

Inventaire de l'ours noir dans la pessière noire au Saguenay – Lac-Saint-Jean à l'été 2012



**Forêts, Faune
et Parcs**

Québec



Inventaire de l'ours noir dans la pessière noire au Saguenay – Lac-Saint-Jean à l'été 2012



Novembre 2014

Direction de la faune terrestre et de l'avifaune
Direction générale de l'expertise sur la faune et ses habitats
Secteur de la faune et des parcs

**Forêts, Faune
et Parcs**

Québec 

ÉQUIPE DE RÉALISATION

Auteurs :

Direction de la faune terrestre et de l'avifaune :

Christian Dussault

Sophie Massé

Sébastien Lefort

Direction régionale du Saguenay–Lac-Saint-Jean :

Claude Dussault

Université du Québec à Rimouski :

Christine Chicoine

Martin-Hugues St-Laurent

DUSSAULT, CHRISTIAN, SOPHIE MASSÉ, CHRISTINE CHICOINE, CLAUDE DUSSAULT, SÉBASTIEN LEFORT, MARTIN-HUGUES ST-LAURENT (2014). *Inventaire de l'ours noir dans la pessière noire au Saguenay–Lac-Saint-Jean à l'été 2012*, Québec, ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs, 34 p.

Dépôt légal – Bibliothèque et Archives nationales du Québec, 2014

ISBN 978-2-550-71814-7 (Imprimé)

ISBN 978-2-550-71063-9 (PDF)

© Gouvernement du Québec, 2014

REMERCIEMENTS

Nous remercions sincèrement toutes les personnes qui ont participé aux différentes phases du projet. Soulignons l'excellent travail de l'équipe sur le terrain : Bruno Baillargeon, Guy Biron, Charles Cloutier-Lapointe, Serge Gravel, Dominic Grenier, Carol Harvey, François Landry, Gilles Lupien, Mathieu McCann et Julien Vigneault. Les analyses génétiques ont été réalisées par Christine Chicoine et Karine Robert à l'Université de Sherbrooke, sous la supervision d'Hélène Presseault-Gauvin, Fanie Pelletier et Dany Garant. Nous tenons également à remercier chaleureusement les biologistes Jeffrey Stetz (University of Montana) et John Boulanger (Integrated Ecological Research) qui ont partagé avec nous de nombreuses données cruciales pour démarrer ce projet du bon pied. Ce projet a été financé par le réinvestissement dans le domaine de la faune.

RÉSUMÉ

Ce document présente les résultats d'un inventaire de l'ours noir (*Ursus americanus*) réalisé en 2012 dans la pessière noire au Saguenay–Lac-Saint-Jean. La technique d'inventaire utilisée est celle de capture-marquage-recapture avec reconnaissance individuelle par génotypage des poils. L'inventaire s'est déroulé dans un secteur d'environ 7 000 km² situé au nord de la ville de Dolbeau-Mistassini.

Toutes les étapes de l'inventaire ont été réalisées avec succès. Cinquante-huit pour cent (58 %) des stations de collecte de poils ont été visitées à au moins une reprise au cours des cinq semaines de l'inventaire. Les analyses génétiques ont permis d'identifier 153 génotypes différents. Les ours ont été capturés de une à quatre fois chacun, et la plupart des recaptures ont eu lieu dans la même station ou dans une station voisine située à moins de 5 km.

Nous avons estimé la densité dans le secteur d'étude à 0,53 ours/10 km² à l'aide de modèles spatialement explicites (intervalle de confiance à 90 % = 0,33 à 0,73, précision = 38 %). Cette densité est légèrement supérieure à celle estimée dans le plan de gestion de l'ours noir (2006-2013) pour ce secteur qui est de 0,3 ours/10 km². Le nombre de visites à une station augmentait lorsque la proportion de brûlis récents, de perturbations vieilles de 6 à 20 ans, de peuplements en régénération (20 à 40 ans) et de milieux ouverts non régénérés augmentait en périphérie des stations. Il est donc conseillé de cibler ces habitats pour l'installation des stations de collecte de poils lors des futurs inventaires en pessière noire.

À la lumière de nos résultats et de notre expérience, nous suggérons quelques améliorations à la technique d'inventaire.

TABLE DES MATIÈRES

Liste des tableaux.....	VIII
Liste des figures	IX
1 INTRODUCTION.....	1
2 SECTEUR D'ÉTUDE	2
3 MÉTHODES.....	2
3.1 Établissement de la grille d'échantillonnage et aménagement des stations	2
3.2 Utilisation des leurres et visites des stations pour la collecte des poils.....	5
3.3 Analyses génétiques	6
3.4 Analyses statistiques.....	7
3.4.1 Estimation de la densité de population	7
3.4.2 Lien entre le nombre de génotypes à une station et les caractéristiques du milieu	8
4 RÉSULTATS.....	12
4.1 Estimation de la densité de population	12
4.2 Lien entre le nombre de génotypes à une station et les caractéristiques du milieu	14
5 DISCUSSION	17
6 RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES.....	19
ANNEXE 1	22
ANNEXE 2	23
ANNEXE 3	24
ANNEXE 4	25

LISTE DES TABLEAUX

TABLEAU 1	Modèles d'estimation de la densité pour les populations fermées selon la maximisation de la vraisemblance à partir d'un historique de capture-recapture spatialement explicite. Les modèles incluent un ou plusieurs des effets suivants : le temps (t), la réponse comportementale à une première capture (b) et la variation individuelle dans la probabilité de capture (h).....	9
TABLEAU 2	Liste des types d'habitats utilisés.....	11
TABLEAU 3	Caractéristiques des 7 loci microsatellites basées sur les 150 individus identifiés. PI = probabilité d'identité frère-sœur, PI_{sibs} = probabilité d'identité entre individus hautement apparentés, HO = hétérozygotie observée, HE = hétérozygotie attendue.	11
TABLEAU 4	Nombre d'ours différents (selon la génétique) capturés et recapturés durant chaque semaine de l'inventaire. Certains ours ont été capturés à plus d'une station pendant la même semaine d'échantillonnage (ours capturés plusieurs fois).	12
TABLEAU 5	Distribution de fréquence du nombre de captures par ours, y compris les recaptures du même ours à plus d'une station durant de la même semaine d'échantillonnage.	12
TABLEAU 6	Résultats du processus de sélection du meilleur modèle pour estimer la densité d'ours avec l'approche ML SECR dans R. Chaque modèle est présenté avec le nombre de paramètres (K), la log-vraisemblance (LL), le critère d'Akaike (AIC), la différence avec l'AIC le plus faible (ΔAIC) et le poids AIC (w_i). La densité d'ours et l'intervalle de confiance à 90 % des quatre meilleurs modèles ($\Delta AIC < 2$, en gras dans le tableau) sont présentés et ont servi à l'estimation finale de la densité grâce à un modèle moyen (<i>model averaging</i>).	14
TABLEAU 7	Résultats du processus de sélection du meilleur modèle pour évaluer la relation entre le nombre de visites à une station et les caractéristiques de l'habitat autour de cette station. Les caractéristiques de l'habitat ont été évaluées à plusieurs échelles spatiales : directement à la station et dans des zones tampons de différents rayons (300, 500 et 1 000 m) autour de celles-ci. Chaque modèle est présenté avec le nombre de paramètres (K), la log-vraisemblance (LL), le critère d'Akaike (AIC), la différence avec l'AIC le plus faible (ΔAIC) et le poids AIC (w_i). Le meilleur modèle est en caractères gras.....	15
TABLEAU 8	Résultats du meilleur modèle évaluant la relation entre le nombre de visites à une station et les caractéristiques de l'habitat autour de cette station. Les caractéristiques de l'habitat ont été évaluées dans des zones tampons de 1 000 m autour des stations. Les types d'habitats dont l'intervalle de confiance exclut « 0 » sont en caractères gras.....	15

LISTE DES FIGURES

<i>FIGURE 1</i>	Carte du secteur d'étude montrant toutes les cellules disponibles de la grille d'échantillonnage, les stations de collecte de poils, les lacs et les principales voies d'accès.	4
<i>FIGURE 2</i>	Schéma illustrant une station typique. Le fil barbelé était fixé à au moins 3 arbres et des broches étaient utilisées dans chaque coin pour augmenter la tension. Une pile de débris contenant des troncs d'arbres pourris, de l'écorce ou de la mousse était érigée afin de protéger les leurres des intempéries, et ce, à au moins 2 m du fil barbelé.	5
<i>FIGURE 3</i>	Schéma illustrant la façon d'identifier les échantillons de poils collectés aux stations. Les échantillons étaient entreposés individuellement dans des enveloppes en papier et ils étaient identifiés de façon séquentielle avec une lettre (A, B, C... Y, Z, AA, AB...) et selon la présence d'un autre échantillon à proximité. Dans cet exemple, l'échantillon C (B + 1) était situé à 1 pointe de barbelé de l'échantillon B, alors que l'échantillon D (C + 3) était situé à 3 pointes de barbelé de l'échantillon C. Deux échantillons situés sur deux tronçons différents (donc n'étant pas situés entre deux mêmes arbres) ne devaient pas être associés (les échantillons E et F, par exemple).	6
<i>FIGURE 4</i>	Distribution de fréquence de la distance entre la recapture d'un ours et le site de sa capture initiale.	13
<i>FIGURE 5</i>	Carte du secteur d'étude montrant le nombre de captures et de recapture d'un ours dans les différentes cellules de la grille d'échantillonnage.	16

1 INTRODUCTION

Au Québec, la gestion de l'ours noir (*Ursus americanus*) représente un défi de taille, car les modalités d'exploitation doivent être établies en l'absence d'inventaires pour estimer la densité. En effet, contrairement aux cervidés qui font l'objet d'inventaires aériens périodiques, la gestion de l'ours noir repose uniquement sur des indicateurs de suivi calculés à partir de la récolte sportive et de simulations de populations. Cette approche requiert de la prudence pour deux principales raisons. Premièrement, l'ours noir est une espèce très sensible à l'exploitation. Ainsi, le rétablissement d'une population surexploitée est susceptible d'être long. Deuxièmement, les données de productivité utilisées dans les simulations de populations datent d'une vingtaine d'années (Jolicoeur et coll., 2006) et pourraient ne plus être représentatives de la réalité. En effet, l'ours est une espèce dont la dynamique de population est grandement influencée par la disponibilité des ressources (Obbard et Howe, 2008; Bridges et coll., 2011) et les femelles doivent atteindre une masse corporelle critique pour se reproduire au cours d'une année donnée (Elowe et Dodge, 1989; Samson et Huot, 1995). Or, il est possible que la productivité des ourses ait augmenté au cours des dernières décennies à cause de la transformation de l'habitat par l'industrie forestière (Brodeur et coll., 2008) et du réchauffement climatique, deux mécanismes qui devraient se traduire par une plus grande disponibilité des ressources pour cette espèce.

