

Inventaire de l'ours noir dans la sapinière à bouleau jaune en Mauricie à l'été 2013



**Forêts, Faune
et Parcs**

Québec 



Inventaire de l'ours noir dans la sapinière à bouleau jaune en Mauricie à l'été 2013

Décembre 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 de la gestion de la faune Mauricie – Centre-du-Québec :

Jean Milette

DUSSAULT, CHRISTIAN, SOPHIE MASSÉ, JEAN MILETTE, SÉBASTIEN LEFORT, 2014. *Inventaire de l'ours noir dans la sapinière à bouleau jaune en Mauricie à l'été 2013*, Québec, ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs, 30 p.

Dépôt légal – Bibliothèque et Archives nationales du Québec, 2014

ISBN 978-2-550-72111-6 (Imprimé)

ISBN 978-2-550-72112-3 (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 de terrain : Bruno Baillargeon, Kathleen Bédard, Édith Cadieux, Louis Desrochers, Célia Didierjean, Dominic Grenier, François Landry, Yves Robitaille, Bruno Rochette, Joëlle Taillon, Mathieu Thériault et Julien Vigneault. Les analyses génétiques ont été réalisées par l'équipe du D^r David Paetkau de Wildlife Genetics International. Un merci tout particulier à Leanne Harris de l'équipe de Wildlife Genetics International pour la qualité de son travail tout au long du processus d'analyse. Finalement, nous remercions Édith Cadieux pour ses judicieux commentaires sur une version préliminaire du rapport.

RÉSUMÉ

Ce document présente les résultats d'un inventaire de l'ours noir (*Ursus americanus*) réalisé en 2013 dans la sapinière à bouleau jaune en Mauricie. 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 2 800 km² situé à l'ouest de la ville de La Tuque.

Toutes les étapes de l'inventaire ont été franchies avec succès. Quatre-vingt-dix pour cent (90 %) 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 de déterminer que 417 ours (génotypes différents) ont visité au moins une fois une des stations. Les ours ont été capturés entre une et 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 4,38 ours/10 km² à l'aide de modèles spatialement explicites (intervalle de confiance à 90 % = 3,33 à 5,77, précision = 28 %). Cette densité est 61 % supérieure à celle estimée par simulations de populations à partir de l'estimation de densité du plan de gestion de l'ours noir (2006-2013) pour ce secteur et de la récolte enregistrée dans le système d'enregistrement de la grande faune (2,72 ours/10 km²). Selon la récolte enregistrée en 2013 dans le système d'information sur la grande faune, le taux d'exploitation de la population dans le secteur d'inventaire se situerait entre 3 et 5 %, ce qui indique que la population dans ce secteur serait en croissance.

TABLE DES MATIÈRES

| | |
|--|-----------|
| Liste des tableaux..... | VI |
| Liste des figures | VI |
| 1 INTRODUCTION..... | 1 |
| 2 SECTEUR D'ÉTUDE | 2 |
| 3 MÉTHODES | 2 |
| 3.1 Établissement de la grille d'échantillonnage et 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 | 8 |
| 4 RÉSULTATS | 8 |
| 5 DISCUSSION | 13 |
| 6 RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES..... | 16 |
| ANNEXE 1 | 19 |
| ANNEXE 2 | 20 |
| ANNEXE 3 | 21 |
| ANNEXE 4 | 22 |

LISTE DES TABLEAUX

| | | |
|------------------|---|----|
| <i>TABLEAU 1</i> | 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 |
| <i>TABLEAU 2</i> | Nombre d'ours différents (selon les analyses génétiques) capturés et recapturés chaque semaine de l'inventaire. Certains ours ont été capturés à plus d'une station lors de la même semaine d'échantillonnage (ours capturés plusieurs fois). | 11 |
| <i>TABLEAU 3</i> | Caractéristiques des 7 loci microsatellites basées sur les 417 individus identifiés | 11 |
| <i>TABLEAU 4</i> | Distribution de fréquence du nombre de capture par ours, incluant les recaptures du même ours à plus d'une station lors de la même semaine d'échantillonnage | 12 |
| <i>TABLEAU 5</i> | 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 (Δ AIC) et le poids AIC (w_i)..... | 13 |

