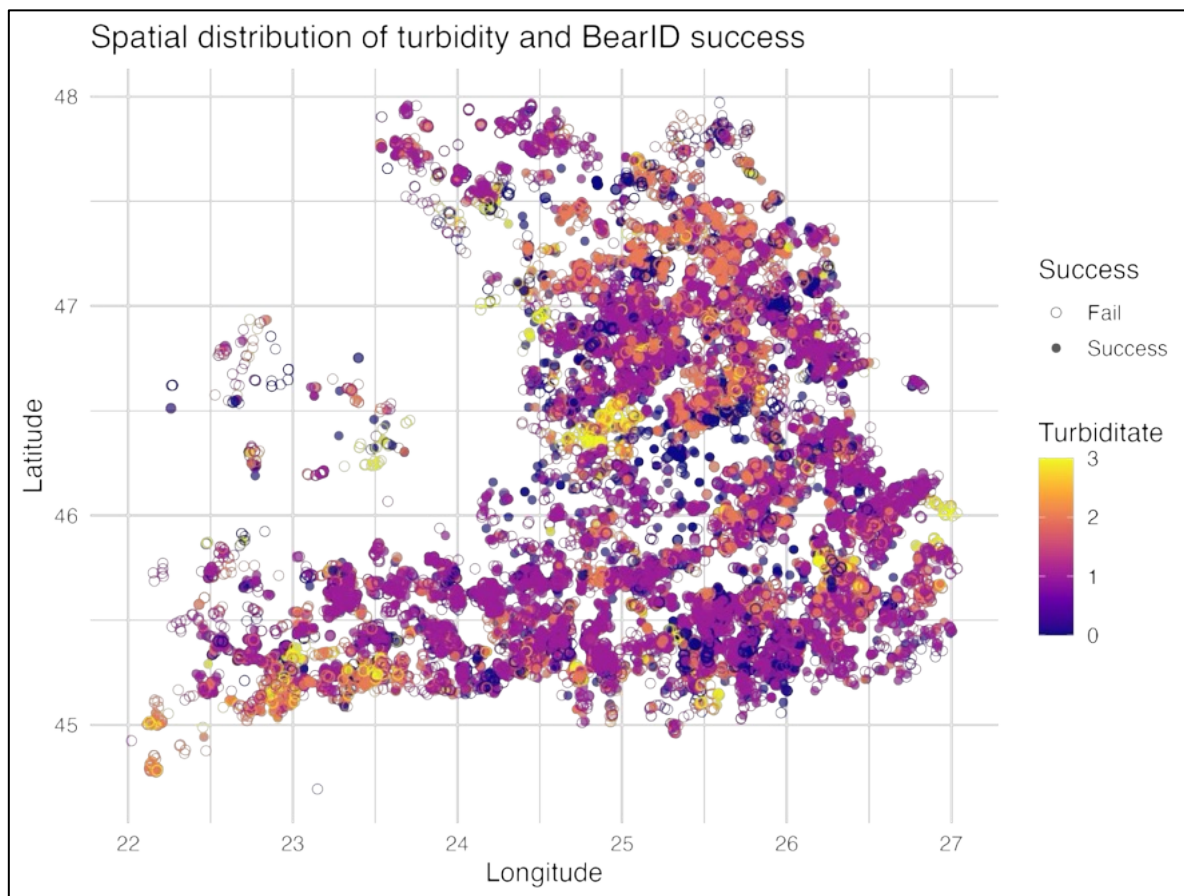


Figura 13. Distribuția spațială a probelor în funcție de clasele de turbiditate

Un procent de 72% dintre probele genotipate au fost confirmate cu genotipuri (Figura 14), în total 7421 de probe, dintre care, 1556 probe de păr, 5096 probe de fecale și 768 probe de țesut provenit de la indivizii recoltați în baza legii 242 din 23 iulie 2024 (nivel de prevenție pentru anul 2024 și 2025) și o probă de sânge. În anul 2022 s-au înregistrat 539 de genotipuri, în anul 2023 s-au înregistrat 4389 de genotipuri, în anul 2024 au fost detectate 2204 genotipuri, iar în anul 2025 s-au obținut 289 de genotipuri. Genotipurile sunt direct proporționale cu numărul de probe recoltate. Așa cum se poate observa eșantionul este reprezentat majoritar de către probe de fecale, aceasta conferă proprietăți statistice mult mai bune pentru analiza de tip capturare – marcarea - recapturare.



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Rata de succes a genotipării probelor non - invazive din studiul de față se încadrează în intervalul valorilor raportate în literatura de specialitate (17,5% – 81%; Frosch et al., 2014; Pérez et al., 2009; Pylidis et al., 2021; Taberlet et al., 1997).

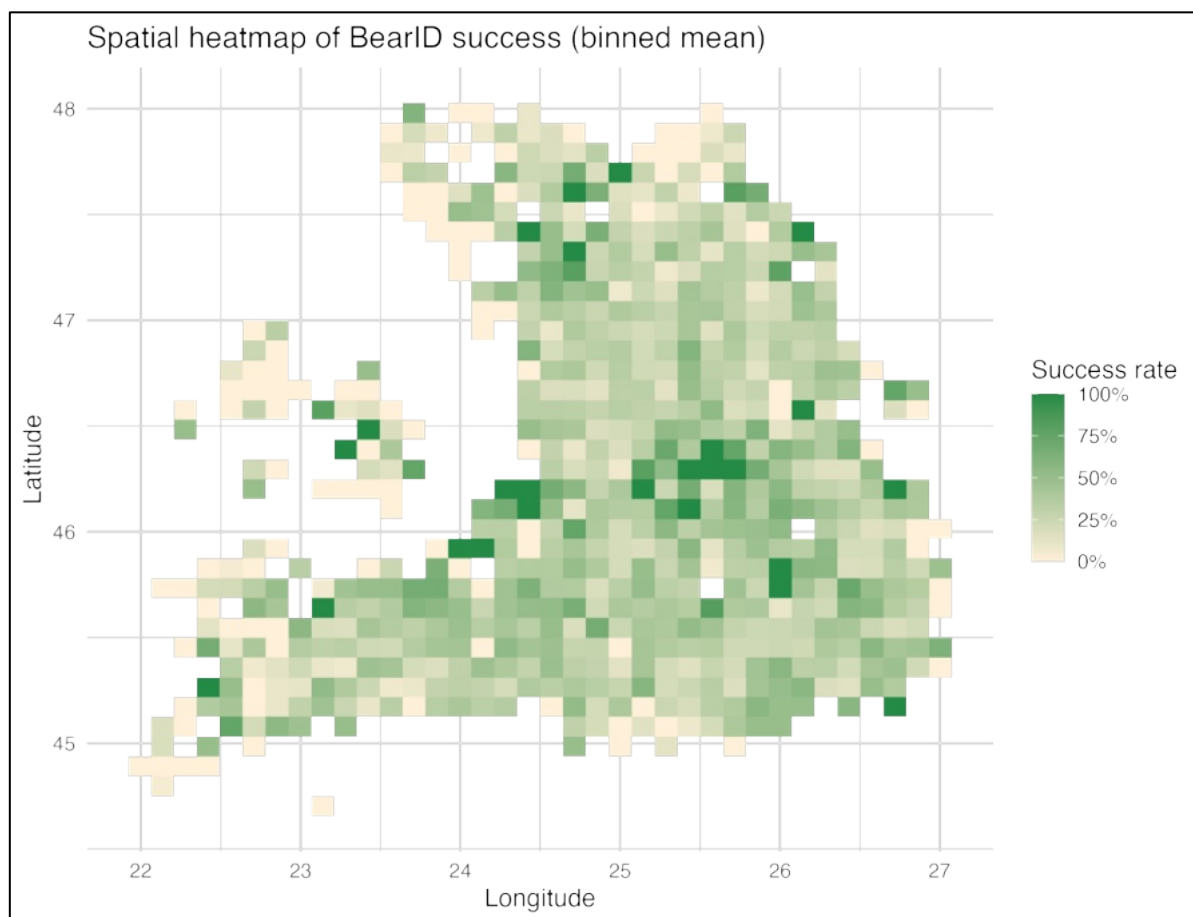


Figura 14. Distribuția probelor genotipate cu succes

Din cadrul eșantionului non - invaziv (păr și fecale) s-au determinat 6652 de genotipuri (Figura 15) și 4655 varietăți de profiluri genetice, dintre care 3176 masculi și 1479 femele. Numărul maxim de recapturări a fost egal cu 14 la femele și 18 la masculi.

În ceea ce privește monitorizarea intensivă desfășurată în anul 2023, aceasta include 4326 de genotipuri, care au stat la baza estimării densităților și abundenței.



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Estimarea populației s-a realizat exclusiv în baza eșantionului non - invaziv (păr și fecale) din anul 2023 (perioada Martie – Decembrie), fiind îndeplinită condiția biologică de populație închisă.

În ceea ce privește indivizii recoltați în baza legii 242 din 23 iulie 2024 (nivel de prevenție pentru anul 2024 și 2025), aceștia nu au fost incluși în estimarea populației.

În ceea ce privește raportul sexelor, numărul de masculi este considerabil mai mare decât cel al femelelor, fapt constatat și în cadrul altor studii locale realizate în România (Iosif et al., 2021). În cadrul prezentului studiu, din total probelor analizate s-au identificat 68% masculi și 32% femele. În studiile desfășurate la nivel local s-a identificat un procent de 22% femele și 78% masculi în cadrul eșantioanelor non-invazive de păr și respectiv 39% și 42% pentru fecale (Iosif et al., 2021).

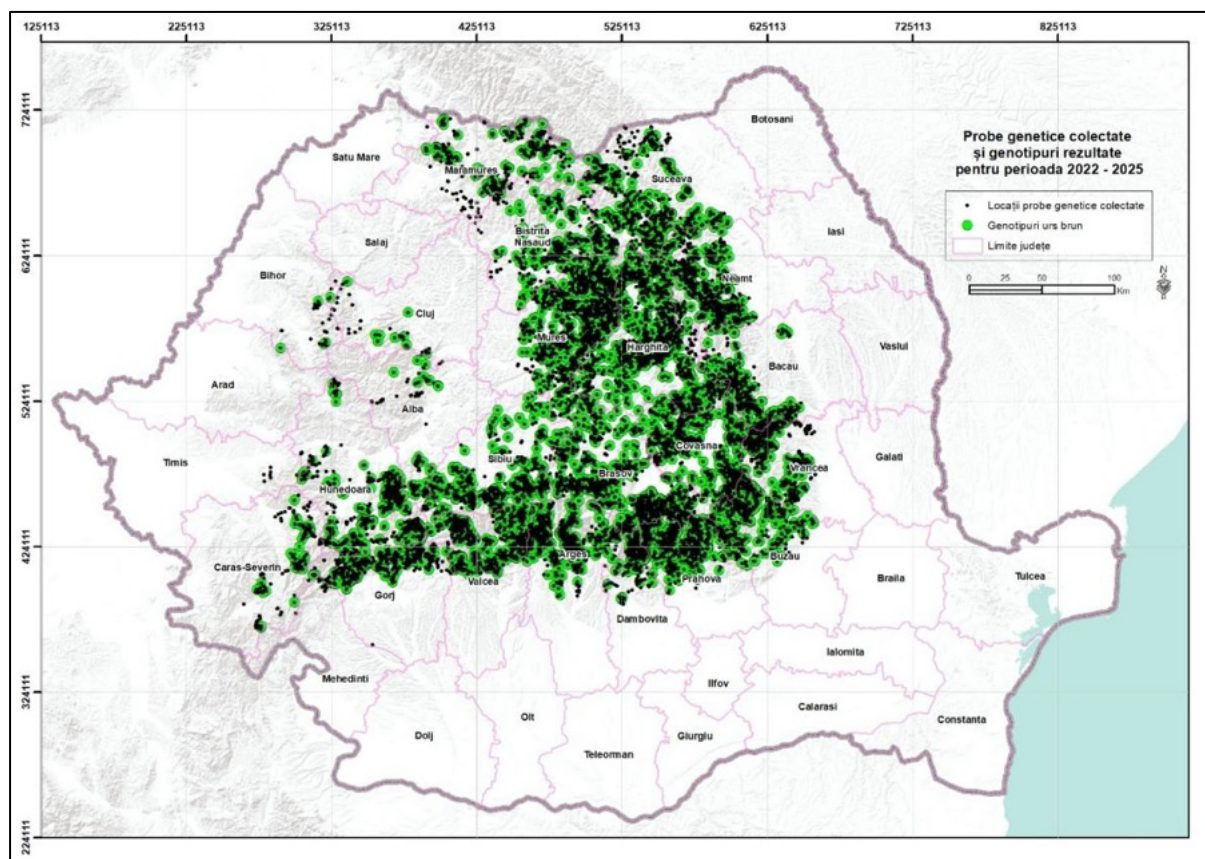


Figura 15. Distribuția probelor genetice colectate și a genotipurilor



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Analizele de capturare-recapturare spațial explicite și capturare-marcare-recapturare

Numărul minim de indivizi identificați direct, deși util, este rareori suficient pentru obiectivele de management. Pentru o gestionare eficientă a unei specii, informația esențială o reprezintă, de regulă, numărul indivizilor nedetecți în timpul eșantionării și, implicit, estimarea mărimii totale a populației studiate. Această problemă este abordată frecvent prin modele de tip capturare - marcare - recapturare și prin metode capturare-recapturare spațial explicite. Combinarea metodelor spațiale și non-spațiale de capturare-recapturare oferă un cadru robust de interpretare, valorificând avantajele reducerii erorilor spațiale cu cele ale consistenței estimărilor non-spațiale.