La récolte annuelle d'ours noirs est enregistrée depuis 1984 (Lamontagne et coll., 2006). Au cours des années 1990, des indices suggéraient que certaines populations étaient exploitées à leur niveau maximal et même surexploitées. Après une baisse essentiellement attribuable à l'interdiction de la vente de la vésicule biliaire et à l'abandon de la chasse automnale en 1998, la récolte annuelle d'ours noirs s'est stabilisée à environ 4 500 ours au milieu des années 2000 (Lamontagne et coll., 2006). Pendant la même période, Lamontagne et coll. (2006) ont estimé que la population d'ours avait augmenté de 10 000 individus, passant de 60 000 à 70 000 durant les années 1995 à 2004. La gestion de l'ours noir a aussi comme particularité de devoir composer avec les perceptions parfois très divergentes des différents usagers du territoire. Plusieurs citoyens perçoivent encore l'ours noir comme une espèce nuisible et dangereuse. Dans le plan de gestion de l'espèce (2006-2013), le ministère des Ressources naturelles et de la Faune (MRNF) a souligné l'importance de maintenir les populations à des niveaux biologiquement et socialement acceptables, en plus d'optimiser les retombées économiques liées à son exploitation (Lamontagne et coll., 2006).

Idéalement, la gestion de l'ours noir devrait donc reposer sur les données les plus précises possible afin d'établir des objectifs de récolte représentatifs du nombre maximal d'individus qu'il est possible de prélever sans mettre en péril la population à court et à long terme. Selon nous, la meilleure méthode pour atteindre cet objectif est d'estimer les densités et la taille des populations de façon précise et régulière afin de réagir rapidement et efficacement à des fluctuations de population.

Ce projet d'inventaire de l'ours noir au Saguenay–Lac-Saint-Jean s'inscrit dans une démarche globale d'acquisition de connaissances sur l'ours noir au Québec, dont la première étape consiste à se doter d'une méthode d'estimation de la densité. L'objectif à court terme est de développer une méthode d'inventaire réaliste qui permet d'évaluer les densités d'ours sur de grands territoires ($> 1\,000\text{ km}^2$) avec une précision acceptable pour la gestion. Nous souhaitons appliquer cette méthode dans trois sites d'étude jugés représentatifs de l'habitat de l'ours noir au Québec. Ces sites sont situés dans les trois domaines bioclimatiques suivants : la pessière noire, la sapinière à bouleau jaune et l'érablière à bouleau jaune. Les interactions entre l'ours et les humains sont également particulièrement fréquentes dans les deux sites d'étude les plus méridionaux. Dans une perspective à long terme, nous visons à ce que ces trois secteurs fassent l'objet d'inventaires périodiques pour connaître l'influence des modalités d'exploitation sur l'évolution des densités d'ours, une information essentielle pour améliorer la gestion de l'espèce.

Les objectifs spécifiques visés à long terme par le programme d'inventaire sont les suivants :

- valider les modèles de simulation de population d'ours noirs;
- valider les indicateurs de récolte;
- optimiser le potentiel de récolte indiqué dans les futurs plans de gestion dans le but de maximiser les retombées économiques de l'activité;
- satisfaire les utilisateurs et les partenaires par une meilleure expérience de chasse;
- améliorer la gestion des conflits ours-humains par la diffusion d'une information de qualité.

La technique d'inventaire retenue est celle de capture-marquage-recapture (CMR) avec reconnaissance individuelle par génotypage des poils. Il s'agit de celle qui est actuellement la plus répandue dans le monde pour estimer la taille et la densité des populations d'ursidés (Boulanger et coll., 2002; Romain-Bondi et coll., 2004; Roy et coll., 2007). Il est à noter que cette méthode a déjà été utilisée au Québec, dans les régions de l'Abitibi-Témiscamingue (Courtois et coll., 2004; Plante et coll., sous presse), de l'Outaouais (Roy et coll., 2007) et du Saguenay–Lac-Saint-Jean (Chicoine, 2014).

2 SECTEUR D'ÉTUDE

Le secteur d'inventaire (7 270 km²) est situé au nord-est de la région administrative du Saguenay–Lac-Saint-Jean, principalement dans la zone de chasse 29 (85 % de l'aire d'étude) et à la limite de la zone 28 (15 %) (50,36° N. et 71,84° O.) (figure 1). La forêt est typique de la pessière à mousses de l'Est en forêt boréale (MRNF, 2012). Les peuplements forestiers sont principalement composés d'épinette noire (*Picea mariana*) en association avec le sapin baumier (*Abies balsamea*), le pin gris (*Pinus banksiana*) et, occasionnellement, le bouleau blanc (*Betula papyrifera*) ou le peuplier faux-tremble (*Populus tremuloïdes*). Le sous-étage est principalement composé d'éricacées (*Kalmia* spp., *Rhododendron groenlandicum*, *Vaccinium* spp.) et de mousses. Le secteur d'étude a été soumis à d'importants incendies de forêt en 2005, 2007 et 2010, des perturbations qui ont grandement façonné le paysage forestier. La topographie y est relativement peu accidentée avec une altitude variant de 250 à 900 m (Robitaille et Saucier, 1998). Les précipitations annuelles moyennes sont de l'ordre de 1 200 mm, dont environ 35 % tombent sous forme de neige (Robitaille et Saucier, 1998).

3 MÉTHODES

3.1 Établissement de la grille d'échantillonnage et aménagement des stations

Le site d'étude a été subdivisé en 221 parcelles de 25 km² (ci-après nommées cellules de la grille d'échantillonnage). Nous avons répertorié 200 cellules que nous souhaitons inventorier en priorité (priorité 1, figure 1), mais avons dû utiliser 21 cellules en réserve pour les remplacer (priorité 2, figure 1), puisque certaines des 200 cellules initiales se sont avérées inaccessibles lors des travaux sur le terrain. Au total, nous avons finalement établi une station de collecte de poils dans 195 cellules de la grille d'échantillonnage.

L'aménagement des stations s'est effectué en deux étapes. Durant la première étape (environ huit jours à quatre équipes de deux personnes), nous avons répertorié les sites où les stations devaient être installées. Chaque station a été aménagée le plus près possible du centre de la cellule de la grille d'échantillonnage. Les principales caractéristiques recherchées pour l'établissement d'une station étaient :

- l'accessibilité;
- la qualité de l'habitat pour l'ours noir (idéalement, un site en régénération devait être situé à proximité);
- une distance de plus de 500 m des activités humaines comme les campings, les camps forestiers et les regroupements de chalets;
- une distance de plus de 300 m d'une coupe forestière en cours ou prévue au cours de l'année.

Le site possédant ces caractéristiques et situé le plus près possible du centre de la cellule de la grille d'échantillonnage était choisi. À une échelle encore plus fine, les caractéristiques recherchées pour l'établissement de la station étaient :

- la proximité d'un chemin d'accès (idéalement de 30 à 50 m);
- un endroit ombragé avec un couvert arborescent permettant de limiter la détérioration des leurres et de l'ADN contenu dans les poils;
- la proximité d'un site en régénération (< 50 m);
- un terrain où la topographie était relativement plane, comprenant de trois à six arbres sur lesquels le fil barbelé pouvait être fixé. Il était important de choisir un terrain plat pour empêcher les ours de passer sous ou par-dessus le fil barbelé; toutefois, il a parfois été nécessaire de niveler le terrain pour bloquer les irrégularités du sol les plus évidentes le long du fil barbelé.

La localisation de la station était identifiée avec du ruban forestier au bord du chemin et des rubans le long du sentier menant à la station (rarement nécessaire). Nous avons vu à ne pas utiliser trop de signes visuels pour ne pas attirer inutilement les personnes de passage. Nous avons installé une pancarte d'avertissement dans le sentier menant à la station de façon à ce qu'elle soit bien visible. Lors de la première étape, il a été possible de dégager le sentier pour accéder à la station, préparer les arbres qui allaient recevoir le fil barbelé, installer le fil barbelé, préparer la pile de débris (voir plus bas), poser la pancarte d'avertissement et remplir le formulaire de description de la station (annexe 1). Le fil barbelé d'une station devait mesurer environ de 25 à 30 m linéaires. Il devait être installé à 45-50 cm du sol et être solidement ancré, idéalement sur trois à six arbres avec des crampes à clôture. Le fil barbelé devait être tendu le plus possible (figure 2). Lors de la deuxième étape, les équipes sont retournées aux stations pour les appâter avec les leurres. Cette approche a permis de conserver un intervalle d'environ sept jours entre l'installation des stations et la première visite pour la collecte des poils, soit le même intervalle que celui qui a été utilisé durant le reste de l'inventaire. À la suite de l'installation, chaque station était visitée toutes les semaines, et ce, pendant cinq semaines consécutives.