LISTE DES FIGURES

| | | |
|-----------------|---|----|
| <i>FIGURE 1</i> | Carte du secteur d'étude montrant les cellules 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 de collecte de poils. Les deux fils barbelés étaient accrochés 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 mètres du contour de la station. | 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 B-B (A + 1) était situé à une pointe de barbelé de l'échantillon A alors que l'échantillon H-C était situé à plus de deux pointes de barbelé de l'échantillon B. Deux échantillons situés sur deux tronçons différents (donc n'étant pas situés entre deux mêmes arbres) ou étant situés à une distance équivalent à plus de deux pointes de barbelés ne devaient pas être associés ensemble. Voir le texte pour plus de détails. | 7 |
| <i>FIGURE 4</i> | Distribution de fréquence de la distance entre la recapture d'un ours et le site de sa capture initiale. | 12 |
| <i>FIGURE 5</i> | Carte du secteur d'étude montrant le nombre d'ours différents détectés dans les différentes cellules de la grille d'échantillonnage pour la durée totale du projet. | 14 |

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'inventaire 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 en raison de la transformation de l'habitat causée par l'industrie forestière (Brodeur et coll., 2008) et le 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 indiquaient 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 lors des 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. Le plan de gestion de l'espèce (2006-2013) 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 possibles afin d'établir des objectifs de récolte représentatifs du nombre maximal d'individus qu'il est possible de capturer sans mettre en péril la population à court et à long termes. 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 sans délai et efficacement à des fluctuations de population.

Ce projet d'inventaire de l'ours noir en Mauricie 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 se familiariser avec une méthode d'inventaire reconnue qui permette d'évaluer les densités d'ours sur de grands territoires (> 1 000 km²) 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 évaluer 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 :

- Améliorer la précision des 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 et de piégeage;
- 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 faut noter que cette méthode a déjà été utilisée au Québec, dans les régions de l'Abitibi-Témiscamingue (Courtois et coll., 2004; Plante et coll., 2014), de l'Outaouais (Roy et coll., 2007) et du Saguenay-Lac-Saint-Jean (Chicoine, 2014; Dussault et coll., 2014).

2 SECTEUR D'ÉTUDE

Le secteur d'inventaire (2 808 km²) est situé en plein cœur de la région administrative de la Mauricie, principalement dans la zone de chasse 26 (94 % de l'aire d'étude) et à la limite de la zone 28 (6 %) (47,57°N - 73,38°O) (figure 1). La forêt est typique de la sapinière à bouleau jaune (MRNF, 2012). Les peuplements forestiers sur les sites mésiques sont surtout mixtes et ils sont principalement composés de bouleau jaune (*Betula alleghaniensis*) et d'érables à sucre (*Acer saccharum*) en association avec le sapin baumier (*Abies balsamea*), l'épinette noire (*Picea mariana*), l'épinette blanche (*Picea glauca*), le pin gris (*Pinus banksiana*) et occasionnellement le pin blanc (*Pinus strobus*). Le sous-étage est assez riche et il est principalement composé de diverses plantes herbacées comme le cornouiller du Canada (*Cornus canadensis*) et le maianthème du Canada (*Maianthemum canadense*) et de petits arbustes comme les framboisiers (*Rubus* sp.) et les éricacées (*Kalmia* spp., *Rhododendron groenlandicum*, *Vaccinium* spp.). La topographie y est relativement peu accidentée. L'altitude moyenne est d'environ 380 m et les sommets dépassent rarement 500 m (Robitaille et Saucier, 1998). Les précipitations annuelles moyennes sont de l'ordre de 1 000 mm dont environ 30 % tombe sous forme de neige (Robitaille et Saucier, 1998).

3 MÉTHODES

3.1 Établissement de la grille d'échantillonnage et des stations

Le site d'étude a été subdivisé en 202 parcelles de 12 km² (ci-après nommées cellules de la grille d'échantillonnage, figure 1). Au total, nous avons finalement établi une station de collecte de poils dans 194 cellules de la grille d'échantillonnage, puisque certaines cellules se sont avérées inaccessibles (figure 1).

L'installation des stations s'est effectuée en deux étapes. Durant la première étape (6 jours à 4 équipes de 2 personnes), nous avons identifié les sites où les stations devaient être installées. Chaque station a été établie 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 les suivantes :

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

Un 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 les suivantes :

- la proximité d'un chemin d'accès (idéalement entre 30 et 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 3 à 6 arbres sur lesquels les fils barbelés pouvaient être attachés. Un terrain plat était important pour empêcher les ours de passer sous ou par-dessus les fils barbelés; toutefois, il a parfois été nécessaire de niveler le terrain pour bloquer les irrégularités du sol les plus évidentes le long des fils barbelés.