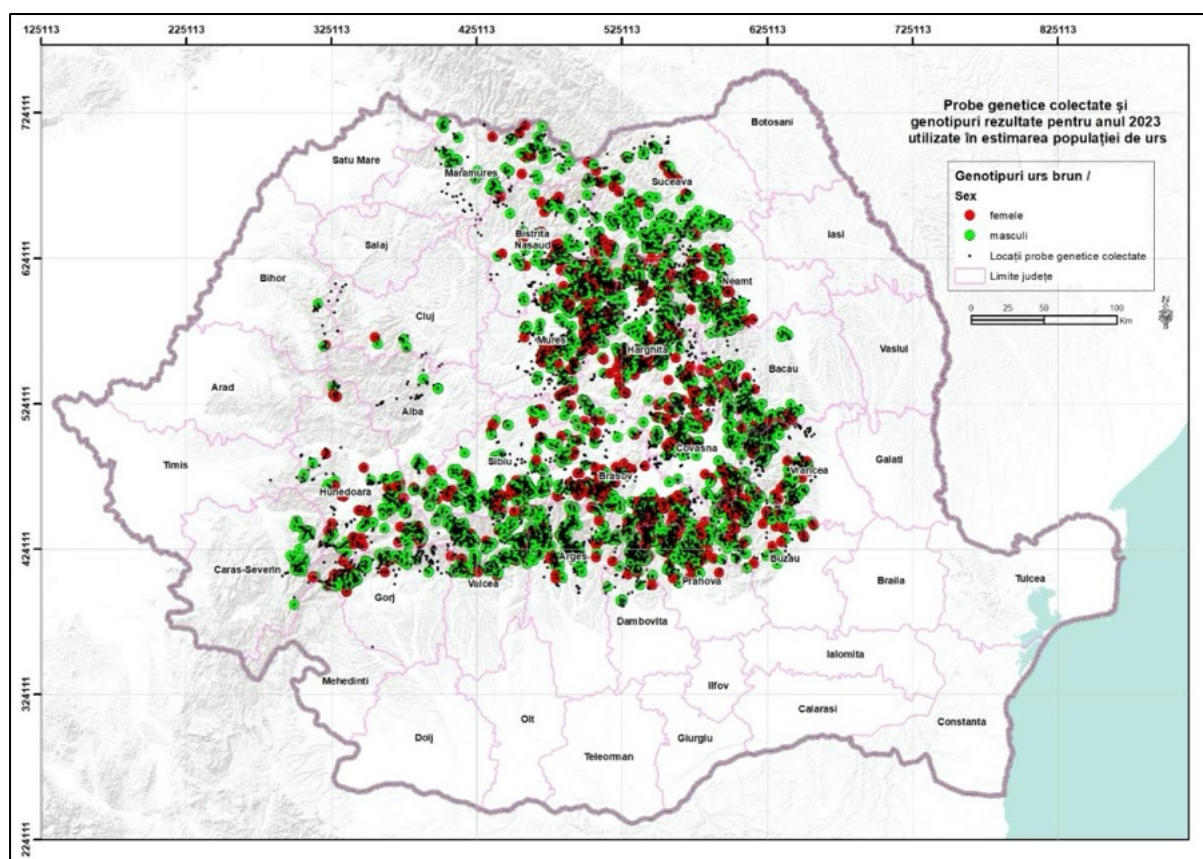


Figura 16. Distribuția probelor genetice și a genotipurilor utilizate la estimarea populației



Estimare mărimii populației prin analizele de capturare - marcarea - recapturare

Modelul Mh Chao (Chao 1987) se distinge prin robustețea sa într-o gamă largă de condiții și prin caracterul său adecvat pentru populații mari. Acesta utilizează o estimare neparametrică a limitei superioare, eficientă atât din punct de vedere computațional cât și robustă la abaterile moderate de la presupunerile modelului (Chao 1987). De asemenea, modelul permite eșantionarea continuă și include o corecție pentru detectabilitatea incompletă. Acesta ia în considerare indivizii care nu au fost capturați în timpul eșantionării, utilizând frecvențele observate ale indivizilor capturați, pentru a estima numărul celor neobservați, într-un context în care probabilitatea de a observa fiecare individ este scăzută.

În comparație cu alte modele de tip capturare - marcarea - recapturare, modelul Mh Chao oferă performanțe diferite în funcție de dimensiunea populației. Pentru populații mici, acesta este adesea depășit de alte metode, precum Capwire, care generează intervale restrânse ale estimării (Miller et al., 2005).

Pentru estimarea populației de urs din România s-au utilizat exclusiv probele colectate în perioada Martie – Decembrie 2023 (Figura 16), unde modelul Mh Chao a indicat o abundență cuprinsă între 10657 și 12787 de indivizi, cu un interval de încredere de 95% și o valoare medie estimată de 11651. Pentru a ne asigura că intervalul estimat este valid, s-au rulat modele separate Mh Chao atât pentru femele, cât și pentru masculi. Astfel s-a obținut pentru femele un interval cuprins între 3258 și 4467 exemplare estimate (IC 95%), iar pentru masculi 7854 și 8807 exemplare estimate (IC 95%). Suma punctelor medii pe sexe se situează în intervalul estimat, ceea ce este rezonabil, având în vedere faptul că estimările pe sexe sunt obținute independent.

Modelul Capwire TIRM, utilizat și selectat ca fiind reprezentativ în studiile implementate la nivel local în țara noastră (Iosif et al., 2021), a înregistrat valori mai mari în ceea ce privește limita minimă estimată a intervalului (11237) și valori mai mici în ceea ce privește limita superioară a intervalului (12470). Așa cum s-a procedat și la Mh Chao, s-au rulat independent modele de estimare pe sexe, astfel s-a obținut un interval cuprins între 3841 și 4161 pentru femele (IC 95%) și un interval cuprins între 7522 și 8576 pentru masculi (IC





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



95%). Și în acest caz, suma punctelor medii pe sexe s-a situat în intervalul estimat, ceea ce este rezonabil având în vedere că estimările pe sexe sunt obținute independent.

Rezultatele obținute arată că modelul Capwire TIRM evidențiază valori situate peste pragul minim estimat de modelul Mh Chao. În ceea ce privește intervalul minim și maxim al modelelor, modelul Capwire TIRM a prezentat o diferență mai mică între valoarea minimă și maximă. Estimările derivate din celelalte modele (de ex. MARK Huggins) depășesc valorile obținute prin modelul Mh Chao, utilizat ca prag minim.

Pentru estimarea populației de urs din România în anul 2023 a fost selectată metoda care a furnizat limita minimă cea mai conservatoare a estimării. Modelul Mh Chao a indicat o abundență cuprinsă între 10657 și 12787 de indivizi, cu un interval de încredere de 95% și o valoare medie estimată de 11651.

Estimare densităților și abundenței prin analize capturare-recapturare spațial explicite

Calculul densităților și al abundenței s-a realizat cu ajutorul pachetului *oSCR* în R, un cadru de analiză de tip *likelihood* pentru modele spațiale de capturare-recapturare. *oSCR* estimează parametrii prin maximizarea verosimilității complete (sau condiționate) a istoricului de capturi, integrând simultan pozițiile necunoscute ale centrelor de activitate ale indivizilor. Această abordare permite formularea și ajustarea modelelor pe sesiuni multiple și a celor structurate pe sexe, asigurând robustețe în interpretarea datelor. Modelarea în *oSCR* ia în considerare efectul de margine prin extinderea zonei potențialelor centre de activitate ale indivizilor în jurul regiunii țintă pentru estimarea densității. În acest context, au fost ajustate modele multi-sesiune, corespunzătoare anilor 2023 și 2024. Deși au fost utilizate modele multi-sesiune, prezentarea rezultatelor se concentrează asupra densităților estimate pentru anul 2023, considerat anul de referință datorită eşantionului și intensității efortului de colectare.

În figura 17 se pot vizualiza rezultatele analizelor *oSCR* privind densitatea populației de urs brun la nivelul județelor analizate, iar valorile sunt raportate la un grid de 2500 m. Zonele cu culoare brun intensă înregistrează cele mai mari valori ale densităților, urmate de cele cu intensitate medie și de cele cu un colorit apropiat de galben.



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Județele cu cele mai ridicate valori ale densității raportate la 100 km² sunt, în ordine descrescătoare: Brașov, Harghita, Buzău, Vrancea, Mureș, Covasna și Argeș, urmate de Prahova și Sibiu, precum și de celelalte județe incluse în modelare detaliate mai jos.

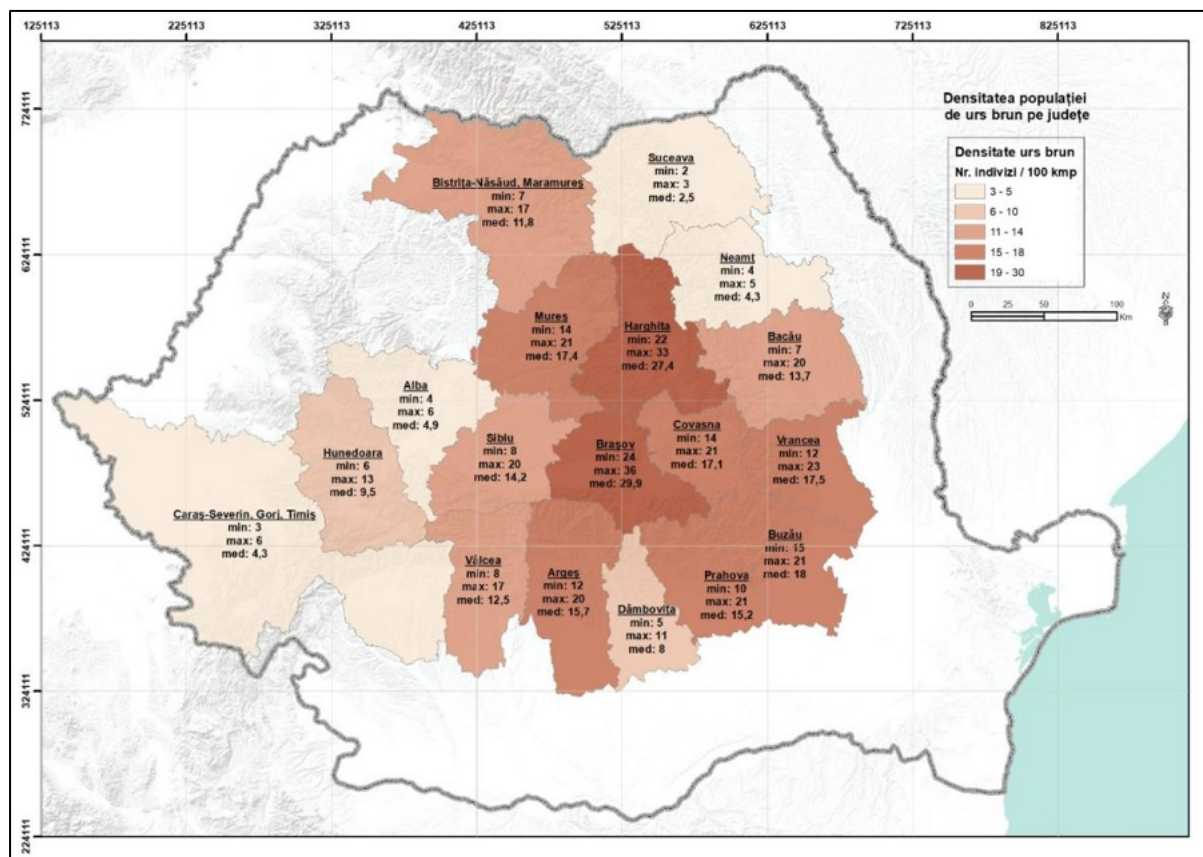


Figura 17. Valorile densităților populației de urs brun la nivel de județ

Abundența medie a ursului brun din România pentru anul 2023 (Figura 18) a fost estimată la 10815 indivizi, pe baza localizării estimate a centrelor de activitate ale exemplarelor. Această estimare anuală reflectă dimensiunea populației la finalul anului 2023, după contabilizarea mortalității și înainte de debutul perioadei de reproducere din primăvara anului 2024.