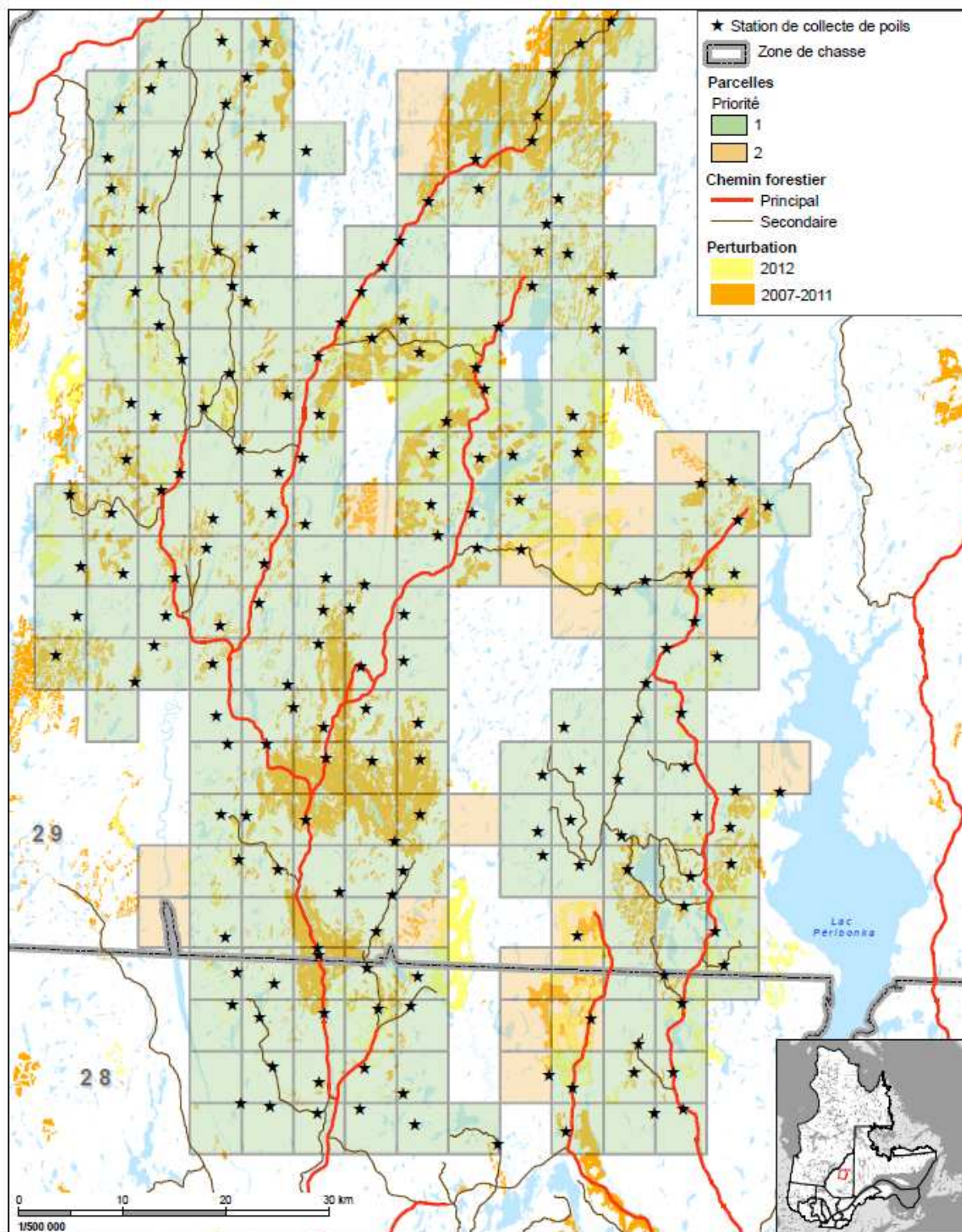


FIGURE 1 Carte du secteur d'étude montrant toutes les cellules disponibles de la grille d'échantillonnage, les stations de collecte de poils, les lacs et les principales voies d'accès.

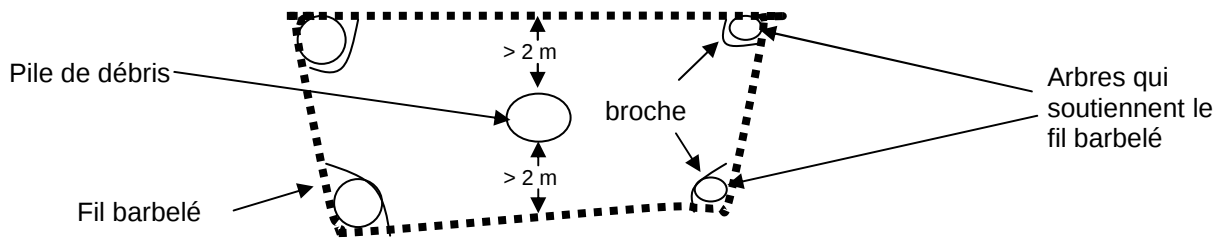


FIGURE 2 Schéma illustrant une station typique de collecte de poils. Le fil barbelé était fixé à au moins 3 arbres et des broches étaient utilisées dans chaque coin pour augmenter la tension. Une pile de débris contenant des troncs d'arbres pourris, de l'écorce ou de la mousse était érigée afin de protéger les leurres des intempéries, et ce, à au moins 2 m du fil barbelé.

3.2 Utilisation des leurres et visites des stations pour la collecte des poils

Nous avons seulement utilisé des leurres olfactifs pour éviter de conditionner les ours aux stations en leur donnant accès à une source de nourriture lors de chaque visite d'une station. Les leurres utilisés étaient du sang de bœuf fermenté, de l'huile de poisson et une mixture composée en parts égales d'essence d'anis et d'huile de friture usagée. Nous avons amoncelé des débris sur environ 0,5 m de haut et 1,0 m de large au centre de la station afin d'y déverser le sang de bœuf. Les débris pouvaient par exemple être des troncs d'arbres, des branches ou de la mousse. Nous avons évité de bloquer la circulation de l'air, car nous voulions que le sang fermenté diffuse son odeur dans l'environnement. Il était souhaitable de mettre de l'écorce sur le dessus de la pile de débris pour offrir une protection contre la pluie et ainsi améliorer la rétention du leurre. De plus, la pile de débris devait être située à plus de 2 m du fil barbelé dans tous les sens afin que les ours qui se présentent à la station soient obligés d'y pénétrer pour accéder au leurre. Nous avons versé 2 L de sang dans la pile de débris à la suite de l'installation de la station puis à chacune des visites subséquentes. Nous avons suspendu une éponge imbibée d'huile de poisson et de sang de bœuf fermenté à une branche d'arbre à environ 5 m du sol. L'éponge était insérée dans un verre de plastique afin de la protéger de la pluie. L'éponge devait être accrochée à l'intérieur de l'enclos de fil barbelé. Finalement, nous avons vaporisé de l'essence d'anis diluée avec de l'huile de friture usée sur les arbres autour de la station.

Lors d'une visite, toutes les pointes du fil barbelé étaient examinées attentivement afin de collecter tous les échantillons de poils observés. Chaque échantillon était placé individuellement dans une enveloppe en papier. Lors de la collecte des poils, nous avons utilisé un morceau de plastique de couleur pâle pour mettre en évidence la présence de poils sur les barbelés. Les poils trouvés sur une même pointe du fil barbelé étaient considérés comme appartenant au même échantillon. Les poils étaient prélevés avec les mains ou des pinces à sourcils en prenant soin de porter des gants de latex pour éviter la contamination par l'ADN humain et en s'efforçant de conserver les racines des poils en ne les cassant pas. Toutes les données nécessaires à l'identification des échantillons (p. ex., nombre approximatif de poils, présence ou non de racine) étaient inscrites sur le formulaire récapitulatif de visite des stations (annexe 2) et sur les enveloppes (annexe 3). Une fois les poils collectés, les gants de latex étaient jetés et toutes les traces de poil restantes étaient brûlées le long du fil barbelé à l'aide d'un chalumeau afin de prévenir la contamination des futurs échantillons.

L'identification des échantillons de poils suivait une démarche logique : chaque échantillon était d'abord identifié par une lettre (dans l'ordre alphabétique). Ensuite, si cet échantillon était précédé d'un autre échantillon situé à moins de cinq pointes de barbelé sur le même tronçon (un tronçon = ligne de fil barbelé entre deux arbres), il suffisait d'ajouter la lettre qui identifiait l'échantillon précédant ainsi que le nombre de pointes de barbelé qui les séparaient (≤ 5) (figure 3). S'il y avait des poils sur le sol sous le fil barbelé, ils étaient récoltés et assignés à la pointe du fil barbelé la plus proche. Les poils trouvés dans la pile de débris n'étaient pas collectés.