Nous avons porté attention à ne pas utiliser trop de signes visuels en bordure des chemins pour éviter d'attirer les personnes de passage. Nous avons installé une pancarte d'avertissement entre le chemin et la station de façon à ce qu'elle soit bien visible. Lors de la première étape, il a été possible de préparer les arbres qui allaient recevoir les fils barbelés, installer les fils barbelés, 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 contour d'une station devait avoir environ 25 à 30 m linéaires. Deux rangées de fils barbelés devaient être installées, respectivement à 65-70 cm et 35-40 cm du sol, et être solidement ancrées, idéalement sur 3 à 6 arbres avec des crampes à clôture. Les fils barbelés devaient être tendus 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 7 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 pour le reste de l'inventaire. À la suite de l'installation, chaque station était revisitée toutes les semaines, et ce, pendant 5 semaines consécutives.

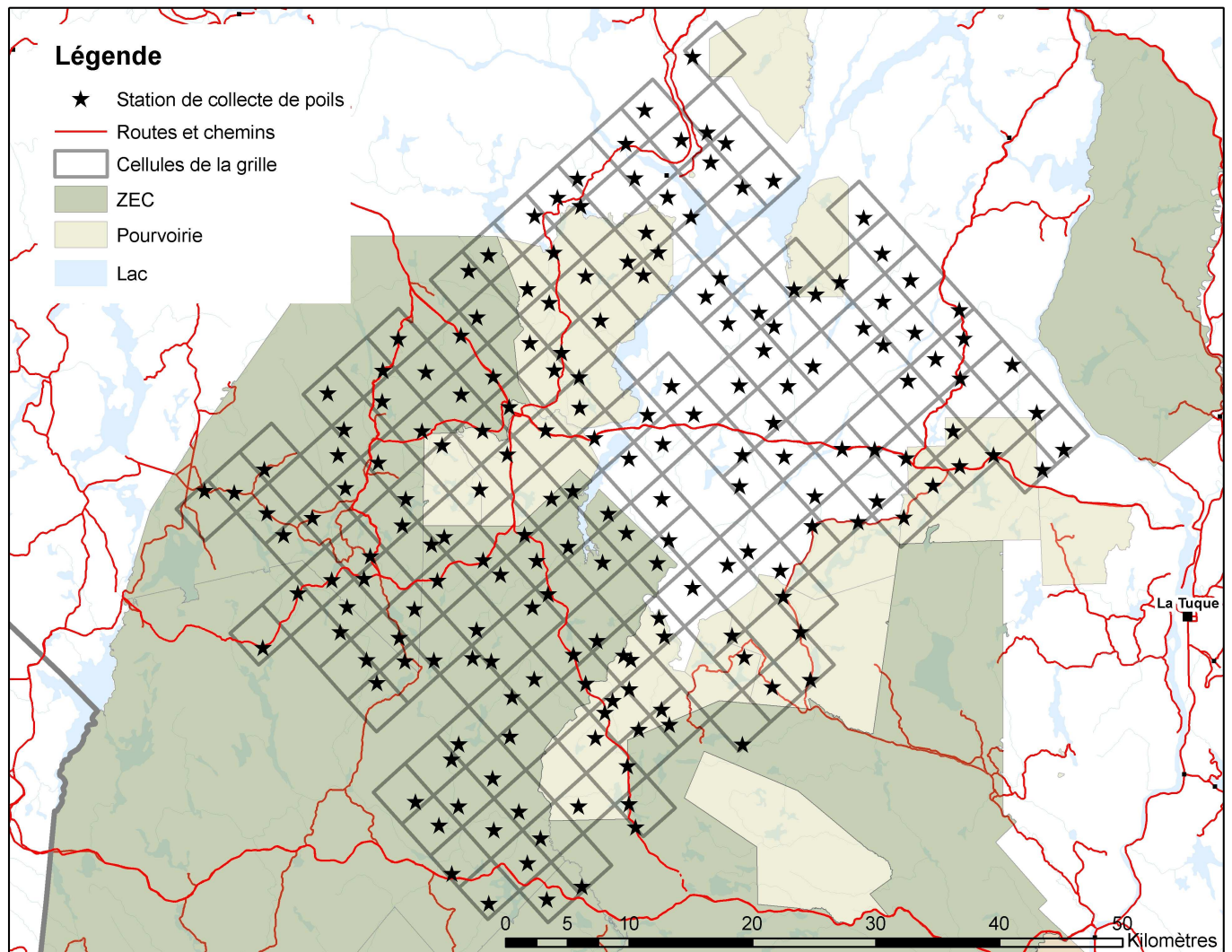


FIGURE 1 Carte du secteur d'étude montrant les cellules de la grille d'échantillonnage, les stations de collecte de poils, les lacs et les principales voies d'accès.

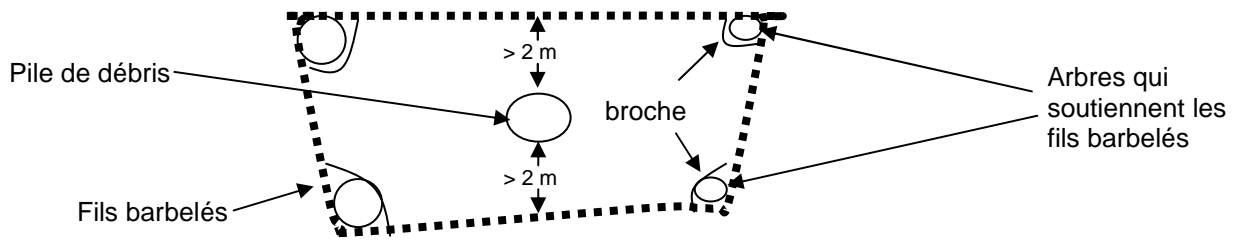


FIGURE 2 Schéma illustrant une station typique de collecte de poils. Les deux fils barbelés étaient accrochés à au moins 3 arbres et des broches étaient utilisées dans chaque coin pour augmenter la tension. Une pile de déchets contenant des troncs d'arbres pourris, de l'écorce ou de la mousse était érigée afin de protéger les leurres des intempéries, et ce, à au moins 2 mètres du contour de la station.

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 à chaque visite à une station. Les leurres utilisés étaient du sang de bœuf fermenté, de l'huile de poisson et un mélange composé à parts égales d'essence d'anis et d'huile de friture usagée. Nous avons fait un amoncellement de déchets d'environ 0,5 m de haut sur 1,0 m de diamètre au centre de la station afin d'y déverser le sang de bœuf. Les déchets pouvaient par exemple être des troncs