Cofinanțat de
Uniunea Europeană

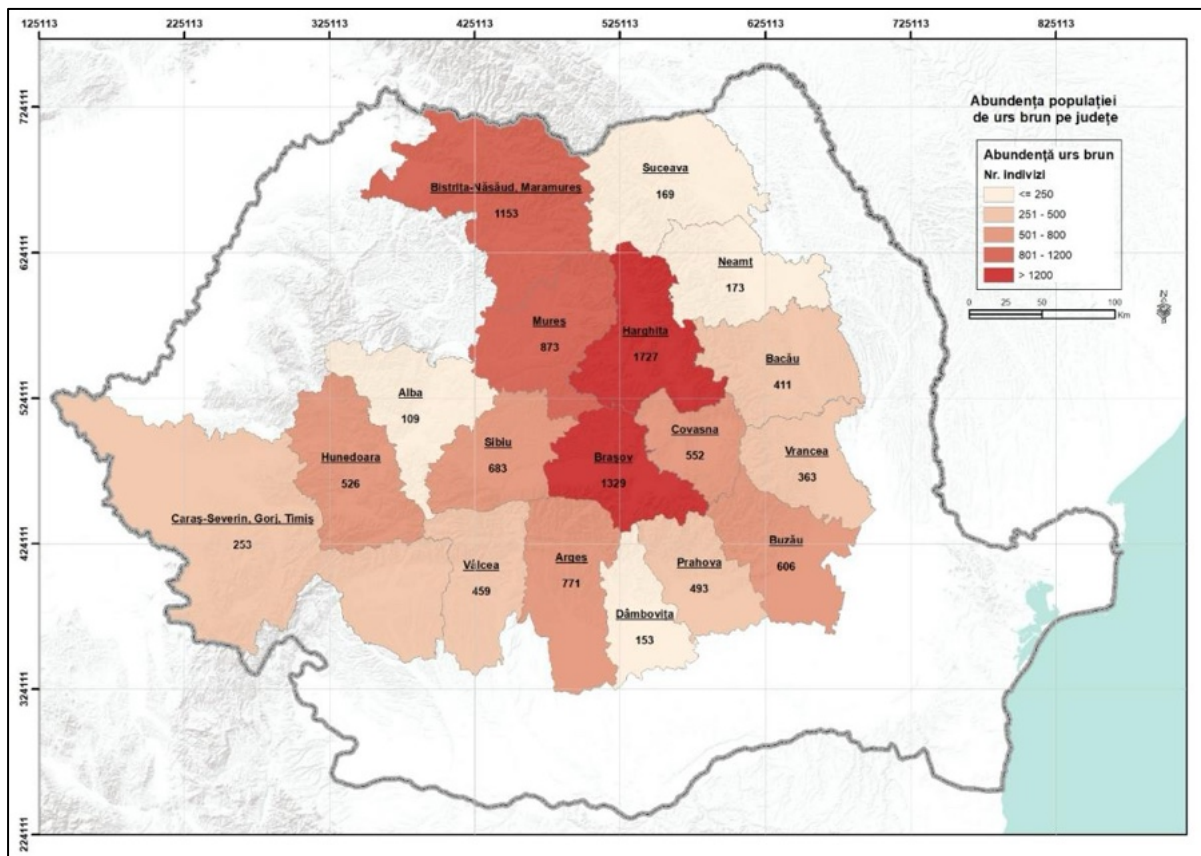


Figura 18. Abundența medie a populației de urs în județele analizate

Densitatea, exprimată ca număr de indivizi la 100 km², împreună cu abundența medie (numărul estimat de indivizi), obținute prin modelarea oSCR și însoțite de intervale de încredere de 95%, sunt prezentate pentru județele analizate în Figura 19 .



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană

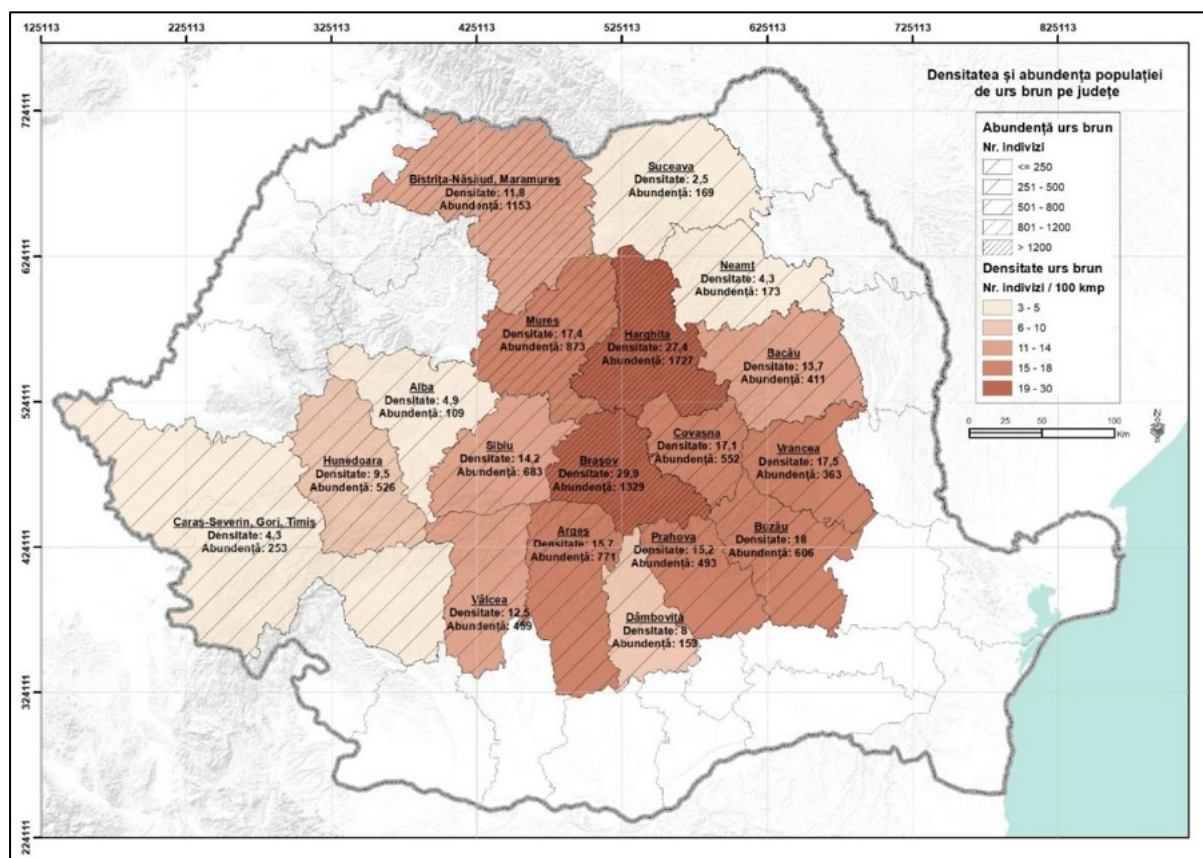


Figura 19. Densitatea și abundența populației de urs obținute prin modelarea oSCR

Județul Alba

Densitatea medie estimată la nivelul județului Alba este de 4,99 exemplare la 100 km², cu un interval de încredere de 4–6 exemplare. Abundența medie estimată pentru județul Alba este de 109 indivizi, valoarea corespunzătoare abundenței medii integrează corecția aferentă proporției pe sexe.

Conform datelor colectate de la Institutul Național de Statistică (INS), în anul 2023, fondul forestier al județului a însumat 207,4 mii ha, dintre care 202,7 mii ha au reprezentat suprafață împădurită. Structura acestuia, cu 69,1 mii ha de păduri de rășinoase și 133,7 mii ha de păduri de foioase, asigură o diversitate importantă de resurse trofice și condiții de adăpost pentru ursul brun. Alte categorii de terenuri incluse în fondul forestier totalizează 4,7 mii ha,



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



contribuind la caracterul variat al habitatelor disponibile. Suprafața terenurilor agricole însumează 117,2 mii ha.

Județul Argeș

Densitatea medie estimată la nivelul județului Argeș, este de 15,7 exemplare la 100 km², cu un interval de 12 și 20 de exemplare. Abundența medie estimată pentru județul Argeș este de 771 indivizi, valoarea corespunzătoare abundenței medii integrează corecția aferentă proporției pe sexe.

În anul 2023, fondul forestier al județului a totalizat 276,8 mii ha, dintre care 271,7 mii ha au reprezentat suprafață împădurită. Structura acestuia include 84,0 mii ha de păduri de rășinoase și 187,7 mii ha de păduri de foioase, asigurând o diversitate semnificativă de resurse de hrană și adăpost pentru ursul brun. Alte tipuri de terenuri din fondul forestier însumează 5,0 mii ha. Suprafața terenurilor agricole însumează 154,3 mii ha (INS).

Județul Bacău

Densitatea medie estimată la nivelul județului Bacău este estimată la 13,7 exemplare la 100 km², cu un interval între 7 și 20 de exemplare. Abundența medie estimată pentru județul Bacău este de 411 indivizi, valoarea corespunzătoare abundenței medii integrează corecția aferentă proporției pe sexe.

În anul 2023, fondul forestier al județului a însumat 273,0 mii ha, dintre care 267,8 mii ha au constituit suprafață împădurită. Structura vegetației forestiere evidențiază 89,1 mii ha de păduri de rășinoase și 178,6 mii ha de păduri de foioase, în timp ce alte categorii de teren incluse în fondul forestier însumează 5,2 mii ha. Suprafața terenurilor agricole a totalizat 163,1 mii ha, conform datelor furnizate de INS.

Județul Bistrița-Năsăud, Maramureș

Densitatea medie estimată la nivelul județelor Bistrița-Năsăud și Maramureș este estimată la 11,8 exemplare la 100 km², cu un interval de 7 - 17 exemplare. Abundența medie pentru județele Bistrița Năsăud și Maramureș împreună este de 1153 de indivizi, valoarea corespunzătoare abundenței medii integrează corecția aferentă proporției pe sexe. Aceste date reflectă situația combinată a celor două județe, nicidecum o situație independentă a fiecărui



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



județ. Combinarea celor două județe s-a realizat din considerente strict legate de parametrii necesari a fi disponibili pentru rularea modelelor.

În județul Bistrița-Năsăud, fondul forestier a însumat 192,5 mii ha în anul 2023, dintre care 187,9 mii ha au reprezentat suprafață împădurită. Pădurile de rășinoase ocupă 80,5 mii ha, iar cele de foioase însumează 107,4 mii ha. Alte categorii de terenuri din fondul forestier totalizează 4,7 mii ha. Suprafața terenurilor agricole însumează 47,9 mii ha (INS).

În județul Maramureș, fondul forestier a însumat 260,4 mii ha în anul 2023, din care 254,4 mii ha reprezintă suprafață împădurită. Pădurile de rășinoase totalizează 107,6 mii ha, iar cele de foioase acoperă 146,8 mii ha. Alte terenuri incluse în fondul forestier însumează 6,0 mii ha. Suprafața terenurilor agricole însumează 56 mii ha (INS).

Județul Brașov

Densitatea medie estimată la nivelul județului Brașov este de 29,9 exemplare la 100 km², cu un interval de 24–36 exemplare. Abundența medie estimată pentru județul Brașov este de 1329 indivizi, valoarea corespunzătoare abundenței medii integrează corecția aferentă proporției pe sexe.

În anul 2023, fondul forestier a totalizat 205,8 mii ha, din care 202,9 mii ha reprezintă suprafață împădurită. Rășinoasele ocupă 68,3 mii ha, iar foioasele 134,6 mii ha. Alte terenuri totalizează 2,9 mii ha. Suprafața terenurilor agricole însumează 60,4 mii ha (INS).

Județul Buzău

Densitatea medie estimată la nivelul județului Buzău este de 18 exemplare la 100 km², cu un interval de 15 – 21 exemplare. Abundența medie estimată pentru județul Buzău este de 606 indivizi, valoarea corespunzătoare abundenței medii integrează corecția aferentă proporției pe sexe.

În anul 2023, fondul forestier a fost de 160,3 mii ha, cu 157,7 mii ha suprafață împădurită. Rășinoasele însumează 47,7 mii ha, iar foioasele 110,0 mii ha. Alte terenuri acoperă 2,6 mii ha. Suprafața terenurilor agricole însumează 263,8 mii ha (INS).



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Județul Caraș-Severin, Gorj, Timiș

Densitatea medie estimată la nivelul județelor Caraș-Severin, Gorj, Timiș densitatea medie a populației de urs brun este de 4,3 exemplare la 100 km², cu un interval de 3 - 6 exemplare. Abundența medie estimată pentru județele *Caraș-Severin, Gorj, Timiș* este de 253 indivizi, valoarea corespunzătoare abundenței medii integrează corecția aferentă proporției pe sexe.

Aceste date reflectă situația combinată a celor trei județe, nicidecum o situație independentă a fiecărui județ. Combinarea lor s-a realizat din considerente strict legate de parametrii necesari a fi disponibili pentru rularea modelelor.

În anul 2023, fondul forestier a însumat 435,0 mii ha, dintre care 426,6 mii ha au reprezentat suprafață împădurită în județul Caraș-Severin. Pădurile de rășinoase acoperă 42,4 mii ha, iar cele de foioase se întind pe 384,2 mii ha, conferind județului un caracter forestier predominant de tip foios. Alte categorii de terenuri incluse în fondul forestier totalizează 8,4 mii ha. Suprafața terenurilor agricole însumează 73 mii ha (INS).

În județul Gorj, în anul 2023, fondul forestier a fost de 252,6 mii ha, din care 247,1 mii ha au constituit suprafață împădurită. Din totalul acesteia, pădurile de rășinoase însumează 26,9 mii ha, iar cele de foioase 220,1 mii ha, reflectând o structură forestieră dominată de foioase. Alte terenuri forestiere acoperă 5,6 mii ha. Suprafața terenurilor agricole însumează 75,5 mii ha (INS).

În anul 2023, fondul forestier din județul Timiș a însumat 106,8 mii ha, dintre care 104,8 mii ha au reprezentat suprafață împădurită. Pădurile de rășinoase ocupă 4,4 mii ha, iar cele de foioase 100,4 mii ha, indicând o preponderență a speciilor de foioase în compoziția forestieră. Alte terenuri din fondul forestier însumează 2,0 mii ha. Suprafața terenurilor agricole însumează 365 mii ha (INS).



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Județul Covasna

Densitatea medie estimată la nivelul județului Covasna este de 17,1 exemplare la 100 km², cu un interval de 14 – 21 exemplare. Abundența medie estimată pentru județul Covasna este de 552 indivizi, valoarea corespunzătoare abundenței medii integrează corecția aferentă proporției pe sexe.

În anul 2023, fondul forestier a fost de 171,9 mii ha, cu 169,9 mii ha suprafață împădurită. Pădurile de rășinoase însumează 64,7 mii ha, iar cele de foioase 105,2 mii ha. Alte terenuri acoperă 2,0 mii ha. Suprafața terenurilor agricole însumează 79,3 mii ha (INS).

În cazul județului Covasna, județ care are o suprafață compactă ocupată de zone agricole, care nu au fost incluse în modelare, însă datorită comportamentului actual al speciei, acestea sunt frecventate de către aceasta, considerăm că atât densitățile cât și abundența sunt subestimate.