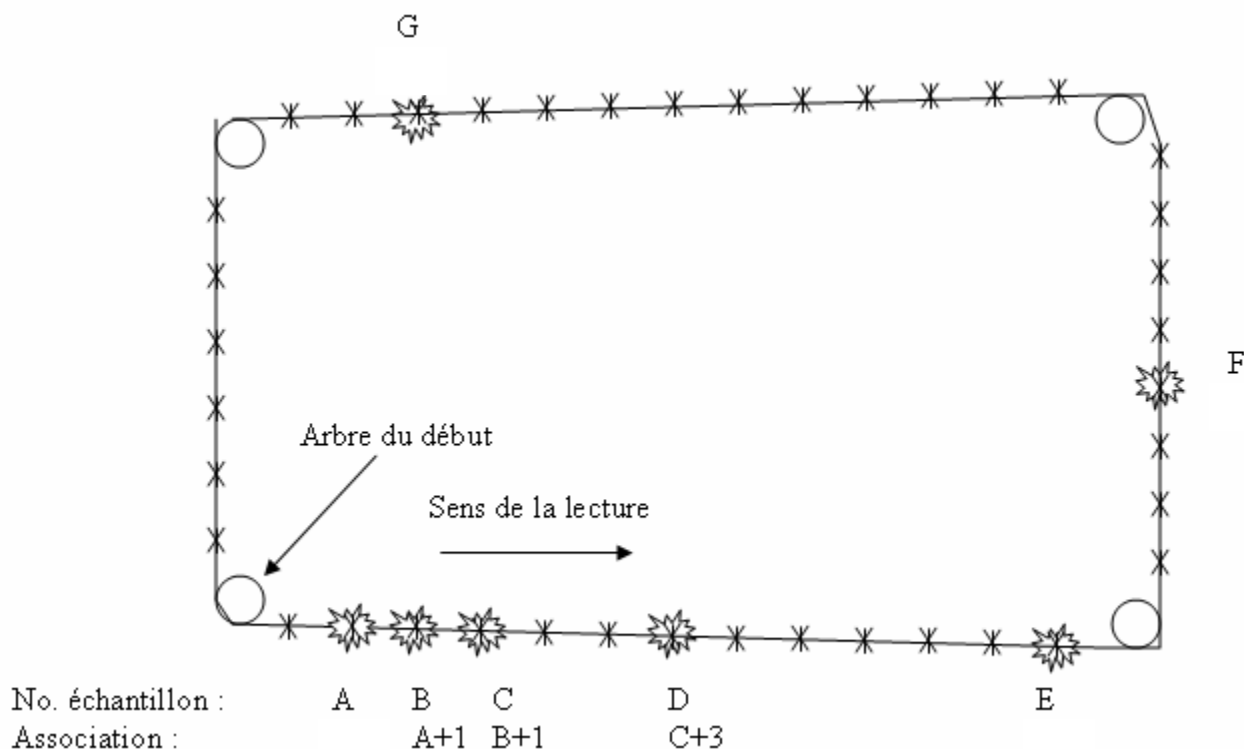


FIGURE 3 Schéma illustrant la façon d'identifier les échantillons de poils collectés aux stations. Les échantillons étaient entreposés individuellement dans des enveloppes en papier et ils étaient identifiés de façon séquentielle avec une lettre (A, B, C... Y, Z, AA, AB...) et selon la présence d'un autre échantillon à proximité. Dans cet exemple, l'échantillon B (A + 1) était situé à 1 pointe de barbelé de l'échantillon A, alors que l'échantillon D (C + 3) était situé à 3 pointes de barbelé de l'échantillon C. Deux échantillons situés sur deux tronçons différents (donc n'étant pas situés entre deux mêmes arbres) ne devaient pas être associés (les échantillons E et F, par exemple).

Les échantillons étaient séchés le plus rapidement possible après leur collecte, grâce à l'utilisation d'enveloppes en papier qui absorbent en partie l'humidité. Durant la collecte des poils, les enveloppes de papier étaient conservées dans des sacs Ziploc pour les protéger de l'humidité. Les enveloppes n'étaient pas scellées tout de suite après la collecte des poils pour faciliter le séchage. Après chaque visite d'une station, les enveloppes étaient placées dans le véhicule à l'air libre, loin de toute source de chaleur. De retour au campement le soir, elles étaient déposées dans un support aéré par un petit ventilateur pour poursuivre le séchage. Dès que les enveloppes étaient sèches, elles étaient scellées en prenant soin d'y insérer un sachet de billes de silicates puis mises dans un sac Ziploc pour les protéger de l'humidité ambiante. Finalement, elles étaient entreposées dans un endroit frais et sec en attente des analyses génétiques. Les stations ont été démontées et le matériel ramassé après avoir procédé à la collecte de tous les poils lors de la dernière visite.

3.3 Analyses génétiques

La première étape a été de mettre de côté les échantillons de poils n'appartenant pas à un ours et ceux ne contenant pas de racines. Nous avons ensuite tenté d'établir le génotype des 819 échantillons de poils d'ours collectés. Cependant, il n'a pas été possible d'obtenir des résultats satisfaisants pour tous les échantillons pour diverses raisons. Premièrement, il est plus difficile d'amplifier l'ADN d'échantillons comprenant peu de poils ou d'échantillons de mauvaise qualité (ADN dégradé) (Waits et Paetkau, 2005). Lorsque l'ADN d'un échantillon ne pouvait être amplifié, nous

avons évalué la possibilité de le combiner à un autre échantillon de faible qualité récolté à la même station durant la même visite pour augmenter les probabilités de réussite. Au total, 219 des 819 échantillons initiaux ont fait l'objet d'un regroupement (26,7 %), sans égard à leur position respective sur le fil barbelé.

L'ADN a été extrait à l'aide d'une trousse d'extraction QIAGEN (Qiagen Inc., Valencia, Californie). Les échantillons ont été incubés durant 48 heures et 20 µL de protéinase K (20 mg/mL) ont été ajoutés après 24 heures d'incubation. Les volumes utilisés pour l'élution de l'ADN ont été modifiés en s'inspirant de Roy et coll. (2012), c'est-à-dire que la quantité de tampon d'élution utilisée dépendait de la taille des échantillons : 60 µL de tampon étaient ajoutés aux échantillons contenant moins de 5 poils, 80 µL à ceux contenant de 5 à 15 poils et 100 µL aux échantillons contenant plus de 15 poils.

Les échantillons ont été génotypés à sept loci microsatellites de l'ADN nucléaire avec des marqueurs spécifiques de l'ours : G10L (Paetkau et Strobeck, 1994), G10H, G10M (Paetkau et coll., 1995), UarMu10, UarMu15, UarMu23 et UarMu50 (Taberlet et coll., 1997). Le protocole préconisé par Roy et coll. (2012) représentait le point départ des conditions de réaction en chaîne de la polymérase (lib. *Polymerase chain reaction*, ci-après PCR). Toutefois, une optimisation de la concentration des composantes de la réaction a dû être effectuée avec pour principales modifications une augmentation de la quantité d'ADN à 2,5 µL et une diminution de moitié de la quantité de Taq polymérase utilisée. Les PCR ont été réalisées individuellement dans un volume total de 15 µL avec un thermocycleur GeneAmp PCR System 9700 (Life technologies, Rockville, MD, USA) et des cycles d'amplification identiques à ceux préconisés par Roy et coll. (2012). Les produits de la PCR ont ensuite été analysés en créant deux associations de marqueurs post-PCR (Mix 1 : G10H, G10L et G10M; Mix 2 : UarMU10, UarMU15, UarMU23 et UarMU50) et en utilisant un séquenceur AB 3130 (Life Technology). La lecture des allèles a été réalisée avec le logiciel GeneMapper 4.1 (Applied Biosystems).

3.4 Analyses statistiques

3.4.1 Estimation de la densité de population

Seuls les échantillons pour lesquels nous avons obtenu les allèles pour plus de cinq des sept loci ont été considérés. Une analyse préliminaire des génotypes avec le logiciel Dropout (McKelvey et Schwartz, 2005) a permis de constater un problème potentiel avec les marqueurs G10M et G10L, puisqu'un grand nombre d'échantillons dans la base de données ne différaient entre eux que par un ou l'autre de ces deux marqueurs, ce qui laissait supposer un taux relativement élevé d'erreurs de génotypage. Afin de prévenir la création de « faux génotypes » à cause de ces deux marqueurs, les échantillons retenus dans les analyses devaient donc posséder non seulement de l'information à cinq marqueurs, mais aussi aux quatre marqueurs les plus stables soit UarMU10, UarMU15, UarMU23 et UarMU50.

Le logiciel Cervus 3.0.3 (Marshall et coll., 1998; Kalinowski et coll., 2007) a servi à l'identification des individus et à l'estimation du nombre d'allèles nuls. Lorsqu'un échantillon différait d'un autre échantillon récolté la même semaine à la même station à seulement un locus (1 MM) ou deux loci (2 MM), et que ce génotype n'apparaissait qu'une seule fois dans la base de données, ce dernier était éliminé, puisqu'il avait de fortes probabilités de résulter d'une erreur de génotypage (Creel et coll., 2003; Paetkau 2003; Waits et Paetkau 2005; Lampa et coll., 2013). Lorsque ce génotype possiblement erroné était observé à la même station ou à une station limitrophe lors d'un passage suivant, et que le ou les allèles divergents étaient G10M ou G10L, alors le génotype était considéré comme une recapture. Une fois la liste de tous les génotypes uniques obtenue, nous les avons analysés de nouveau avec le logiciel Dropout afin de nous assurer qu'aucun locus n'était problématique et que les génotypes étaient exempts d'erreur (McKelvey et Schwartz, 2004).

Nous avons évalué si le critère de fermeture démographique était respecté durant l'étude à l'aide du test de fermeture de Stanley et Burnham (1999) inclus dans le logiciel Clostest (Stanley et Richards, 2004).

Pour estimer la densité, nous avons privilégié les modèles de capture-recapture spatialement explicites (SECR). La méthode avec maximisation de la vraisemblance pour des captures-recaptures spatialement explicites (ML SECR) permet de considérer l'hétérogénéité spatiale de la probabilité de capture des individus en fonction du positionnement des pièges (Efford, 2009). L'approche ML SECR permet aussi de modéliser les effets du temps, de la réponse comportementale à une première capture et de la variation individuelle dans la probabilité de capture (Obbard et coll., 2010; Efford, 2009). Un des principaux avantages des modèles ML SECR est qu'ils permettent d'obtenir une estimation de la densité sans avoir à passer par une estimation de l'aire effective de piégeage qui est très difficile à évaluer (Borchers et Efford, 2008). Nous avons utilisé l'extension SECR (Efford, 2011) du logiciel R 2.15.0 (R Core Team 2012) pour estimer la densité de la population avec les modèles décrits dans le tableau 1.

3.4.2 Lien entre le nombre de génotypes à une station et les caractéristiques du milieu

Afin d'évaluer la relation entre le nombre de visites aux stations et les caractéristiques de l'habitat autour de celles-ci, nous avons tout d'abord défini 10 classes d'habitat à partir des cartes écoforestières DDE (système de diffusion des données écoforestières) du ministère des Ressources naturelles (MRN) (tableau 2). L'habitat à chacune des stations a été décrit à deux échelles spatiales. Premièrement, nous avons déterminé le type d'habitat à l'intérieur duquel chaque station était située. Deuxièmement, nous avons calculé la proportion de chaque type d'habitat dans des cercles de différents rayons (300, 500 et 1 000 m) autour de chaque station. Nous avons utilisé une régression linéaire multiple avec le nombre total de visites d'un ours à chaque station comme variable dépendante et les variables d'habitat comme variables indépendantes. Nous avons réalisé ces analyses avec la procédure Mixed de SAS 9.2 (SAS Institute Inc., Cary, NC).

TABLEAU 1 Modèles d'estimation de la densité pour les populations fermées selon la maximisation de la vraisemblance à partir d'un historique de capture-recapture spatialement explicite. Les modèles incluent un ou plusieurs effets suivants : le temps (t), la réponse comportementale à une première capture (b) et la variation individuelle dans la probabilité de capture (h).