Județul Dâmbovița

Densitatea medie estimată la nivelul județului Dâmbovița este de 8 exemplare la 100 km², cu un interval de 5 – 11 exemplare. Abundența medie estimată pentru județul Dâmbovița este de 153 indivizi, valoarea corespunzătoare abundenței medii integrează corecția aferentă proporției pe sexe.

În anul 2023, fondul forestier a totalizat 119,0 mii ha, din care 116,3 mii ha reprezintă suprafață împădurită. Rășinoasele ocupă 14,6 mii ha, iar foioasele 101,7 mii ha. Alte terenuri însumează 2,8 mii ha. Suprafața terenurilor agricole însumează 156 mii ha (INS).

Județul Harghita

Densitatea medie estimată la nivelul județului Harghita este estimată la 27,4 exemplare la 100 km², cu un interval de 22 – 33 exemplare. Abundența medie estimată pentru județul Harghita este de 1727 de indivizi, valoarea corespunzătoare abundenței medii integrează corecția aferentă proporției pe sexe.

În anul 2023, fondul forestier a însumat 264,1 mii ha, dintre care 260,2 mii ha suprafață împădurită. Rășinoasele ocupă 189,0 mii ha, iar foioasele 71,2 mii ha. Alte terenuri însumează 3,9 mii ha. Suprafața terenurilor agricole însumează 44,3 mii ha (INS).



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Județul Hunedoara

Densitatea medie estimată la nivelul județului Hunedoara este de 9,5 exemplare la 100 km², cu un interval de 6 – 13 exemplare. Abundența medie estimată pentru județul Hunedoara este de 526 de indivizi, valoarea corespunzătoare abundenței medii integrează corecția aferentă proporției pe sexe.

În anul 2023, fondul forestier a totalizat 315,8 mii ha, din care 310,1 mii ha reprezintă suprafața împădurită. Rășinoasele însumează 80,9 mii ha, iar foioasele 229,3 mii ha. Alte terenuri acoperă 5,6 mii ha. Suprafața terenurilor agricole însumează 49,7 mii ha (INS).

Județul Mureș

Densitatea medie estimată la nivelul județului Mureș este de 17,4 exemplare la 100 km², cu un interval de 14 – 21 exemplare. Abundența medie estimată pentru județul Mureș este de 873 de indivizi, valoarea corespunzătoare abundenței medii integrează corecția aferentă proporției pe sexe.

În anul 2023, fondul forestier a însumat 218,7 mii ha, cu 216,5 mii ha suprafață împădurită. Rășinoasele acoperă 82,6 mii ha, iar foioasele 133,9 mii ha. Alte terenuri însumează 2,2 mii ha. Suprafața terenurilor agricole însumează 193,3 mii ha (INS).

Județul Neamț

Densitatea medie estimată la nivelul județului Neamț este de 4,3 exemplare la 100 km², cu un interval de 4 și 5 exemplare. Abundența medie estimată pentru județul Neamț este de 173 de indivizi, valoarea corespunzătoare abundenței medii integrează corecția aferentă proporției pe sexe.

În anul 2023, fondul forestier a totalizat 262,8 mii ha, dintre care 258,0 mii ha suprafață împădurită. Rășinoasele reprezintă 139,3 mii ha, iar foioasele 118,7 mii ha. Alte terenuri totalizează 4,9 mii ha. Suprafața terenurilor agricole însumează 159,6 mii ha (INS).

Pentru județul Neamț s-au înregistrat puține recapturări în ambele clase (femele și masculi), este foarte probabil ca valorile densităților și abundenței să fie subestimate.



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Județul Prahova

Densitatea medie estimată la nivelul județului Prahova este de 15,2 exemplare la 100 km², cu un interval de 10 și 21 exemplare. Abundența medie estimată pentru județul Prahova este de 493 de indivizi, valoarea corespunzătoare abundenței medii integrează corecția aferentă proporției pe sexe.

În anul 2023, fondul forestier a fost de 146,9 mii ha, din care 144,7 mii ha reprezintă suprafață împădurită. Rășinoasele însumează 32,6 mii ha, iar foioasele 112,1 mii ha. Alte terenuri acoperă 2,2 mii ha. Suprafața terenurilor agricole însumează 139,8 mii ha (INS).

Județul Sibiu

Densitatea medie estimată la nivelul județului Sibiu este de 14,2 exemplare la 100 km², cu un interval de 8 și 20 de exemplare. Abundența medie estimată pentru județul Sibiu este de 683 de indivizi, valoarea corespunzătoare abundenței medii integrează corecția aferentă proporției pe sexe.

În anul 2023, fondul forestier a atins 202,8 mii ha, din care 200,2 mii ha reprezintă suprafață împădurită. Rășinoasele totalizează 74,3 mii ha, iar foioasele 125,9 mii ha. Alte terenuri însumează 2,6 mii ha. Suprafața terenurilor agricole însumează 75,2 mii ha (INS).

Județul Suceava

Densitatea medie estimată la nivelul județului Suceava este de 2,5 exemplare la 100 km², cu un interval de 2 și 3 exemplare. Abundența medie estimată pentru județul Suceava este de 169 de indivizi, valoarea corespunzătoare abundenței medii integrează corecția aferentă proporției pe sexe.

Pentru județul Suceava s-au înregistrat puține recapturi în ambele clase (femele și masculi), este foarte probabil ca valorile densităților și abundenței să fie subestimate.

În anul 2023, fondul forestier a fost de 437,8 mii ha, cu 426,6 mii ha suprafață împădurită. Rășinoasele ocupă 323,2 mii ha, iar foioasele 103,5 mii ha. Alte terenuri totalizează 11,2 mii ha. Suprafața terenurilor agricole însumează 179,3 mii ha (INS).



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Județul Vâlcea

Densitatea medie estimată la nivelul județului Vâlcea este de 12,5 exemplare la 100 km², cu un interval de 8 și 17 exemplare. Abundența medie estimată pentru județul Vâlcea este de 459 de indivizi, valoarea corespunzătoare abundenței medii integrează corecția aferentă proporției pe sexe.

În anul 2023, fondul forestier a totalizat 274,3 mii ha, din care 269,0 mii ha reprezintă suprafață împădurită. Rășinoasele acoperă 90,1 mii ha, iar foioasele 178,9 mii ha. Alte terenuri însumează 5,2 mii ha. Suprafața terenurilor agricole însumează 54,8 mii ha (INS).

Județul Vrancea

Densitatea medie estimată la nivelul județului Vrancea este de 17,5 exemplare la 100 km², cu un interval de 12 și 23 exemplare. Abundența medie estimată pentru județul Vrancea este de 363 de indivizi, valoarea corespunzătoare abundenței medii integrează corecția aferentă proporției pe sexe.

În anul 2023, fondul forestier a fost de 183,1 mii ha, cu 179,1 mii ha suprafață împădurită. Rășinoasele ocupă 56,3 mii ha, iar foioasele 122,8 mii ha. Alte terenuri totalizează 4,0 mii ha. Suprafața terenurilor agricole însumează 109,5 mii ha (INS).

Pentru județul Vrancea s-au înregistrat puține recapturări în ambele clase (femele și masculi), este foarte probabil ca valorile densităților și abundenței să fie subestimate.

Pentru județele Cluj și Bihor nu au fost suficiente date astfel încât să se poată construi modelele de densitate și abundență, drept urmare se raportează datele brute astfel: Cluj 7 indivizi (6 masculi și 1 femelă), Bihor 5 indivizi (4 masculi și o femelă). În județele Mehedinți (9) și Satu Mare (2), probele recoltate nu au furnizat genotipuri în baza de date finală.



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Modelul spațial nimbleSCR, utilizat pentru a estima mărimea populației, rata de detecție și parametrii spațiali ai populației de urs brun, indică o estimare robustă, cu intervale de credibilitate relativ înguste, sugerând că efortul de monitorizare și acoperirea spațială au fost adecvate. Estimarea medie a mărimii populației este de aproximativ 11406 indivizi, cu un interval situat între 11074 și 11687 indivizi (IC 2,7%). Această precizie ridicată asigură un bun nivel de încredere în estimarea curentă, comparabilă cu cele obținute în alte studii de referință. Parametrul de detecție la origine (p_0/λ_0) a fost estimat la 0,0164. În ceea ce privește parametrul spațial de dispersie (σ), estimarea obținută este de 8,24 km. Valori comparabile au fost raportate pentru femelele de urs brun în Norvegia ($\sigma \approx 8.9$ km) și ușor mai ridicate pentru masculi ($\sigma \approx 12.9$ km) (Dupont et al., 2023; Dupont et al., 2024).

Modelul spațial SPACECAP a generat estimări ale abundenței care depășesc pragurile considerate conservative, astfel încât aceste valori nu au fost incluse în prezentul raport.

Explorarea parametrilor genetici, a structurii populaționale, a fluxului de gene și a dimensiunea efectivă a populației

Parametrii diversității genetice

La nivelul markerilor analizați nu au fost detectate indicii privind prezența alelelor nule, acest rezultat confirmă calitatea ridicată a genotipurilor obținute și fiabilitatea datelor genetice. Estimările probabilității de identitate (PID) și ale probabilității de identitate între frați (PIDsibs) au evidențiat o putere de discriminare extrem de ridicată a markerilor utilizați. Valoarea PID cumulativă obținută a fost de 2.6×10^{-18} , ceea ce indică o probabilitate aproape nulă ca doi indivizi neînruți să prezinte același genotip multilocus. În mod similar, valoarea PIDsibs cumulativă de 6.1×10^{-7} sugerează o capacitate foarte bună de diferențiere chiar și între indivizi înruți de gradul I (frați).

Datele obținute pentru markerii nucleari SSR au evidențiat un nivel ridicat al diversității genetice în populația de urs brun din România. Numărul de alele pe locus (N_a) a variat între 9 și 19, iar numărul efectiv de alele (N_e) a prezentat valori cuprinse între 3.55 și 9.30, media fiind de 5.62 ± 0.44 , ceea ce sugerează o distribuție echilibrată a frecvențelor alelice. Heterozigoția



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





observată (H_o) a variat între 0.699 și 0.865, cu o medie de 0.79 ± 0.01 , în timp ce heterozigoția așteptată (H_e) a prezentat valori cuprinse între 0.726 și 0.892, având o medie de 0.808 ± 0.015 . Coeficientul de consangvinizare (F) a avut valori scăzute, media fiind 0.021 ± 0.009 , indicând un nivel redus de consangvinizare în populația analizată.

Structura populațională

Structura populațională a fost investigată anterior pe baza probelor de țesut colectate de la 199 de indivizi extrași în cadrul derogărilor din perioada 2011–2013 (Fedorca et al., 2019), folosind un număr mai redus de markeri genetici. Deși a fost identificat un singur cluster genetic, analiza spațială a evidențiat corelații semnificative între variația genetică și structura geografică a populației de-a lungul lanțului Carpatic la acel moment. Baza de date actuală, care include un număr fără precedent de genotipuri, permite obținerea unor rezultate mult mai precise și cu o rezoluție temporală superioară.

Graficul de mai jos reprezintă structura genetică individuală rezultată în urma analizei bayesiene din programul Structure. Fiecare bară verticală reprezintă un individ, iar culorile reflectă proporția de apartenență genetică la cele trei clusteruri genetice identificate (roșu – Cluster I, albastru – Cluster II, verde – Cluster III) (Figura 20). Modelul de colorare indică un grad moderat de amestec genetic (admixture) între indivizi, dar și prezența unor tendințe spațiale. Aceste rezultate susțin existența unei structuri genetice detectabile în populația de urs brun, corespunzând unei organizări spațiale în cadrul distribuției speciei. Analiza combinată a rezultatelor obținute în programele Structure și PopCluster indică faptul că cel mai probabil număr de clusteruri genetice în cadrul populației de urs din România este 3.

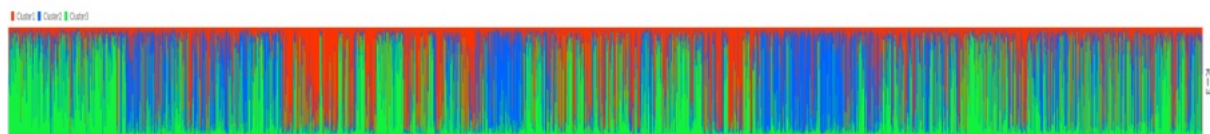


Figura 20. Diagrama de tip „barplot” generată în programul Structure pentru cel mai probabil număr de clusteruri genetice ($K = 3$) determinat conform metodei Evanno

Figura 21 prezintă distribuția spațială a indivizilor din populația de urs din România conform rezultatelor obținute în programul Structure ($K=3$). Fiecare punct colorat reprezintă





un individ, iar diagramele asociate indică proporția apartenenței genetice la unul dintre cele trei cluster (roșu – Cluster I, albastru – Cluster II, verde – Cluster III). După cum se poate observa, se evidențiază un cluster sudic (I), predominant localizat în Carpații Meridionali, un cluster sud-estic (II) corespunzător Carpaților de Curbură și un cluster nordic (III) corespunzător Carpaților Orientali. Distribuția spațială reflectă întrepătrunderea celor trei cluster genetice de-a lungul lanțului carpatic. Astfel, rezultă un flux de gene istoric neîntrerupt între cele trei cluster genetice, inclusiv în partea de vest a țării (Carpații Occidentali).

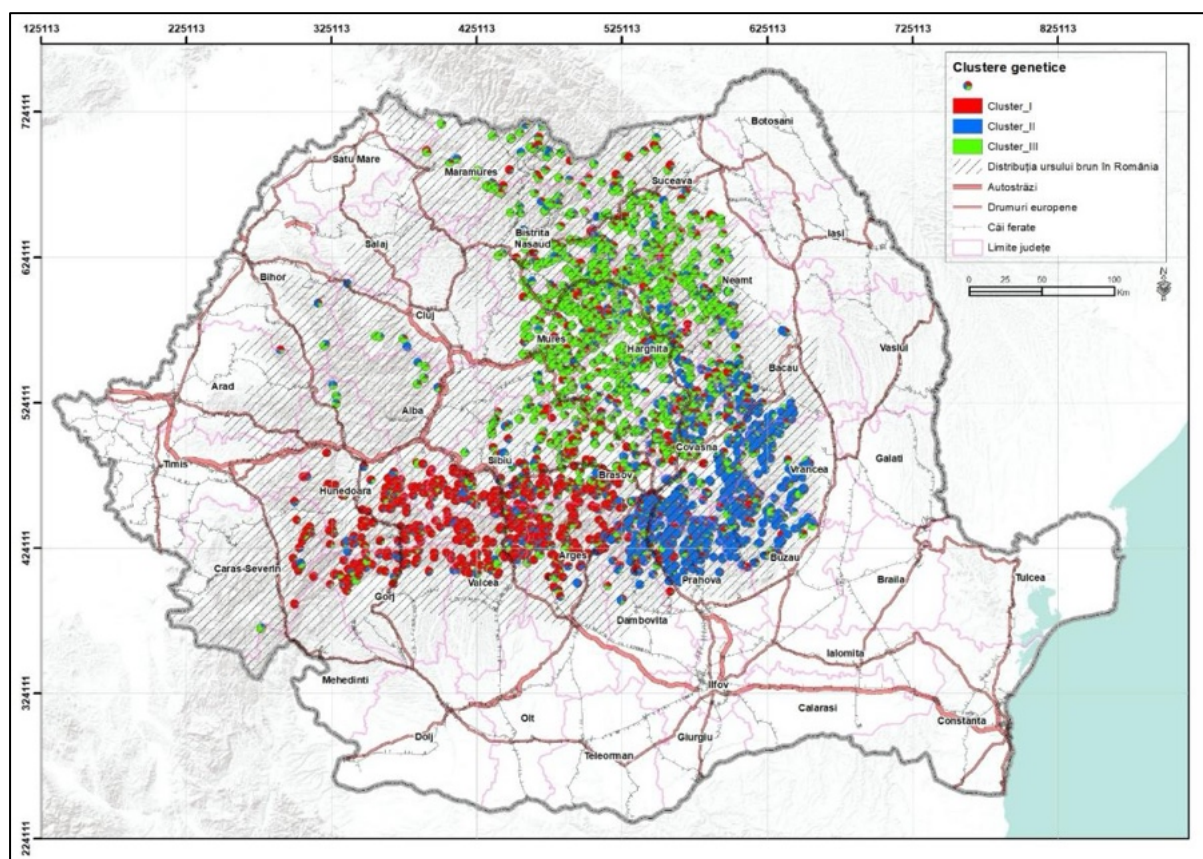


Figura 21. Repartiția geografică a indivizilor de urs brun utilizând metoda Structure (K = 3)

În continuare, clusterelor genetice au fost proiectate pe un plan bidimensional pe baza analizei sPCA (Figura 22), pentru a ilustra nivelul de diferențiere genetică în populația de urs din România. Rezultatele indică o structură genetică spațială moderată, cu o separare redusă





între cele trei clustere identificate. Toate cele trei clustere prezintă zone de suprapunere, sugerând o coeziune genetică internă ridicată și un nivel semnificativ de *admixture* între ele, rezultat confirmat și de valorile indicelui F_{ST} scăzute ($F_{ST} = 0.02$). Primele două componente principale (conform *eigenvalues*) explică cea mai mare parte din variația genetică spațială, confirmând relevanța acestor axe pentru descrierea structurii populaționale.

În concluzie, analiza sPCA confirmă existența a trei clustere genetice principale (sudic, sud-estic și nordic) și evidențiază structuri genetice slabe, dar semnificative, caracterizate prin variații spațiale graduale.

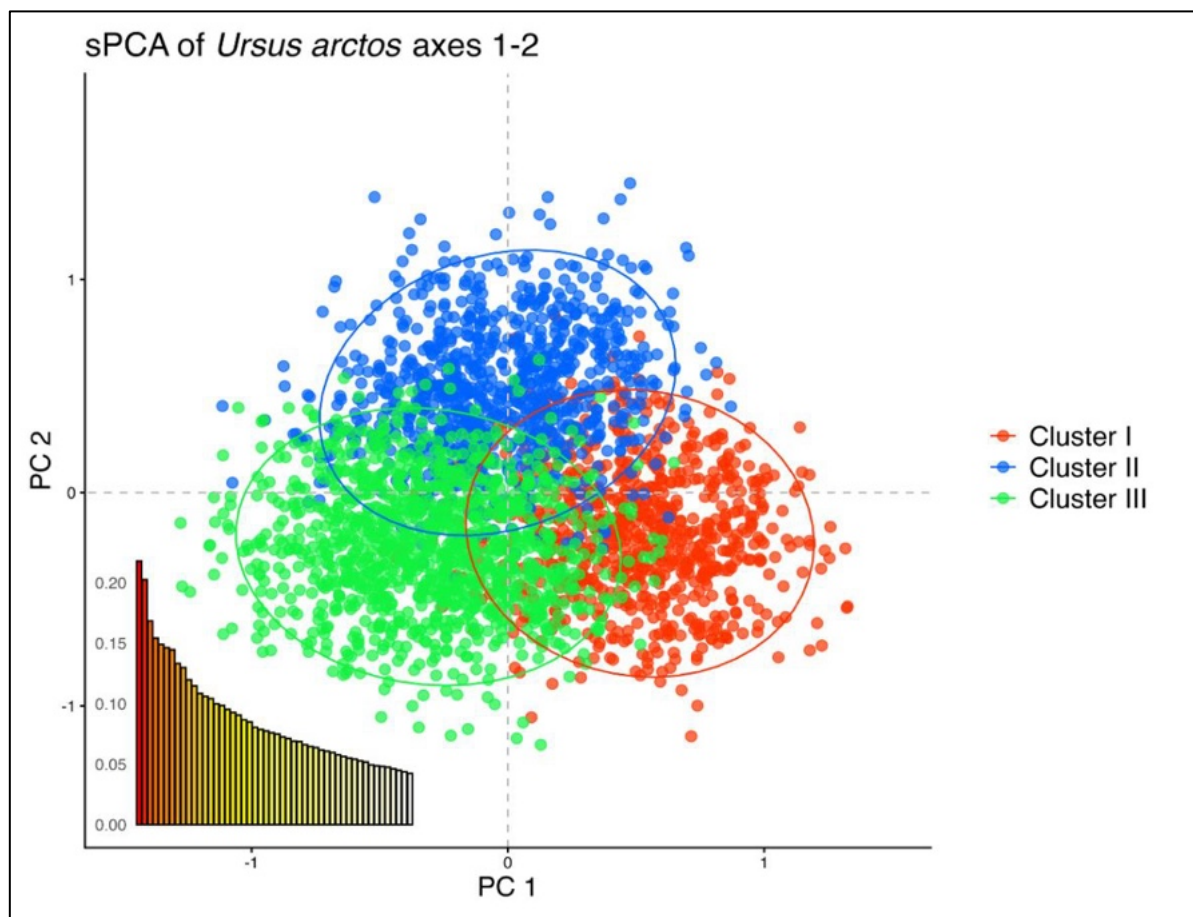


Figura 22. Analiza PCA spațială (PC1 vs. PC2). În partea stânga jos sunt redată valorile suport (*eigenvalues*) pentru fiecare componentă principală





Matricea de diferențiere F_{ST} (Figura 23) arată, în general, o diferențiere genetică slabă între cluster. Cea mai mică valoare a fost observată între clusterul II și clusterul III ($F_{ST} = 0.022$), iar cea mai mare diferențiere genetică a fost semnalată între clusterul II și clusterul I ($F_{ST} = 0.026$). Diferențierea genetică între clusterul I și clusterul III înregistrează o valoare intermediară, $F_{ST} = 0.024$.

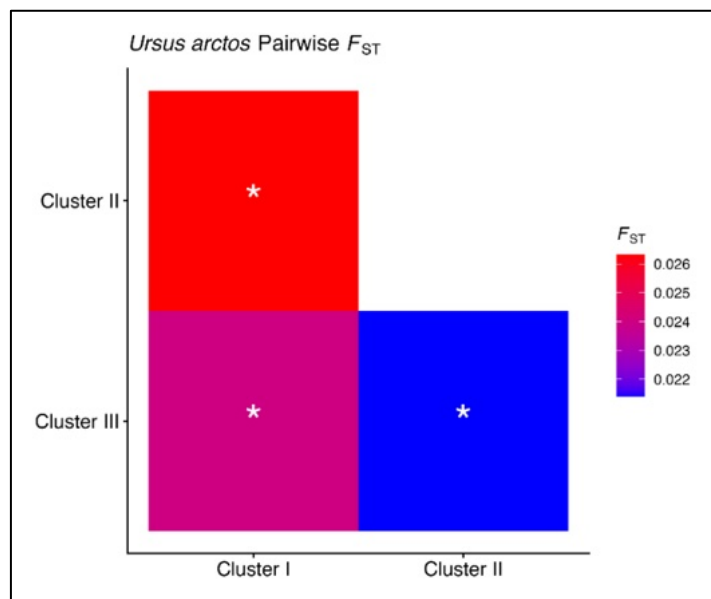


Figura 23. Matricea de diferențiere F_{ST} între cele trei cluster

Fluxul de gene și conectivitatea

Conectivitatea reprezintă un element esențial în contextul fragmentării accentuate a peisajului european. Există deja o bază solidă de cunoștințe privind efectele barierelor ecologice și măsurile de reducere a acestora, în special în ceea ce privește impactul infrastructurilor rutiere, feroviare și al altor structuri similare. Rezultatele obținute sunt în concordanță cu cele raportate anterior de Fedorca et al., 2019, însă oferă o rezoluție spațială semnificativ îmbunătățită și o caracterizare mai detaliată a zonelor focale.

Rata efectivă de “migrație” rezultată din EEMS reprezintă un indicator statistic al fluxului genetic dintre diferite zone geografice, derivat din nivelurile de similaritate și



Cofinanțat de
Uniunea Europeană



diferențiere genetică observate între populații. *Această rată nu reflectă migrația demografică propriu-zisă, ci descrie gradul relativ de conectivitate genetică dintre regiuni, evidențiind zone cu schimb genetic facil sau, dimpotrivă, cu restricții privind transmiterea genetică.* Estimarea suprafețelor de „migrație” s-a realizat prin intermediul configurațiilor de tip *deme*, prin selectarea modelului statistic optim.

Analiza EEMS a evidențiat existența a trei zone majore de „migrație” în cadrul populației de urs brun, localizate în nord, sud-vest și sud-est. Astfel, zonele reprezentate prin nuanțe de albastru închis indică rate de „migrație” de peste zece ori mai mari decât media estimată pentru specie, în timp ce, zonele portocalii-maronii reflectă rate efective de „migrație” de până la șapte ori mai scăzute (Figura 24). Nucleele coincid cu cele trei clustere genetice identificate anterior, iar această concordanță spațială sugerează existența unor diferențieri genetice și existența unor factori care contribuie la limitarea fluxului de gene. În ansamblu, modelul evidențiază un echilibru specific speciilor de carnivore mari cu mobilitate ridicată, între conectivitate populațională și structurare regională. Menținerea acestui echilibru este esențială pentru persistența meta populațiilor pe termen lung și subliniază necesitatea conservării continuității habitatelor în zonele cu conectivitate ridicată, precum și a monitorizării atente a zonelor caracterizate de o rată efectivă de „migrație” scăzută în contextul presiunilor antropice.