Modèle	Description
$g(.)s(.)$	La fonction de probabilité de capture et l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue sont constantes.
$g(.)s(h)$	La fonction de probabilité de capture est constante, mais l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue varie entre les individus.
$g(t)s(.)$	La fonction de probabilité de capture est influencée par le temps, mais l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue est constante.
$g(t)s(h)$	La fonction de probabilité de capture est influencée par le temps et l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue varie entre les individus.
$g(b)s(.)$	La fonction de probabilité de capture est influencée par la réponse comportementale après une première capture, mais l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue est constante.
$g(b)s(h)$	La fonction de probabilité de capture est influencée par la réponse comportementale après une première capture et l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue varie entre les individus.
$g(h)s(.)$	La fonction de probabilité de capture varie entre les individus, mais l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue est constante.
$g(h)s(h)$	La fonction de probabilité de capture et l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue varient entre les individus.
$g(tb)s(.)$	La fonction de probabilité de capture est influencée par le temps, mais la réponse comportementale après une première capture et l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue est constante.
$g(tb)s(h)$	La fonction de probabilité de capture est influencée par le temps et la réponse comportementale après une première capture et l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue varie entre les individus.
$g(th)s(.)$	La fonction de probabilité de capture est influencée par le temps et varie entre les individus, mais l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue est constante.

Tableau 1 (suite)

Modèle	Description
$g(th)s(.)$	La fonction de probabilité de capture est influencée par le temps et varie entre les individus, mais l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue est constante.
$g(th)s(h)$	La fonction de probabilité de capture est influencée par le temps et varie entre les individus, mais l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue varie entre les individus.
$g(bh)s(.)$	La fonction de probabilité de capture est influencée par la réponse comportementale après une première capture et varie entre les individus, mais l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue est constante.
$g(bh)s(h)$	La fonction de probabilité de capture est influencée par la réponse comportementale après une première capture et varie entre les individus et l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue varie entre les individus.
$g(tbh)s(.)$	La fonction de probabilité de capture est influencée par le temps, la réponse comportementale après une première capture et varie entre les individus et l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue est constante.
$g(tbh)s(h)$	La fonction de probabilité de capture est influencée par le temps, la réponse comportementale après une première capture et varie entre les individus et l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue varie entre les individus.

TABLEAU 2 Liste des types d'habitats utilisés.

Habitat	Définition
Brûlis récent	Brûlis totaux ou partiels survenus dans les 5 dernières années
Brûlis en régénération	Brûlis totaux ou partiels survenus il y a plus de 5 ans, mais moins de 20 ans
Perturbations récentes	Perturbations naturelles autres que les brûlis (chablis, épidémie, verglas, etc.) ou perturbations anthropiques survenues dans les 5 dernières années
Perturbations en régénération	Toutes autres perturbations naturelles (chablis, épidémie, verglas, etc.) ou anthropiques survenues il y a plus de 5 ans, mais moins de 20 ans
Peuplements mixtes et résineux jeunes	Peuplements mixtes ou résineux de 40 à 79 ans
Peuplements mixtes et résineux matures	Peuplements mixtes ou résineux ≥ 80 ans
Peuplements feuillus jeunes	Peuplements feuillus ≥ 40 ans
Peuplements en régénération	Peuplements en régénération (20 à 40 ans)
Milieux ouverts non régénérés	Milieux ouverts sans régénération ou dont les données manquent pour compléter le classement (p. ex., incendie de 1986)
Milieux non forestiers	Surfaces non forestières (p. ex., eau, dénudé, gravière, etc.)

TABLEAU 3 Caractéristiques des 7 loci microsatellites basées sur les 153 individus identifiés. PI = probabilité d'identité frère-sœur, PI_{sibs} = probabilité d'identité entre individus hautement apparentés, HO = hétérozygotie observée, HE = hétérozygotie attendue.

Locus	N ^{bre} d'allèles	Étendue allélique	PI	PI_{sibs}	HO	HE
G10H	18	225-261	0,03105	0,3298	0,864	0,860
G10L	15	115-155	0,03069	0,3250	0,888	0,872
G10M	9	189-205	0,05467	0,3529	0,866	0,825
UarMU10	10	100-120	0,03138	0,3232	0,855	0,873
UarMU15	9	106-128	0,07574	0,3806	0,779	0,780
UarMU23	11	107-129	0,03971	0,3337	0,924	0,855
UarMU50	12	108-138	0,04089	0,3372	0,917	0,849

4 RÉSULTATS

4.1 Estimation de la densité de population

Au total, 637 échantillons de poils ont pu être analysés, du moins en partie. Plusieurs échantillons ont en effet dû être mis de côté soit parce qu'il ne s'agissait pas de poils d'ours ou parce que les poils n'avaient pas de racine et donc insuffisamment d'ADN pour offrir une probabilité raisonnable de succès. Les analyses génétiques ont donné des résultats satisfaisants pour 420 des 637 échantillons (66 %) qui ont servi à dresser les historiques de capture-recapture et à estimer la densité. La plupart des échantillons pour lesquels le génotypage n'était pas concluant ne contenaient pas suffisamment de poils pour permettre l'identification d'un génotype. Les analyses génétiques ont révélé la présence de 153 génotypes différents. Des 195 stations, 114 ont reçu la visite d'au moins un ours (59 %). Le nombre d'ours différents capturés chaque semaine a varié de 23 à 58, et il a diminué au cours de l'inventaire. Le nombre de recaptures par semaine a varié de 9 à 13 et tendait à diminuer au cours de l'inventaire, quoique le pourcentage de recaptures augmentât au cours de la même période (tableau 4).

L'identification des différents individus a permis de caractériser les loci microsatellites (tableau 3). La probabilité d'identité entre individus apparentés (PI_{sib}) pour l'ensemble des loci était de $5,204 \times 10^{-4}$, ce qui traduit un niveau de précision d'assignement des génotypes acceptable (Mills et coll., 2000). De plus, les valeurs d'hétérozygotie observée (HO : 0,779-0,924) sont similaires aux valeurs d'hétérozygotie attendue (HE : 0,780-0,873), ce qui suggère une reproduction aléatoire des individus au sein de la population (Roy et coll., 2012).

TABEAU 4 Nombre d'ours différents (selon la génétique) capturés et recapturés durant chaque semaine de l'inventaire. Certains ours ont été capturés à plus d'une station pendant la même semaine d'échantillonnage (ours capturés plusieurs fois).

	Semaine 1	Semaine 2	Semaine 3	Semaine 4	Semaine 5
Ours capturés					
- une seule fois	37	48	57	23	29
- plusieurs fois	7	5	1	0	1
- TOTAL	44	53	58	23	30
Ours recapturés	s. o.	20	21	9	13
% recaptures	s. o.	38 %	36 %	39 %	43 %

s. o. : sans objet

TABEAU 5 Distribution de fréquence du nombre de captures par ours, y compris les recaptures du même ours à plus d'une station durant de la même semaine d'échantillonnage.

Nombre de captures	Nombre d'ours	Proportion des ours
1	103	67 %
2	27	18 %
3	16	10 %
4	7	5 %

La plupart des ours (67 %) ont été capturés une seule fois et près de 18 % l'ont été deux fois, alors que les autres l'ont été trois ou quatre fois (tableau 5). Dans 24 % des cas ($n = 18$), les individus ont été recapturés à la même station où ils avaient été capturés la fois précédente, mais la majorité des recaptures (33 %; $n = 25$) sont survenues à une station voisine, située à moins de 5 km de la station visitée précédemment (figure 4). Certains individus ont parcouru des distances considérables, puisque 11 % des recaptures ($n = 8$) ont eu lieu à une station située à plus de 15 km du lieu de la capture précédente.

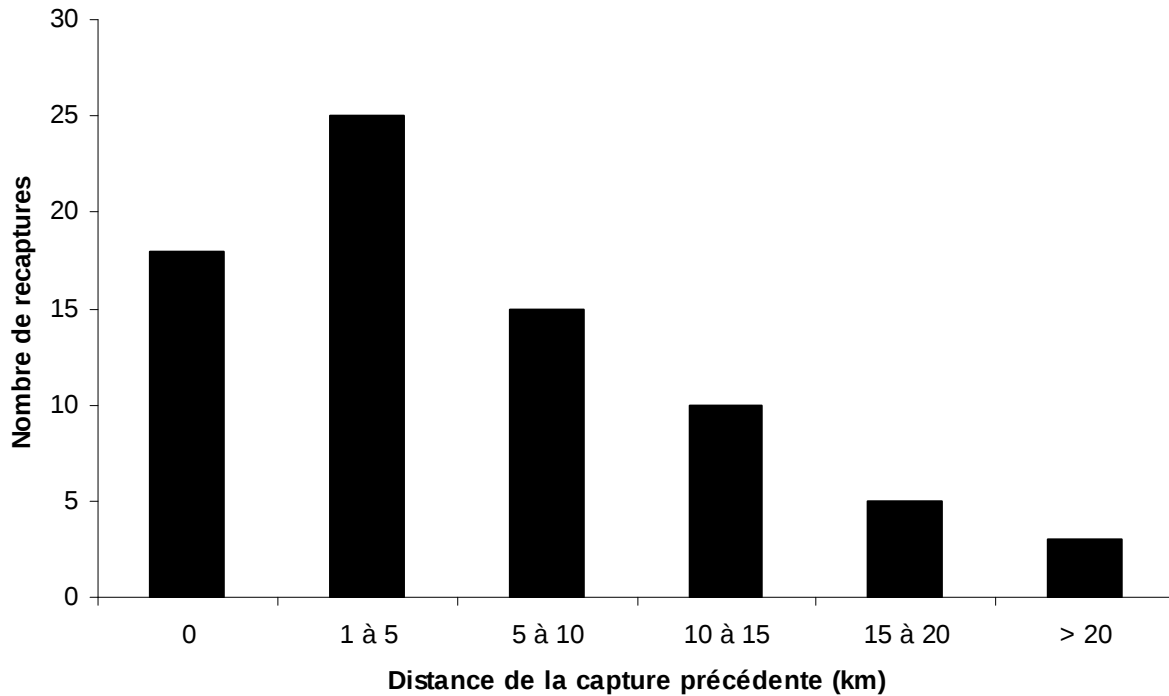


FIGURE 4 Distribution de fréquence de la distance entre la recapture d'un ours et le site de sa capture initiale.