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană

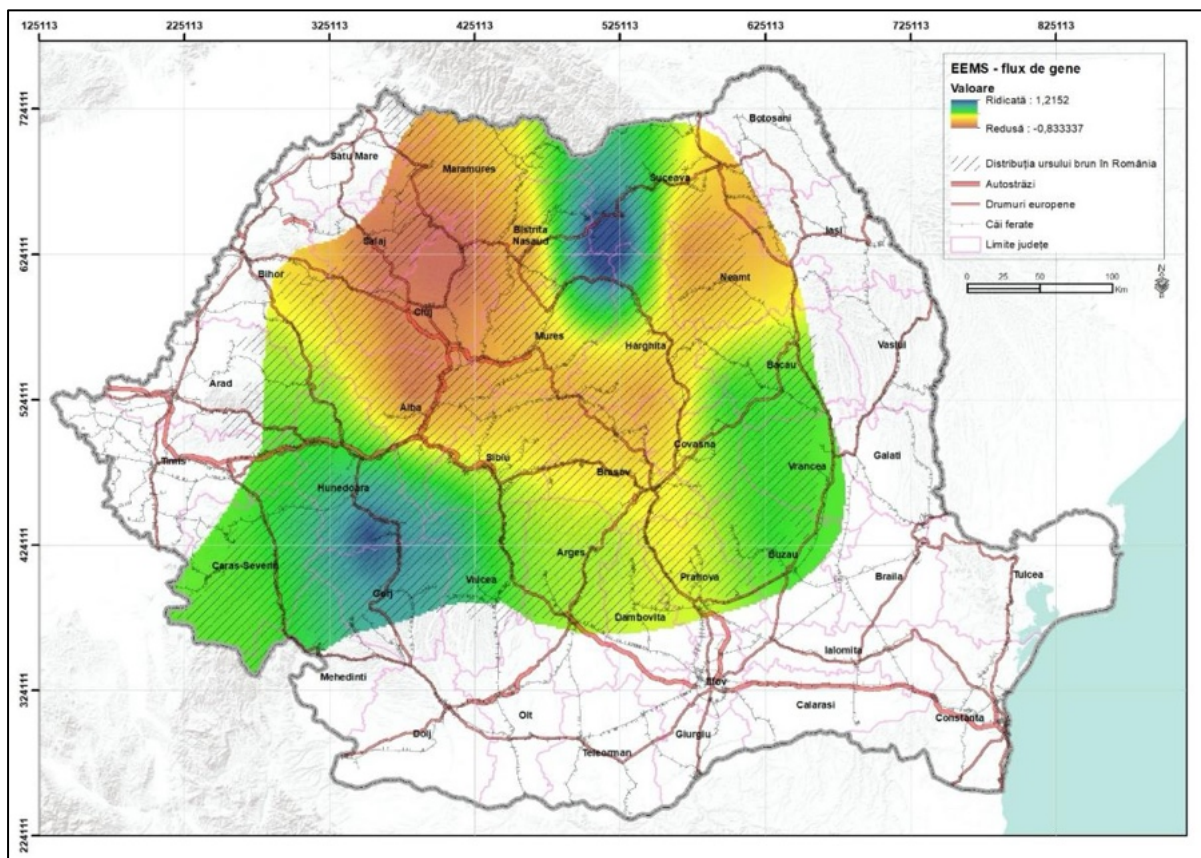


Figura 24. Fluxul de gene rezultat din analiza EEMS: zonele în nuanțe de albastru indică rate efective de migrație peste media estimată, cele în nuanțe de portocaliu-brun indică valori sub media acestor rate, iar nuanțele de verde și galben reflectă niveluri intermediare



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR



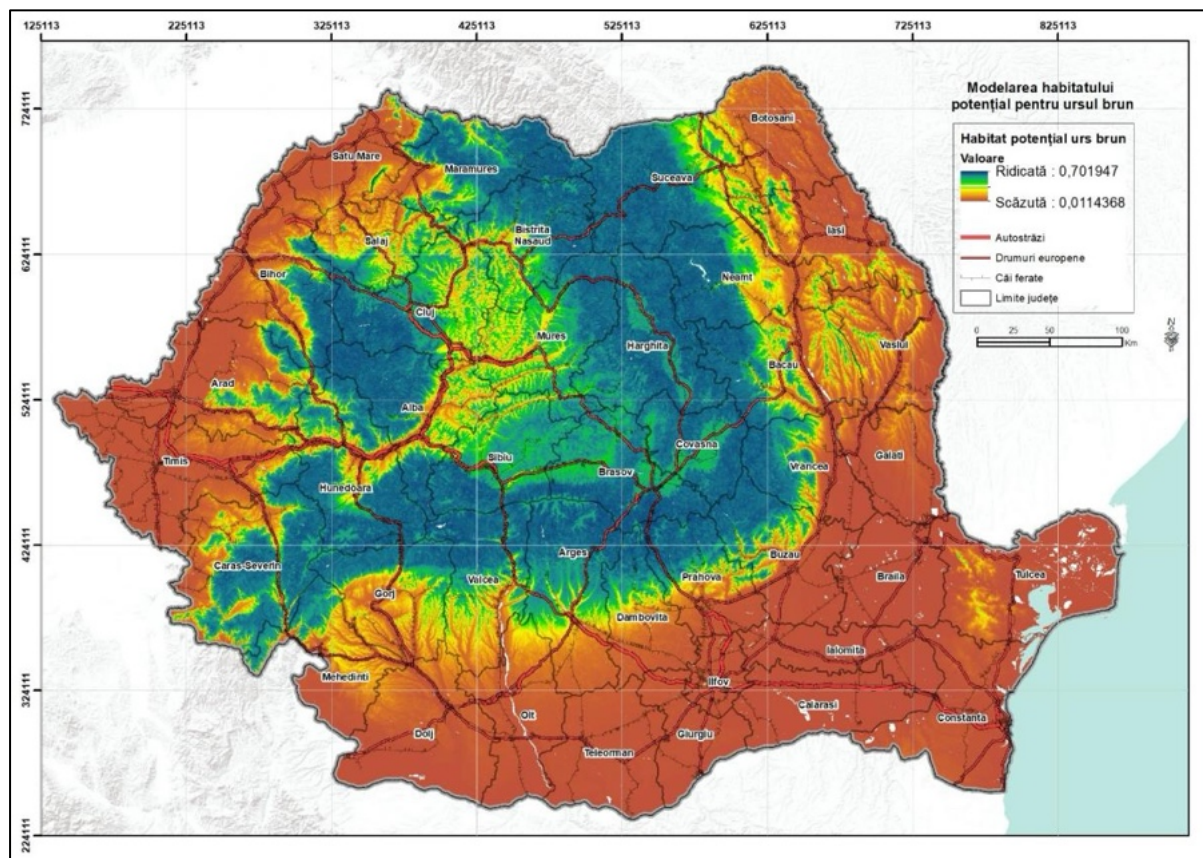


Figura 25. Modelarea habitatului potențial pentru ursul brun

Straturile integrate în analiza modelării habitatului potențial (Figura 25) evidențiază principalele dimensiuni care influențează distribuția, comportamentul și conectivitatea. Habitatul forestier, definit prin indicatori ai biomasei, tipurilor de pădure și densității coronamentului, oferă informații esențiale privind calitatea habitatului, disponibilitatea resurselor trofice și zonele de adăpost. Proximitatea față de pădure este un factor determinant pentru speciile dependente de acoperirea forestieră, întrucât indică accesul la coridoare naturale și la zone tampon față de presiunile antropice.

Topografia modelează microclimatul și accesibilitatea terenului, iar variabile precum altitudinea, panta, expoziția și rugozitatea influențează atât structura vegetației, cât și preferințele de deplasare, în special în regiunile montane. De asemenea, resursele critice, precum apa și diversitatea habitatelor, condiționează modul de utilizare a peisajului.





Proximitatea față de resurse hidrografice reprezintă un factor major în comportamentul speciilor, iar eterogenitatea habitatelor indică disponibilitatea unei game variate de resurse necesare menținerii populațiilor. Presiunile antropice, incluzând infrastructura rutieră, suprafețele impermeabile și alte elemente de dezvoltare, pot conduce la fragmentarea habitatelor și la modificarea rutelor naturale de deplasare. Aceste componente reprezintă factori critici în evaluarea riscurilor și în fundamentarea măsurilor de planificare și conservare.

Deși anumite regiuni prezintă niveluri medii sau reduse ale fluxului genetic, evaluarea la scară națională a structurii populaționale indică un grad ridicat de interconectare, continuitate genetică între acestea, fără diferențieri semnificative între populații, precum și un nivel ridicat al diversității genetice. În acest context, se consideră oportună examinarea zonelor identificate cu niveluri medii sau reduse ale fluxului genetic și evaluarea posibilității corelării acestora cu distribuția habitatului potențial, utilizând metode și analize complementare. În plus, faptul că aria potențială de habitat, prezintă o extindere considerabilă la nivel național, ar fi utilă o evaluare suplimentară a modului în care aceasta este utilizată, din perspectiva ecologică, economică și socială.

Principalele implicații pentru potențialul evolutiv, de conservare și de management al speciei sunt următoarele:

- **Menținerea și îmbunătățirea conectivității:** fluxul genetic indică existența conectivității istorice între clustere, însă intensificarea fragmentării antropice reprezintă o posibilă amenințare. Este de dorit să se integreze măsuri eficiente pentru asigurarea permeabilității ecologice încă din faza de planificare a infrastructurii de transport;
- **Structura genetică observată susține necesitatea unei monitorizări continue:** monitorizarea periodică este esențială pentru detectarea eventualelor pierderi de diversitate sau a apariției izolării regionale;
- **Elaborarea unui registru național al relocărilor,** care să includă metadatele aferente fiecărei intervenții, precum și colectarea și transmiterea probelor genetice către Autoritatea CITES din cadrul INCDS „Marin Drăcea” pentru toate exemplarele relocate. Se apreciază ca fiind oportun ca relocările să fie realizate, atunci când este justificat, la o distanță de maximum 100 km față de locul capturării și în zone unde





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



densitățile estimate sunt sub 5 exemplare/100 km². Totodată, se consideră recomandabil ca indivizii proveniți din sanctuare sau centre de reabilitare să fie eliberați, pe cât posibil, în aria de origine.



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Planul de monitorizare genetică pe termen lung a speciei, infrastructura și resursele asociate

Conform analizelor realizate de Pearman et al., (2024), care utilizează o abordare integrată a marginalității nișei ecologice, anumite regiuni din Europa, precum Peninsula Iberică, coasta estică a Adriaticii, centrul Turciei și, în mod deosebit, lanțul carpatic, pot funcționa ca noduri prioritare pentru programe internaționale de monitorizare genetică. Aceste programe pot anticipa și evalua efectele schimbărilor climatice prin stabilirea unor baze genetice de referință ce includ populațiile situate la limitele distribuției climatice a speciilor. Totodată autorii recomandă intensificarea eforturilor de dezvoltare a capacităților naționale de monitorizare genetică, cu accent pe țările din sud-estul Europei. În această regiune, densitatea speciilor aflate la limitele nișei climatice este în prezent ridicată și se estimează că va rămâne semnificativă și în deceniile următoare, ceea ce impune o abordare strategică în consolidarea infrastructurii de monitorizare genetică și a expertizei tehnico-științifice. Probele genetice colectate vor constitui o bază solidă pentru: evaluarea diversității genetice intra-populaționale, estimarea capacității adaptative a populațiilor la schimbările de mediu și fundamentarea strategiilor de management adaptativ la nivel național și european.

De asemenea, aceste rezultate pot orienta viitoarele investiții ale Uniunii Europene în programe dedicate monitorizării genetice și cercetării în domeniul geneticii conservării, prin integrarea explicită a obiectivelor privind monitorizarea diversității genetice în Directivele Păsări și Habitate ale Uniunii Europene. Monitorizarea genetică a populațiilor atrage în prezent un interes sporit în contextul Convenției privind Diversitatea Biologică (CBD), însă necesită planificare pe termen lung și investiții susținute.

Plan de monitorizare genetică pe termen lung a populației de urs brun din România stabilește cadrul strategic, tehnic și operațional necesar pentru evaluarea continuă a stării speciei la nivel național. Monitorizarea genetică reprezintă un instrument esențial pentru gestionarea durabilă a speciei, asigurând obținerea unor informații robuste privind mărimea și tendința populațională, diversitatea genetică, conectivitatea, precum și a măsurilor de



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



management. Planul de monitorizare genetică pe termen lung este Anexă la Proiectul de act normativ care aprobă zonarea managementului specie urs brun în România.



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Referințe bibliografice

1. Allendorf, F. W., Hössjer, O., & Ryman, N. (2024). What does effective population size tell us about loss of allelic variation?. *Evolutionary Applications*, 17(6), e13733.
2. Baci, I., Fedorca, A., & Ionescu, G. (2022). Noninvasive genetics knowledge from the brown bear populations to assist biodiversity conservation. *Diversity*, 14(2), 121.
3. Baillargeon, S., & Rivest, L. P. (2007). Rcapture: loglinear models for capture-recapture in R. *Journal of statistical software*, 19, 1-31.
4. Bellemain, E., & Taberlet, P. (2004). Improved non-invasive genotyping method: Application to brown bear (*Ursus arctos*) faeces. *Molecular Ecology Notes*, 4(3), 519-522. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00711.x>
5. Bonin, A., Bellemain, E., Bronken Eidesen, P., Pompanon, F., Brochmann, C., & Taberlet, P. (2004). How to track and assess genotyping errors in population genetics studies. *Molecular ecology*, 13(11), 3261-3273.
6. Boulanger, J., McLELLAN, B. N., Woods, J. G., Proctor, M. F., & Strobeck, C. (2004). Sampling design and bias in DNA-based capture-mark-recapture population and density estimates of grizzly bears. *The Journal of Wildlife Management*, 68(3), 457-469.
7. Boyce, M. S., Johnson, C. J., Merrill, E. H., Nielsen, S. E., Solberg, E. J., & Van Moorter, B. (2016). Can habitat selection predict abundance?. *Journal of Animal Ecology*, 85(1), 11-20.
8. Brazeal, J. L., Weist, T., & Sacks, B. N. (2017). Noninvasive genetic spatial capture-recapture for estimating deer population abundance. *The Journal of Wildlife Management*, 81(4), 629-640.
9. Brookfield, J. (1996). A simple new method for estimating null allele frequency from heterozygote deficiency. *Molecular ecology*, 5(3), 453-455.
10. Broquet, T., & Petit, E. (2004). Quantifying genotyping errors in noninvasive population genetics. *Molecular Ecology*, 13(11), 3601-3608.
11. Burgar, J. M., Stewart, F. E., Volpe, J. P., Fisher, J. T., & Burton, A. C. (2018). Estimating density for species conservation: Comparing camera trap spatial count models to genetic spatial capture-recapture models. *Global Ecology and Conservation*, 15, e00411.