La population d'ours respectait le critère de fermeture démographique selon le test de Stanley et Burnham, mais les résultats étaient à la limite du seuil de significativité (Chi-carré = 11,5; $dl = 6$; $p = 0,07$). Les quatre modèles d'estimation de la densité qui ont le mieux performé avaient une structure assez semblable (tableau 6). Ces modèles considéraient que la probabilité de capture variait dans le temps et que l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue variait entre les individus. Certains modèles révélaient aussi que la probabilité de capture variait entre les individus et qu'elle était influencée par une réponse comportementale à la suite de la première capture.

TABEAU 6 Résultats du processus de sélection du meilleur modèle pour estimer la densité d'ours avec l'approche ML SECR dans R. Chaque modèle est présenté avec le nombre de paramètres (K), la log-vraisemblance (LL), le critère d'Akaike (AIC), la différence avec l'AIC le plus faible (ΔAIC) et le poids AIC (w_i). La densité d'ours et l'intervalle de confiance à 90 % des quatre meilleurs modèles ($\Delta AIC < 2$, en gras dans le tableau) sont présentés et ont servi à l'estimation finale de la densité grâce à un modèle moyen (*model averaging*).

Modèle	K	LL	AIC	ΔAIC	w_i	IC 90 %		
						Densité (ours/10 km ²)	Limite inf.	Limite sup.
g(.)s(.)	3	-893,4	1793,0	58,30	0,000			
g(.)s(h)	5	-874,7	1759,4	24,70	0,000			
g(t)s(.)	7	-877,6	1769,1	34,40	0,000			
g(t)s(h)	9	-858,8	1735,7	1,00	0,201	0,62	0,39	0,97
g(b)s(.)	4	-889,4	1786,7	52,00	0,000			
g(b)s(h)	6	-869,4	1750,8	16,10	0,000			
g(h)s(.)	5	-889,4	1788,8	54,10	0,000			
g(h)s(t)	6	-873,2	1758,5	23,80	0,000			
g(tb)s(.)	8	-877,4	1770,8	36,10	0,000			
g(tb)s(h)	10	-857,8	1735,6	0,90	0,211	0,51	0,31	0,82
g(th)s(.)	9	-873,5	1765,0	30,30	0,000			
g(th)s(h)	10	-857,4	1734,7	0,00	0,331	0,54	0,38	0,76
g(bh)s(.)	6	-883,7	1779,4	44,70	0,000			
g(bh)s(h)	7	-868,1	1750,2	15,50	0,000			
g(tbh)s(.)	10	-872,3	1764,6	29,90	0,000			
g(tbh)s(h)	11	-856,6	1735,2	0,50	0,258	0,47	0,32	0,68

Selon le modèle moyen, la densité dans le secteur d'étude a été estimée à 0,53 ours/10 km² (IC 90 % = 0,33 à 0,73). La précision de cette estimation est de 38 %.

4.2 Lien entre le nombre de génotypes à une station et les caractéristiques du milieu

Les stations de collecte de poils situées dans la portion sud du secteur de l'inventaire ont été plus souvent visitées par les ours que celles situées plus au nord (figure 5). Le meilleur modèle pour décrire la relation entre le nombre de visites à une station et les caractéristiques de l'habitat est celui considérant les variables d'habitat mesurées dans une zone tampon de 1 000 m autour des stations (tableau 7). Le nombre de visites à une station augmentait lorsque la proportion de brûlis récents, de perturbations vieilles de 6 à 20 ans, de peuplements en régénération (20 à 40 ans) et de milieux ouverts non régénérés augmentait en périphérie des stations (tableau 8). Cependant, le nombre de visites diminuait dans les secteurs comportant plusieurs milieux non forestiers comme des lacs.

TABLEAU 7 Résultats du processus de sélection du meilleur modèle pour évaluer la relation entre le nombre de visites à une station et les caractéristiques de l'habitat autour de cette station. Les caractéristiques de l'habitat ont été évaluées à plusieurs échelles spatiales : directement à la station et dans des zones tampons de différents rayons (300, 500 et 1 000 m) autour de celles-ci. Chaque modèle est présenté avec le nombre de paramètres (K), la log-vraisemblance (LL), le critère d'Akaike (AIC), la différence avec l'AIC le plus faible (Δ AIC) et le poids AIC (w_i). Le meilleur modèle est en caractères gras.

Modèle	K	LL	AIC	Δ AIC	w_i
Habitat de la station	9	565,91	583,91	2,63	0,15
Habitat dans une zone tampon de 300 m	10	567,65	587,65	6,37	0,02
Habitat dans une zone tampon de 500 m	10	562,80	582,80	1,52	0,26
Habitat dans une zone tampon de 1 000 m	10	561,28	581,28	0,00	0,56

TABLEAU 8 Résultats du meilleur modèle évaluant la relation entre le nombre de visites à une station et les caractéristiques de l'habitat autour de cette station. Les caractéristiques de l'habitat ont été évaluées dans des zones tampons de 1 000 m autour des stations. Les types d'habitats dont l'intervalle de confiance exclut « 0 » sont en caractères gras.

Habitat	Coefficient	IC95 %	
		Limite inf.	Limite sup.
Brûlis récent	0,023	0,010	0,036
Brûlis en régénération	-0,011	-0,037	0,015
Perturbation récente	< -0,001	-0,011	0,011
Perturbation en régénération	0,012	0,002	0,021
Peuplements mixtes et résineux jeunes	0,005	-0,007	0,018
Peuplements feuillus jeunes	0,138	-0,322	0,598
Peuplements en régénération	0,016	0,006	0,026
Milieux ouverts non régénérés	0,066	0,034	0,099
Milieux non forestiers	-0,026	-0,044	-0,009

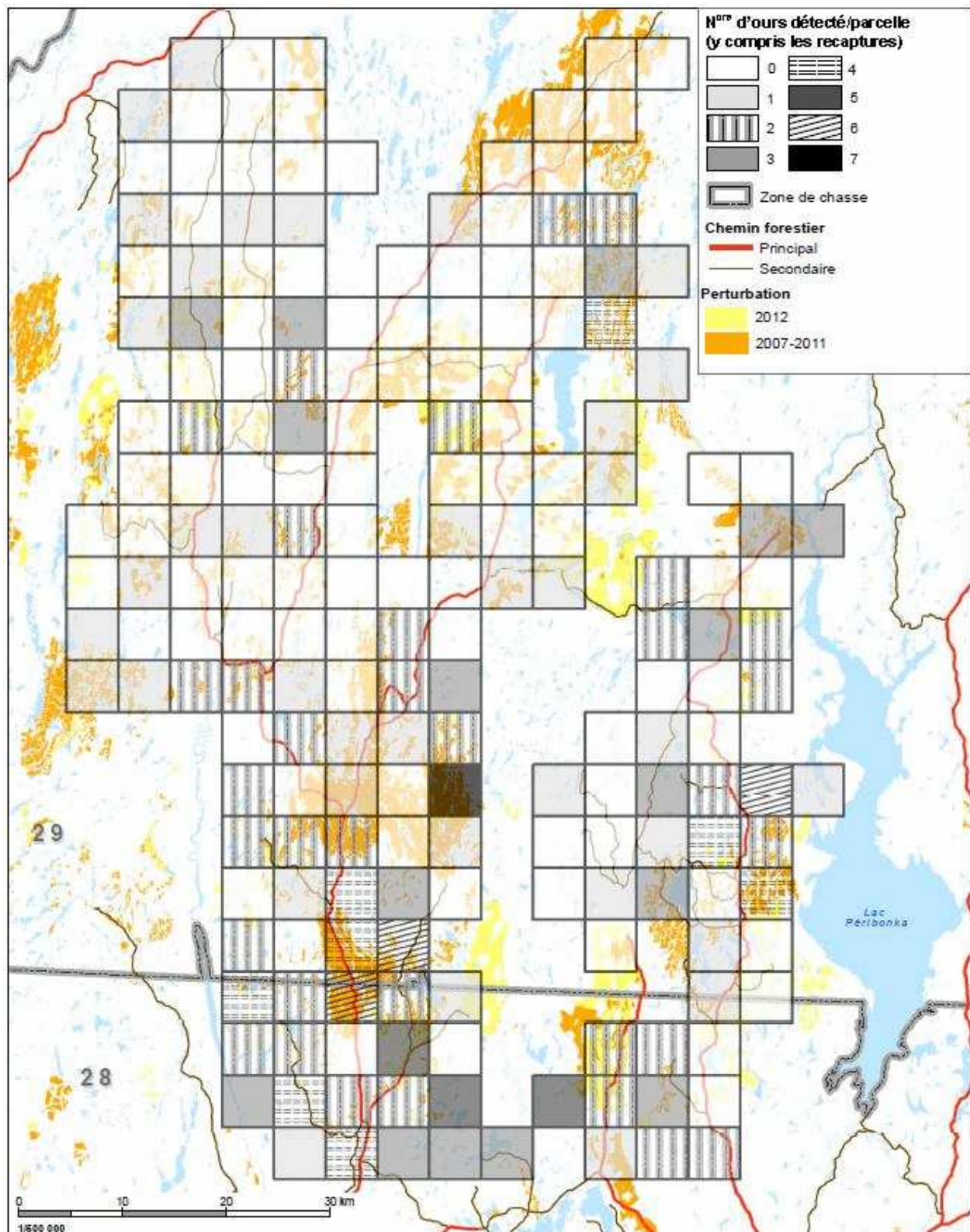


FIGURE 5 Carte du secteur d'étude montrant le nombre de captures et de recaptures d'un ours dans les différentes cellules de la grille d'échantillonnage.

5 DISCUSSION

Il s'agissait du premier des trois inventaires d'ours noirs prévus dans le cadre du programme d'acquisition de connaissances sur cette espèce au Québec. Cet inventaire a été réalisé dans la pessière noire, un des trois domaines bioclimatiques représentatifs de l'habitat de l'ours noir au Québec. Les objectifs de l'inventaire ont été atteints malgré certaines difficultés avec les analyses génétiques. L'ADN d'une bonne proportion des échantillons n'a pu être amplifié, probablement en raison d'une trop faible quantité d'ADN (pas assez de poils dans un échantillon) ou de la détérioration de l'ADN de ces échantillons. De plus, les erreurs de génotypage n'ont pas été évaluées, ce qui a mené à une certaine incertitude dans l'attribution des génotypes.