12. Carroll, C., Rohlf, D. J., VonHoldt, B. M., Treves, A., & Hendricks, S. A. (2021). Wolf Delisting Challenges Demonstrate Need for an Improved Framework for Conserving Intraspecific Variation under the Endangered Species Act. *BioScience*, 71(1), 73-84.
13. Chao, A. (1987). Estimating the population size for capture-recapture data with unequal catchability. *Biometrics*, 783-791.
14. Chapron, G., Kaczensky, P., Linnell, J. D., Von Arx, M., Huber, D., Andrén, H., ... & Boitani, L. (2014). Recovery of large carnivores in Europe's modern human-dominated landscapes. *science*, 346(6216), 1517-1519.
15. Chapuis, M. P., & Estoup, A. (2007). Microsatellite null alleles and estimation of population differentiation. *Molecular biology and evolution*, 24(3), 621-631.
16. Chapuis, M. P., & Estoup, A. (2009). FreeNA. Software
17. Connor, T., Tripp, E., Saxon, B. J., Camarena, J., Goodwin, J. A., Bean, W. T., Sarna, D., & Brashares, J. (2023). A spatial, closed integrated population model to estimate wildlife population size and structure. *Journal of Wildlife Management*, 87(7), e22459.
18. Crum, N. J., Gowan, T., & Ramachandran, K. (2023). Forecasting wildlife movement with spatial capture–recapture. *Methods in Ecology and Evolution*.
19. De Barba, M., Waits, L. P., Garton, E. O., Genovesi, P., Randi, E., Mustoni, A., & Groff, C. (2010). The power of genetic monitoring for studying demography, ecology and genetics of a reintroduced brown bear population. *Molecular ecology*, 19(18), 3938-3951.
20. de Valpine, P., Turek, D., Paciorek, C. J., Anderson-Bergman, C., Lang, D. T., & Bodik, R. (2017). Programming with models: writing statistical algorithms for general model structures with NIMBLE. *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 26(2), 403-413.
21. Dempster, A. P., Laird, N. M., & Rubin, D. B. (1977). Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. *Journal of the royal statistical society: series B (methodological)*, 39(1), 1-22.
22. Do, C., Waples, R. S., Peel, D., Macbeth, G. M., Tillett, B. J., & Ovenden, J. R. (2014). NeEstimator v2: Re-implementation of software for the estimation of contemporary effective population size (N_e) from genetic data. *Molecular Ecology Resources*, 14(1), 209–214. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12157>





23. Dupont, P., Milleret, C., Gimenez, O., & Bischof R. (2019). Population closure and the bias-precision trade-off in spatial capture–recapture. *Methods in Ecology and Evolution*, 10, 661-672.
24. Dupont, G., Linden, D. W., & Sutherland, C. (2021). Improved inferences about landscape connectivity from spatial capture–recapture by integration of a movement model. *Ecology*, 103(10), e3544. <https://doi.org/10.1002/ecy.3544>
25. Dupont, P., Milleret, C., Brøseth, H., Kindberg, J. & Bischof, R. 2023. Estimates of brown bear density, abundance, and population dynamics in Norway 2012-2021. MINA fagrapport 82: 32pp.
26. Dupont, P., Milleret, C., Semper-Pascual, A., Brøseth, H., Kopatz, A., Kindberg, J. and Bischof, R. 2025. Estimates of brown bear density, abundance, and population dynamics in Norway 2015 - 2024 - MINA fagrapport 105. 35pp
27. Durbach, I., Dupont, G., Royle, J. A., & Sutherland, C. (2020). Optimal sampling design for spatial capture–recapture. *Ecology*, 102(3), e03262. <https://doi.org/10.1002/ecy.3262>
28. Efford, M. G., & Schofield, M. R. (2019). A spatial open-population capture–recapture model. *Biometrics*, 76(2), 392–402. <https://doi.org/10.1111/biom.13150>
29. Evanno, G., Regnaut, S., & Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: A simulation study. *Molecular Ecology*, 14(8), 2611–2620. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>
30. Excoffier, L., & Lischer, H. E. L. (2010). Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, 10(3), 564–567. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x>
31. Fedorcă, A., Baci, I., & Ionescu, G. (2019). Inferring fine-scale spatial structure of the brown bear (*Ursus arctos*) population across the Romanian Carpathians. *Scientific Reports*, 9, Article 45999. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-45999-y>
32. Fedorcă, A., Milleret, C., Dupont, P., Valpine, P., & Ionescu, G. (2024). Dealing with the complexity of effective population size in conservation genetics. *Evolutionary Applications*. <https://doi.org/10.1111/eva.70031>





33. Francis, R. M. (2017). POPHELPER: An R package and web app to analyse and visualise population structure. *Molecular Ecology Resources*, 17(1), 27–32. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12587>
34. Freeman, C. M., Barthman-Thompson, L., Klinger, R., Woo, I., & Thorne, K. M. (2022). Assessing small-mammal trapping design using spatially explicit capture recapture (SECR) modeling on long-term monitoring data. *PLOS ONE*, 17(7), e0270082. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0270082>
35. Frosch, C., Dutsov, A., Zlatanova, D., Valchev, K., Reinert, T. E., Steyer, K., ... & Nowak, C. (2014). Noninvasive genetic assessment of brown bear population structure in Bulgarian mountain regions. *Mammalian Biology*, 79(4), 268-276.
36. Fukasawa, K., & Higashide, D. (2025). Mechanistic home range capture–recapture models for the estimation of population density and landscape connectivity. *Ecology*, 106(2), e70046. <https://doi.org/10.1002/ecy.70046>
37. Gardner, B., Sollmann, R., Kumar, N. S., Jathanna, D., & Karanth, K. U. (2018). State space and movement specification in open population spatial capture–recapture models. *Ecology and Evolution*, 8(20), 10336–10348. <https://doi.org/10.1002/ece3.4498>
38. Glad, A., Monnet, J. M., Pagel, J., & Reineking, B. (2019). Importance and effectiveness of correction methods for spatial sampling bias in species with sex-specific habitat preference. *Ecology and Evolution*, 9(23), 13188-13201.
39. Green, A. M., Chynoweth, M. W., & Şekercioğlu, Ç. H. (2020). Spatially explicit capture–recapture through camera trapping: A review of benchmark analyses for wildlife density estimation. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 8, 563477. <https://doi.org/10.3389/fevo.2020.563477>
40. Gopalaswamy, A. M., Royle, J. A., Hines, J. E., Singh, P., Jathanna, D., Kumar, N. S., & Karanth, K. U. (2012). Program SPACECAP: Software for estimating animal density using spatially explicit capture-recapture models. *Methods in Ecology and Evolution*, 3(6), 1067–1072. <https://doi.org/10.1111/j.2041-210X.2012.00241.x>





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



41. Ilinca, E., Fedorcă, A., Baci, I., Fedorcă, M., & Ionescu, G. (2022). The road ahead on implementing non-invasive genetic monitoring of multispecies in the Carpathians. *Land*, 11(12), 2222. <https://doi.org/10.3390/land11122222>
42. Iosif, R., Skrbinšek, T., Jelenčič, M., Boljete, B., Konec, M., Erich, M., Sulică, B., Moza, I., Ungureanu, L., Rohan, R., Bîrloiu, D., & Promberger-Fürpass, B. (2021). Report on monitoring brown bears using non-invasive DNA sampling in the Romanian Carpathians (30 pp.). Foundation Conservation Carpathia.
43. Jolly, G. M. (1982). Mark-recapture models in ecological research. *International Statistical Review*, 50(3), 349–363. <https://doi.org/10.2307/1402746>
44. Jombart, T., Devillard, S., Dufour, A.-B., & Pontier, D. (2008). Revealing cryptic spatial patterns in genetic variability by a new multivariate method. *Heredity*, 101(1), 92–103. DOI: <https://doi.org/10.1038/hdy.2008.34>
45. Jombart, T. (2008). adegenet: A R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics*, 24(11), 1403–1405. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btn129>
46. Jones, O. R., & Wang, J. L. (2010). COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Molecular Ecology Resources*, 10(3), 551–555. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02787.x>
47. Jurj, R., Ionescu, O., Croitoru, A., Căzacu, R., Popa, M., Ionescu, G., Frîm, A., Jurj, C., Fedorca, M., Gridan, A., Fedorca, A., Vodă, F., Didă, C., Costescu, B., & Damian, M. (2021). Plan de management pentru conservarea populației de urs brun (*Ursus arctos*) din România. Ministerul Mediului, Apelor și Pădurilor; LIFE FOR BEAR – LIFE13 NAT/RO/001154. Editura Silvica.
48. Kaczensky, P., Ranc, N., Hatlauf, J., Payne, J. C., Acosta-Pankov, I., Álvares, F., Andrén, H., Andri, P., Aragno, P., Avanzinelli, E., Bagnade, G., Balys, V., Barroso, I., Bartol, M., Bassano, B., Bauduin, S., Bautista, C., Bedő, P., Belotti, E., Berezowska-Cnota, T., Bernicchi, L., Bijl, H., Bionda, R., Biščan, A., Blanco, J. C., Bliem, K., Böcker, F., Bogdanović, N., Boiani, V., Bojda, M., Boljete, B., Bragalanti, N., Breitenmoser, U., Brøseth, H., Bučko, J., Budinski, I., Bufka, L., Černe, R., Cherepanyn, R., Chiriac, S., Ćirović, D., Csányi, S., DeAngelis, D., de Gabriel Hernando, M., Diószegi-Jelinek, L., Done, G., Drouet-Hoguet, N.,



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



Duľa, M., Dutsov, A., Engleder, T., Fenchuk, V., Ferloni, M., Ferri, M., Filacorda, S., Find'o, S., Fležar, U., Frangini, L., Frick, C., Fuxjäger, C., Galanaki, A., Genovesi, P., Gentile, D., Gervasi, V., Gil, P., Giorgos, G., Gomerčić, T., Gonev, A., Gouwy, J., Gregorová, E., Groff, C., Gužvica, G., Hadžihajdarević, H., Heikkinen, S., Heltai, M. G., Henttonen, H., Herrero, A., Hoxha, B., Huber, D., Iliopoulos, Y., Imeri, M., Ioannis, G., Ivanov, G., Jan, M., Jansman, H., Jeremić, J., Jerina, K., Kapo, N., Karaïskou, N., Karamanlidis, A., Kindberg, J., Kluth, G., Knauer, F., Kojola, I., Kominos, T., Konec, M., Koubek, P., Krausová, J., Krofel, M., Krojerová, J., Kubala, J., Kübarsepp, M., Kunz, F., Kusak, J., Kutal, M., Kyriakidis, S., La Morgia, V., Lajçi, F., Lammertsma, D., Lapini, L., Latini, R., Lemaitre, P.-L., Licoppe, A., Linnell, J. D. C., López-Bao, J. V., Majic Skrbínsek, A., Männil, P., Marucco, F., Melovski, D., Mengüllüoğlu, D., Mergeay, J., Mertzanis, Y., Meytre, S., Mináriková, T., Mokrá, J., Molinari, P., Molinari-Jobin, A., Moreno, I., Mysłajek, R. W., Nägele, O., Napotnik, I., Nezaj, M., Nowak, S., Olsen, K., Omeragić, J., Oreiller, P., Ornicāns, A., Ozoliņš, J., Palomero, G., Pavlov, A., Perovic, A., Pesaro, S., Pilāte, D., Pimenta, V., Poledník, L., Pop, M. I., Prakapchuk, V., Pylidis, C., Quenette, P.-Y., Rauer, G., Reinhardt, I., Reljić, S., Rigg, R., Riva, V., Rodekirchen, A. M., Ruņģis, D. E., Šálek, M., Salvatori, V., Satra, M., Schally, G. T., Schley, L., Selanec, I., Selimovic, A., Selva, N., Sentilles, J., Shyti, I., Signer, S., Simčić, G., Sindičić, M., Škapur, V., Skrbínsek, T., Smith, A. F., Smitskamp, L., Solovej, I., Špinkytė-Bačkaitienė, R., Stepanova, A., Stergar, M., Sterrer, U., Stojanov, A., Šuleková, D., Sunde, P., Šver, L., Szewczyk, M., Topličanec, I., Tosoni, E., Trajçe, A., Trbojević, I., Trbojević, T., Tsalazidou, T.-M., Tsingarska-Sedefcheva, E., Ursitti, J., Valtonen, M., Vandel, J.-M., Vanpé, C., Veeroja, R., von Arx, M., Vorel, A., Vykhov, B., Weber, H., Woelfl, S., Yamelynets, T., Zimmermann, F., Zlatanova, D., Žuglić, T., Zukal, J., & Žunna, A. (n.d.). Large carnivore distribution maps for Europe 2017–2022/23.

49. Karamanlidis, A. A., de Gabriel Hernando, M., Krambokoukis, L., & Gimenez, O. (2015). Evidence of a large carnivore population recovery: The brown bear in Greece. *Arcturos Conservation* Report.
<https://www.arcturos.gr/files/1/news/Evidence%20of%20a%20large%20carnivore%20population%20recovery.pdf>



MINISTERUL MEDIULUI
APELOR ȘI PĂDURILOR





50. Karanth, K. U. and J. D. Nichols, editors. 2002. Monitoring tigers and their prey: a manual for researchers, managers and conservationists in tropical Asia. Centre for Wildlife Studies, Bangalore, India
51. Kendall, K. C., Stetz, J. B., Boulanger, J., Macleod, A. C., Paetkau, D., & White, G. C. (2009). Demography and genetic structure of a recovering grizzly bear population. *The Journal of Wildlife Management*, 73(1), 3-16.
52. Lampa, S., Mihoub, J. B., Gruber, B., Klenke, R., & Henle, K. (2015). Non-invasive genetic mark-recapture as a means to study population sizes and marking behaviour of the elusive Eurasian otter (*Lutra lutra*). *PLoS One*, 10(5), e0125684.
53. Leeman, R. S., Davis, R. S., Uzal, A., Neumeyer, H., Garbett, R. A., Twining, J. P., & Yarnell, R. W. (2025). Tourist sightings improve the precision of camera trap-derived density estimates using spatial capture-recapture models. *Remote Sensing in Ecology and Conservation*.
54. Lettink, M., & Armstrong, D. P. (2003). An introduction to using mark-recapture analysis for monitoring threatened species. Department of Conservation Technical Series 28A, 5–32. Wellington, New Zealand: Department of Conservation. <https://www.doc.govt.nz/documents/science-and-technical/docts28a.pdf>
55. Linden, D. W., Fuller, A. K., Royle, J. A., & Hare, M. P. (2018). Integrating telemetry into spatial capture–recapture for improved inference of animal space use and demography. *Ecology*, 99(7), 1750–1761. <https://doi.org/10.1002/ecy.2376>
56. Linnell & Boitani, 2025 – Developing methodology for setting Favourable Reference Values for large carnivores in Europe, raport LCIE
57. López-Bao, J. V., Godinho, R., Pacheco, C., Lema, F. J., García, E., Llaneza, L., Palacios, V., & Jiménez, J. (2018). Toward reliable population estimates of wolves by combining spatial capture–recapture models and non-invasive DNA monitoring. *Scientific Reports*, 8, 2177. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-20675-9>
58. Lounsberry, Z. T., Forrester, T. D., Olegario, M. T., Brazeal, J. L., Wittmer, H. U., & Sacks, B. N. (2015). Estimating sex-specific abundance in fawning areas of a high-density





Columbian black-tailed deer population using fecal DNA. *The Journal of Wildlife Management*, 79(1), 39-49.