Les activités sur le terrain se sont très bien déroulées comme en témoignent les résultats de l'inventaire. En effet, près de 60 % des 195 stations de collecte de poils ont reçu la visite d'au moins un ours, ce qui est comparable aux inventaires réalisés en Abitibi-Témiscamingue en 2001 par Courtois et coll. (2004) et en Outaouais en 2005 par Roy et coll. (2007), dans des secteurs où la densité d'ours était plus élevée. La densité estimée par l'inventaire (0,53 ours/10 km²) est légèrement supérieure à celle estimée dans le plan de gestion de l'espèce (2006-2013) pour ce secteur, qui est de 0,3 ours/10 km² (Lamontagne et coll., 2006). Selon le système d'enregistrement de la grande faune, 11 ours ont été prélevés dans le secteur de l'inventaire à l'automne 2012 ($n = 1$) et au printemps 2013 ($n = 10$), ce qui représente un taux d'exploitation de moins de 5 % de la population d'ours de ce secteur si l'on utilisait, dans une optique prudente, la marge inférieure de l'intervalle de confiance pour estimer la population. Il s'agit d'un taux d'exploitation qui peut être considéré comme relativement faible pour l'ours noir, ce qui n'est par contre pas surprenant étant donné qu'il s'agit d'un territoire peu accessible où les piègeurs et les chasseurs sont relativement peu nombreux. La productivité des populations d'ours fréquentant la pessière noire est probablement assez faible et l'on peut s'attendre à un taux de croissance d'environ 7 % (MFFP, données non publiées), ce qui laisse supposer que la population d'ours dans ce secteur est légèrement en croissance.

Il est possible que la méthode d'inventaire ait surestimé la densité d'ours par la création de faux génotypes. Un faux génotype peut être observé lorsque la quantité ou la qualité de l'ADN est faible (Waits et Paetkau, 2005) ou lorsqu'un échantillon de poil provient de plusieurs ours (ours multiples; Roy et coll., 2007). Le biais vient du fait que ces « faux individus » ne peuvent pas être recapturés, ce qui augmente le nombre de captures et diminue la proportion de recaptures, et se traduit par une surestimation de la densité. Nous croyons toutefois avoir tout mis en œuvre pour éliminer ce genre d'erreur. Premièrement, l'enclos de barbelé a permis de minimiser les risques de contamination croisée des échantillons de poils, puisque les ours pouvaient emprunter une grande diversité de trajectoires pour se rendre aux leurres. De plus, le tri réalisé pour épurer les génotypes, c'est-à-dire de considérer les génotypes différents à 1 ou 2 loci (1MM ou 2 MM) comme provenant d'un même individu, a permis de diminuer la probabilité d'observation de faux génotypes. Ce type de tri est même considéré comme modéré et il peut parfois mener à une sous-estimation de la densité (Lampa et coll., 2013).

Afin d'améliorer les futurs inventaires, nous avons installé 10 appareils photo avec détecteur de mouvement à des stations de collecte de poils pour pouvoir observer le comportement des ours par rapport aux barbelés. Nous avons constaté que certains ours étaient capables de pénétrer dans l'enclos sans se frotter aux fils barbelés, ne laissant ainsi aucun échantillon de poils. Ces ours profitaient généralement des irrégularités du sol (p. ex., racines surélevées autour des arbres) pour traverser le fil à un endroit où il était relativement plus bas. Pour remédier à ce problème lors des futurs inventaires, nous recommandons de poser deux fils barbelés, soit un premier à environ 30-35 cm du sol et un second à environ 55-60 cm. De cette façon, il est très peu probable qu'un ours puisse éviter les barbelés.

La précision de l'estimation de densité (38 % avec un IC 90 %) est plus faible que ce qui est généralement recherché pour la gestion (environ 20 %; Boitani et Fuller, 2000), mais elle est très

bonne pour ce genre d'inventaire (Roy et coll., 2007, Plante et coll., sous presse). La précision d'un inventaire utilisant l'approche de CMR dépend principalement du nombre d'individus recapturés (Boitani et Fuller, 2000; Foster et Harmsen, 2012). Une suggestion pour augmenter la probabilité de recapture et donc la précision d'un inventaire serait de réduire la taille des cellules de la grille d'échantillonnage (25 km² dans ce cas-ci). Nous croyons que l'utilisation d'une grille d'échantillonnage avec des cellules plus petites aurait été préférable, même si nos résultats indiquent que les ours fréquentant le secteur d'étude étaient très mobiles comparativement aux inventaires réalisés en Outaouais (Roy et coll., 2007) et en Abitibi-Témiscamingue (Courtois et coll., 2004). En effet, contrairement à ce qui a été observé lors de ces inventaires, les ours en pessière noire au Saguenay–Lac-Saint-Jean ont été recapturés plus souvent dans une station voisine de la station de la capture précédente, et des déplacements supérieurs à 10 km n'étaient pas rares. Il faut garder en tête que, en réduisant la superficie des cellules de la grille d'échantillonnage, on réduit du même coup la superficie du territoire inventorié, à moins d'augmenter aussi le nombre de parcelles. Dans le contexte où l'on réduirait la superficie du territoire inventorié, il s'avèrerait essentiel de bien choisir celui-ci de façon à ce qu'il soit le plus représentatif possible du secteur visé ou encore de préconiser l'utilisation de méthodes d'estimation de la densité spatialement explicites, pour lesquelles il est possible d'obtenir des résultats même sur de très petits territoires. Nous croyons cependant que le territoire visé par un inventaire devrait avoir une superficie minimale de quelques centaines de kilomètres carrés pour tenir compte de la superficie du domaine vital des ours et de la capacité de déplacement de l'espèce. Une autre façon de maximiser les probabilités de capture et de recapture serait de cibler les peuplements récemment perturbés et ceux en régénération, puisque nous avons démontré que les stations situées dans de tels environnements ont été plus souvent visitées par les ours que les autres.

Un autre facteur qui a pu influencer la précision de l'inventaire est la relative hétérogénéité du secteur en matière d'habitats. En effet, la portion sud de l'aire d'étude était limitrophe du domaine bioclimatique de la sapinière à bouleau blanc, une forêt en moyenne plus productive et intéressante pour l'ours noir. Comme on peut le voir dans la figure 5, nous avons effectivement capturé et recapturé plus d'ours dans ce secteur. Bien que nous ne puissions pas le démontrer, il est possible que cette hétérogénéité spatiale ait mené à la sélection de modèles d'estimation de la densité plus complexes et donc moins précis, car incluant des paramètres difficiles à estimer. Nous recommandons donc, pour les futurs inventaires, de choisir un territoire plus homogène en matière d'habitat.

6 RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- BOITANI, L. ET T. K. FULLER (2000). *Research techniques in animal ecology*, Columbia University Press, New York.
- BORCHERS, D. L. ET M. G. EFFORD (2008). "Spatially explicit maximum likelihood methods for capture-recapture studies", *Biometrics*, vol. 64, p. 377-385.
- BOULANGER, J., G. C. WHITE, B. N. MCLELLAN, J. WOODS, M. PROCTOR ET S. HIMMER (2002). "A meta-analysis of grizzly bear DNA mark-recapture projects in British Columbia, Canada: invited paper", *Ursus*, vol. 13, p. 137-152.
- BRIDGES, A. S., M. R. VAUGHAN ET J. A. FOX (2011). "Reproductive ecology of American black bears in the Alleghany Mountains of Virginia, USA", *J. Wildl. Manage.*, vol. 75, p.1137-1144.
- BRODEUR, V., J. P. OUELLET, R. COURTOIS ET D. FORTIN (2008). "Habitat selection by black bears in an intensively logged boreal forest", *Can. J. Zool.*, vol. 86, p. 1307-1316.
- COURTOIS, R., J. P. HAMEL, G. LAMONTAGNE, R. LEMIEUX, J. MERCIER ET A. DESROSIERS (2004). *Inventaire de l'ours noir en Abitibi-Témiscamingue à l'été 2001* (premier rapport d'étape), ministère des Ressources naturelles, de la Faune et des Parcs, Québec, 58 p.
- CREEL, S., G. SPONG, J. L. SANDS, J. ROTELLA, J. ZEIGLE, L. JOE, K. M. MURPHY ET D. SMITH (2003). "Population size estimation in Yellowstone wolves with error-prone non-invasive microsatellite genotypes", *Mol. Ecol.*, vol. 12, p. 2003-2009.
- EFFORD, M. G. (2009). *DENSITY 4.4: software for spatially explicit capture-recapture*, Department of Zoology, University of Otago, Dunedin, New Zealand.
- EFFORD, M. G. (2011). *SECR - Spatially explicit capture-recapture in R*, 25 p.
- ELOWE, K. D. ET W. E. DODGE (1989). "Factors affecting black bear reproductive success and cub survival", *J. Wildl. Manage.*, vol. 53, p. 962-968.
- FOSTER, R. J. ET B. J. HARMSSEN (2012). "A critique of density estimation from camera-trap data", *J. Wildl. Manage.*, vol. 76, p. 224-236.
- JOLICOEUR, H., F. GOUDREAU ET M. CRÊTE (2006). *Étude de la dynamique de deux populations d'ours noirs de l'Outaouais fortement exploitées par la chasse et le piégeage, 1992-1995*, ministère des Ressources naturelles et de la Faune, Direction du développement de la faune et Direction régionale de l'Outaouais, 90 p.
- KALINOWSKI, S. T., M. L. TAPER ET T. C. MARSHALL (2007). "Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment", *Mol. Ecol.*, vol. 16, p. 1099-1106.
- LAMPA, S., K. HENLE, R. KLENKE, M. HOEHN ET B. GRUBER (2013). "How to overcome genotyping errors in non-invasive genetic Mark-Recapture population size estimation – A review of available methods illustrated by a case study", *J. Wildl. Manage.*, vol. 77, p. 1490-1511.
- LAMONTAGNE, G., H. JOLICOEUR ET S. LEFORT (2006). *Plan de gestion de l'ours noir 2006 2013*, ministère des Ressources naturelles et de la Faune, Québec, 487 p.

- MARSHALL, T. C., J. SLATE, L. E. B. KRUUK ET J. M. PEMBERTON (1998). "Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations", *Mol. Ecol.*, vol. 7, p. 639-655.
- MCKELVEY, K. S. ET M. K. SCHWARTZ (2005). "DROPOUT: a program to identify problem loci and samples for non-invasive genetic samples in a capture-mark-recapture framework", *Mol. Ecol. Notes*, vol. 5, p. 716-718.
- MILLS, L. S., J. J. CITTA, K. P. LAIR, M. K. SCHWARTZ ET D. A. TALLMON (2000). "Estimating animal abundance using non-invasive DNA sampling: promise and pitfalls", *Ecol. Appl.*, vol. 10, p. 283-294.
- MINISTÈRE DES RESSOURCES NATURELLES ET DE LA FAUNE (2012). *Zones de végétation et domaines bioclimatiques du Québec* [En ligne] [<http://www.mrnf.gouv.qc.ca/forets/connaissances/connaissances-inventaire-zones-carte.jsp>].
- OBBARD, M. E. ET E. J. HOWE (2008). "Demography of black bears in hunted and unhunted areas of the boreal forest of Ontario", *J. Wildl. Manage.*, vol. 72, p. 869-880.
- OBBARD, M. E., E. J. HOWE ET C. J. KYLE (2010). "Empirical comparison of density estimators for large carnivores", *J. Appl. Ecol.*, vol. 47, p. 76-84.
- PAETKAU, D. (2003). "An empirical exploration of data quality in DNA-based population inventories", *Mol. Ecol.*, vol. 12, p. 1375-1387.
- PAETKAU, D. ET C. STROBECK (1994). "Microsatellite analysis of genetic variation in black bear populations", *Mol. Ecol.*, vol. 3, p. 489-495.
- PAETKAU, D., W. CALVERT, I. STIRLING ET C. STROBECK (1995). "Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears", *Mol. Ecol.*, vol. 4, p. 347-354.
- PLANTE, S., C. DUSSAULT, S. MASSÉ ET S. LEFORT (sous presse). *Estimation de la densité d'ours noirs avec la technique de capture-marquage-recapture par génotypage des poils : revue de la littérature, résultats des inventaires réalisés en Abitibi-Témiscamingue de 2001 à 2003 et recommandations*, ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs, Direction générale de l'expertise sur la faune et ses habitats, 134 p.
- ROBITAILLE, A. ET J.-P. SAUCIER (1998). *Paysages régionaux du Québec méridional*, ministère des Ressources naturelles du Québec, Direction de la gestion des stocks forestiers et Direction des relations publiques, Les Publications du Québec.
- ROMAIN-BONDI, K. A., R. B. WIELGUS, L. WAITS, W. F. KASWORM, M. AUSTIN ET W. WAKKINEN (2004). "Density and population size estimates for North Cascade grizzly bears using DNA hair-sampling techniques", *Biol. Conserv.*, vol. 117, p. 417-428.
- ROY, J., V. ALBERT ET L. BERNATCHEZ (2007). *Projet d'inventaire de l'ours noir dans la zone 10 par la technique de capture-recapture à l'aide de marqueurs génétiques (Projet Outaouais 2005)*, Université Laval et ministère des Ressources naturelles et de la Faune, Québec, 164 p.
- ROY, J., G. YANNIC, S. CÔTÉ ET L. BERNATCHEZ (2012). "Negative density-dependent dispersal in the American black bear (*Ursus americanus*) revealed by non-invasive sampling and genotyping", *Ecol. Evol.*, vol. 2, p. 525-537.
- SAMSON, C. ET J. HUOT (1995). "Reproductive biology of female black bears in relation to body mass in early winter", *J. Mammal.*, vol. 76, p. 68-77.

- STANLEY, T. R. ET K. P. BURNHAM (1999). "A closure test for time-specific capture-recapture data", *Environ. Ecol. Stat.*, vol. 6, p. 197-209.
- STANLEY, T. R. ET J. D. RICHARDS (2004). *CloseTest: a program for testing capture-recapture data for closure (software manual)*, U.S. Geological Survey, Fort Collins Science Center.
- TABERLET, P., J. J. CAMARRA, S. GRIFFIN, E. UHRES, O. HANOTTE, L. P. WAITS, C. DUBOIS-PAGANON, T. BURKE ET J. BOUVET (1997). "Non-invasive genetic tracking of the endangered Pyrenean brown bear population", *Mol. Ecol.*, vol. 6, p. 869-876.
- WAITS, L. P. ET D. PAETKAU (2005). "Non-invasive genetic sampling tools for wildlife biologists: a review of applications and recommendations for accurate data collection", *J. Wildl. Manage.*, vol. 69, p. 1419-1433.

ANNEXE 1**FORMULAIRE DE TERRAIN POUR L'INSTALLATION DES STATIONS**

<u>Renseignements sur la station</u>				
Numéro de la cellule de la grille d'échantillonnage (p. ex., 051-1) : _____				
Coordonnées GPS du stationnement (UTM zone 19 NAD83) : LAT _____ / LONG _____				
Croquis pour faciliter le repérage de la station (si pertinent)				
Commentaires (n° de route, repères visuels) : _____ _____				
Coordonnées GPS de la station (UTM zone 19 NAD83) : LAT _____ / LONG _____				
Date d'installation : ANNÉE _____ MOIS _____ JOUR _____				
Membres de l'équipe : _____				
<u>Caractéristiques de la station</u>				
Signes de présence d'ours (encercler) : fèces fraîches traces fraîches sentiers				
Présence de nourriture pour l'ours dans la végétation (encercler) : oui non espèces : _____				
Distance (m) du chemin le plus près (encercler) : < 15 m 15-30 m 30-50 m > 50 m				
Présence d'un ruisseau à moins de 20 m (encercler) : oui non largeur (m): _____				
Type (types) de peuplement à proximité de la station (à moins de 20 m) (encercler) : Résineux mature (> 7 m) Résineux en régénération (4-7 m) Mixte/feuillu mature (> 7 m) Mixte/feuillu en régénération (4-7 m) Coupe 1,5-4 m Coupe < 1,5 m Autre : _____				
<u>Appâts</u>				
Leurres utilisés : Sang (___ L) Huile de poisson (___ L) Anis Autre : _____				
<u>Photo?</u> oui non				

ANNEXE 2**FORMULAIRE DE TERRAIN POUR LES VISITES DES STATIONS**

<u>Renseignements sur la station</u>
Numéro de la cellule de la grille d'échantillonnage (p. ex., 051-1) : _____
Date de la visite : ANNÉE _____ MOIS _____ JOUR _____
Membres de l'équipe : _____
<u>État du site à l'arrivée</u>
Comparativement au moment où ils ont été installés, est-ce que les leurres émettent encore une odeur? (encercler) Forte Modérée Faible Indétectable
Signes de présence d'ours (encercler) : fèces fraîches traces fraîches sentiers
Fil barbelé écrasé (au sol) (encercler) : oui non
Est-ce que la pile de débris entourant le leurre semble avoir été perturbée par un ours? (encercler) oui non
Est-ce que le leurre suspendu à un arbre semble avoir été perturbé par un ours? (encercler) oui non
<u>Échantillons de poils</u>
Combien y a-t-il d'échantillons (c.-à-d. enveloppes) de poils d'ours noir à la station? _____
<u>Appâts (recharge)</u>
Leurres utilisés : Sang (___L) Huile de poisson (___L) Anis Autre : _____

ANNEXE 3**ÉTIQUETTE POUR LES ENVELOPPES AVEC ÉCHANTILLON DE POIL**

<u>Renseignements sur la station</u>					
Numéro de la cellule de la grille de piégeage : _____					
Date de la visite : ANNÉE _____ MOIS _____ JOUR _____					
Membres de l'équipe : _____					
Numéro de la pointe du fil barbelé : _____					
Nombre approximatif de poils :		< 5	5-15	> 15	Présence de racine? oui non
Croyez-vous qu'il s'agit de poils d'ours?		oui	non		

ANNEXE 4

LISTE DE MATÉRIEL

Item	Quantité nécessaire	Item	Quantité nécessaire
Cartes secteur d'étude + stations	6 copies de chacune	Ficelle (en jute)	6 000 pieds
Sciote + sérateur branches	5	Contenant pour protéger les leurres de l'eau	225
Lunette de sécurité	10	Carnet de terrain en métal	6
Scie à chaîne 14 po, bidon, huile	4	Tablier pour éclaboussures	16
Sac à outils	4	Entonnoirs	6
Pancartes d'avertissement imperméables	225	Essuie-tout industriels (bleu)	12
Rouleau de fil barbelé	6 km	Savon sec (Purell)	20
Pince à clôture	5	Contenants 10 L + leurres	60
Crampes à clôture	Plusieurs boîtes	Vaporisateur pour anis	6
Marteau	5	Formulaires « Installation des stations »	215
Gabarit de 45 cm (hauteur fil barbelé)	6	Enveloppes de papier pour les poils avec étiquettes préapposées	3 500
Agrafeuse T-50 + broches ½	5	Dessiccant avec billes de silice	1 500
Ruban bleu	8	Sacs Ziploc	8 boîtes
Ruban jaune (chemin vers station)	30	Feuille plastique contraste poils	6
Ruban rose (bord de route)	10	Chasse-moustique	8
Ruban vert (bord de route)	10	Imperméable + bottes + voile contre les mouches	Pour chaque technicien
Ruban électrique	bleu, jaune, rouge, vert	Formulaires de données pour les visites	850
GPS + piles AA	5 GPS + piles usagées	Corne de brume motomarine/poivre cay.	4 (une par équipe)
Crayons à encre indélébile (pointe fine)	15	Conteneur pour entreposer appâts + matériel	2
Crayons de plomb	100	Pinces à sourcils	8
Chalumeau + bombonne	6	Séchoir à poil	2
Gants de cuir	16 paires	Cadenas pour les conteneurs	2
Gants de latex	1 000 paires		

**Forêts, Faune
et Parcs**

Québec