59. McKnight, D. T., & Ligon, D. B. (2017). Correcting for unequal catchability in sex ratio and population size estimates. *PLoS One*, 12, e0184101. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0184101>
60. Miller, C. R., Joyce, P., & Waits, L. P. (2005). A new method for estimating the size of small populations from genetic mark–recapture data. *Molecular ecology*, 14(7), 1991-2005.
61. Mills, L. S., Citta, J. J., Lair, K. P., Schwartz, M. K., & Tallmon, D. A. (2000). Estimating animal abundance using noninvasive DNA sampling: promise and pitfalls. *Ecological applications*, 10(1), 283-294.
62. Moqanaki, E., Milleret, C., Dupont, P., Brøseth, H., & Bischof, R. (2022). Wolverine density distribution reflects past persecution and current management in Scandinavia. *bioRxiv*, 2022-11.
63. Morehouse, A. T., & Boyce, M. S. (2016). Grizzly bears without borders: Spatially explicit capture–recapture in southwestern Alberta. *Journal of Wildlife Management*, 81(2), 133–146. <https://doi.org/10.1002/jwmg.21183> Morin et al., 2001).
64. Morin, P. A., Chambers, K. E., Boesch, C., & Vigilant, L. (2001). Quantitative PCR analysis of DNA from noninvasive samples for accurate microsatellite genotyping of wild chimpanzees (*Pan troglodytes verus*). *Molecular Ecology*, 10(10), 1835–1844. <https://doi.org/10.1046/j.0962-1083.2001.01308.x>
65. Paetkau, D. (2005). An empirical exploration of data quality in DNA-based population inventories. *Molecular Ecology*, 14(7), 1839–1847. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02576.x>
66. Paetkau, D., Calvert, W., Stirling, I., & Strobeck, C. (1995). Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Molecular Ecology*, 4(3), 347–354. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.1995.tb00227.x>
67. Paetkau, D., Waits, L. P., Clarkson, P. L., Craighead, L., & Strobeck, C. (1998). Multiple genetic markers and wildlife conservation: genetic tagging of brown bears. *Molecular Ecology*, 7(10), 1153–1163. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.1998.00414.x>





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



68. Paetkau, D., Shields, G. F., & Strobeck, C. (1998). Gene flow between insular, coastal and interior populations of brown bears in Alaska. *Molecular Ecology*, 7(10), 1283–1292.
69. Palmero, S., Premier, J., Kramer-Schadt, S., Monterroso, P., & Heurich, M. (2023). Sampling variables and their thresholds for the precise estimation of wild felid population density with camera traps and spatial capture–recapture methods. *Mammal Review*, 53, 223–237. doi:10.1111/mam.12320
70. Peakall, R., & Smouse, P. E. (2012). GenAlEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics*, 28(19), 2537–2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>
71. Peakall, R., & Smouse, P. E. (2016). GenAlEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research — a primer. *Molecular Ecology Resources*, 16(1), 98–108. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12445>
72. Pearman, P. B., Broennimann, O., Aavik, T., Albayrak, T., Alves, P., Aravanopoulos, F. A., Bertola, L., Biedrzycka, A., Buzan, E., Cubric-Curik, V., ... Zachos, F. (2024). Monitoring of species' genetic diversity in Europe varies greatly and overlooks potential climate change impacts. *Nature Ecology & Evolution*, 8(2), 267–281. <https://doi.org/10.1038/s41559-023-02260-0>
73. Pennell, M. W., Harmon, L. J., & Uyeda, J. C. (2013). An integrative view of phylogenetic comparative methods: Connections to population genetics, community ecology, and paleobiology. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1289(1), 90–105. <https://doi.org/10.1111/nyas.12157>
74. Pérez, T., Vázquez, F., Naves, J., Fernández, A., Corao, A., Albornoz, J., & Domínguez, A. (2009). Non-invasive genetic study of the endangered Cantabrian brown bear (*Ursus arctos*). *Conservation genetics*, 10(2), 291–301.
75. Petkova, D., Novembre, J., & Stephens, M. (2016). Visualizing spatial population structure with estimated effective migration surfaces. *Nature Genetics*, 48(1), 94–100. <https://doi.org/10.1038/ng.3464>
76. Pylidis, C., Anijalg, P., Saarma, U., Dawson, D. A., Karaiskou, N., Butlin, R., ... & Burke, T. A. (2021). Multisource noninvasive genetics of brown bears (*Ursus arctos*) in Greece



MINISTERUL MEDIULUI
APELOR ȘI PĂDURILOR





reveals a highly structured population and a new matrilineal contact zone in southern Europe. *Ecology and Evolution*, 11(11), 6427-6443.

77. Pompanon, F., Bonin, A., Bellemain, E., & Taberlet, P. (2005). Genotyping errors: Causes, consequences and solutions. *Nature Reviews Genetics*, 6(11), 847–859. <https://doi.org/10.1038/nrg1707>

78. Popescu, V. D., Iosif, R., Manolache, S., Rozyłowicz, L., & Kuemmerle, T. (2017). Integrating sign surveys and telemetry data for estimating brown bear (*Ursus arctos*) density in the Romanian Carpathians. *European Journal of Wildlife Research*, 63(5), 1–13. <https://doi.org/10.1007/s10344-017-1120-2>

79. Pradel, R. (1996). Utilization of capture–mark–recapture for the study of recruitment and population growth rate. *Biometrics*, 52(2), 703–709. <https://doi.org/10.2307/2532908>

80. Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155(2), 945–959.

81. Proctor, M. F., McLellan, B. N., Strobeck, C., & Barclay, R. M. R. (2010). Gender-specific dispersal distances of grizzly bears (*Ursus arctos*) in the Rocky Mountains. *Canadian Journal of Zoology*, 88(9), 871–878. <https://doi.org/10.1139/Z10-054>

82. Proffitt, K. M., Goldberg, J. F., Hebblewhite, M., Russell, R., Jimenez, B. S., Robinson, H. S., Pilgrim, K., & Schwartz, M. K. (2015). Integrating resource selection into spatial capture–recapture models for large carnivores. *Ecosphere*, 6(11), 239. <https://doi.org/10.1890/ES15-00001.1>

83. Raymond, M., & Rousset, F. (1995). GENEPOP (Version 1.2): Population genetics software for exact tests and ecumenicism. *Journal of Heredity*, 86(3), 248–249. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a111573>

84. Romairone, J., Jiménez, J., Luque-Larena, J. J., & Mougeot, F. (2018). Spatial capture-recapture design and modelling for the study of small mammals. *PLOS ONE*, 13(6), Article e0198766. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0198766>

85. Roon, D. A., Waits, L. P., & Kendall, K. C. (2005). A simulation test of the effectiveness of several methods for error-checking non-invasive genetic data. *Animal Conservation*, 8(2), 203–215. <https://doi.org/10.1017/S1367943005001976>





86. Rousset, F. (2008). GENEPOP'007: A complete re-implementation of the GENEPOP software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources*, 8(1), 103–106. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2007.01931.x>
87. Royle, J. A., Chandler, R. B., Sollmann, R., & Gardner, B. B. T.-S. C. (Eds.). (2014). *Spatial Capture-Recapture* (p. i). Academic Press. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/B978-0-12-405939-9.00021-9>
88. Royle, J. A., Fuller, A. K., & Sutherland, C. (2016). Spatial capture–recapture models allowing Markovian transience or dispersal. *Population Ecology*, 58(1), 53–62. <https://doi.org/10.1007/s10144-015-0524-z>
89. Royle, J. A., Fuller, A. K., & Sutherland, C. (2018). Unifying population and landscape ecology with spatial capture–recapture. *Ecography*, 41(3), 444–456. <https://doi.org/10.1111/ecog.03170>
90. Schregel, J., Kopatz, A., Eiken, H. G., Swenson, J. E., Hagen, S. B., & Rønning, O. (2012). Limited gene flow among brown bear populations in northern Norway revealed by SNP and microsatellite analyses. *Journal of Heredity*, 103(3), 326–340. <https://doi.org/10.1093/jhered/esr140>
91. Škrbinšek, T., Jelenčič, M., Waits, L. P., Kos, I., Petković, A., & Kos, M. (2017). Monitoring the Alpine brown bear population: genetic structure, effective population size and monitoring strategies. *Hystrix, the Italian Journal of Mammalogy*, 28(2), 144–152. <https://doi.org/10.4404/hystrix-28.2-11793>
92. Škrbinšek, T., Kos, I., & Trontelj, P. (2012). Genetic monitoring as an essential tool in large carnivore conservation biology: Insights from brown bears in Slovenia. *Conservation Genetics*, 13(3), 535–547. <https://doi.org/10.1007/s10592-011-0302-4>
93. Sutherland, C., Royle, J. A., & Linden, D. W. (2019). oSCR: A spatial capture–recapture R package for inference about spatial ecological processes. *Ecography*, 42(9), 1459–1469. <https://doi.org/10.1111/ecog.04551>
94. Swenson, J. E., Taberlet, P., & Bellemain, E. (2011). Genetics and conservation of European brown bears *Ursus arctos*. *Mammal Review*, 41(2), 87–98.





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



95. Taberlet, P., Griffin, S., Goossens, B., Questiau, S., Manceau, V., Escaravage, N., ... Bouvet, J. (1996). Reliable genotyping of samples with very low DNA quantities using PCR. *Nucleic Acids Research*, 24(16), 3189–3194. <https://doi.org/10.1093/nar/24.16.3189>
96. Taberlet, P., Waits, L. P., & Luikart, G. (1999). Noninvasive genetic sampling: Look before you leap. *Trends in Ecology & Evolution*, 14(8), 323–327. [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(99\)01637-7](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(99)01637-7)
97. Taberlet, P., Camarra, J. J., Griffin, S., Uhres, E., Hanotte, O., Waits, L. P., ... & Bouvet, J. (1997). Noninvasive genetic tracking of the endangered Pyrenean brown bear population. *Molecular ecology*, 6(9), 869-876.
98. Turek, D., Milleret, C., Brøseth, H., Bischof, R., Dupont, P., & Valpine, P. (2021). Efficient estimation of large-scale spatial capture–recapture models. *Ecosphere*, 12(2), Article e03385. <https://doi.org/10.1002/ecs2.3385>
99. Waits, L. P., & Paetkau, D. (2005). Noninvasive genetic sampling tools for wildlife biologists: A review of applications and recommendations for accurate data collection. *Journal of Wildlife Management*, 69(4), 1419–1433. [https://doi.org/10.2193/0022-541X\(2005\)69\[1419:NGSTFW\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.2193/0022-541X(2005)69[1419:NGSTFW]2.0.CO;2)
100. Waits, L. P., Luikart, G., & Taberlet, P. (2001). Estimating the probability of identity among genotypes in natural populations: cautions and guidelines. *Molecular ecology*, 10(1), 249-256.
101. Wang, J. (2022). Pedigrees or markers: Which are better in estimating relatedness and inbreeding coefficient? *Heredity*, 128(6), 450–461. <https://doi.org/10.1038/s41437-022-00515-z>
102. Wang, J. (2004). Estimation of relatedness from genetic marker data. *Journal of Heredity*, 95(5), 406–414. <https://doi.org/10.1093/jhered/esh048>
103. Wang, J. (2012). COANCESTRY: A program for simulating, estimating and analysing relatedness and inbreeding coefficients. *Molecular Ecology Resources*, 12(1), 157–163. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2011.03089.x>



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



104. White, G. C., & Burnham, K. P. (1999). Program MARK: Survival estimation from populations of marked animals. *Bird Study*, 46(Supplement 1), S120–S139. <https://doi.org/10.1080/00063659909477239>
105. Xiao, W., Li, H., Huang, X., & Xiao, Z. (2019). Using capture–recapture models in wildlife camera-trapping monitoring and the study case. *Biodiversity Science*, 27(3), 257–265. <https://doi.org/10.17520/biods.2018194>
106. ***QGIS Development Team. (2009). QGIS Geographic Information System (Version 3.38.3). Open Source Geospatial Foundation. <https://qgis.org>
107. ***Asociația de Standardizare din România. (2018). SR EN ISO/IEC 17025:2018 – Cerințe generale pentru competența laboratoarelor de încercări și etalonări.
108. București: ASRO
109. *** R Core Team. (2023). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. <https://www.r-project.org/>
110. ***Raport directiva habitate



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR





Cofinanțat de
Uniunea Europeană



***Implementarea planului național de acțiune pentru conservarea populației
de urs brun din România***

Beneficiarul proiectului: Ministerul Mediului, Apelor și Pădurilor

Editor: Institutul Național de Cercetare-Dezvoltare în Silvicultură "Marin Drăcea"

Noiembrie 2025



MINISTERUL MEDIULUI,
APELOR ȘI PĂDURILOR