d'arbres, des branches ou de la mousse. Nous avons évité de bloquer la circulation d'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 déchets pour offrir une protection contre l'eau de pluie et ainsi améliorer la rétention du leurre. De plus, la pile de déchets devait être située à plus de 2 m du fil barbelé dans tous les sens afin que les ours qui se présentaient à la station soient dans l'obligation d'y pénétrer pour accéder au leurre. Nous avons versé 2 L de sang dans la pile de déchets 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 sur une branche d'arbre à l'intérieur de l'enclos de fil barbelé, à environ 5 m du sol. L'éponge était insérée dans un verre de plastique afin de la protéger de l'eau de pluie. Finalement, nous avons vaporisé le mélange d'essence d'anis et d'huile de friture usagée sur les arbres autour de la station, et ce, à chacune des visites.

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 disposé individuellement dans une enveloppe en papier. Lors de la collecte des poils, nous avons utilisé une plaquette 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 portant une attention particulière à conserver les racines des poils sans les casser. Toutes les informations 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.

Une démarche logique était suivie pour l'identification des échantillons de poils : chaque échantillon était d'abord identifié avec la lettre « H » ou « B » selon qu'il était prélevé sur le fil barbelé du haut ou du bas, puis par une lettre séquentielle (en ordre alphabétique). Ensuite, si cet échantillon était précédé d'un autre échantillon situé à une distance équivalente à moins de deux pointes de barbelé sur le même tronçon (un tronçon = ligne de fil barbelé entre deux arbres), il suffisait d'ajouter entre parenthèses l'identification de l'échantillon précédant ainsi que le nombre de pointes de barbelé qui

les séparaient (≤ 2) (figure 3). Les échantillons présents sur le fil du bas à la même hauteur (moins de deux pointes de barbelé de distance) qu'un autre échantillon sur le fil du haut devaient être associés à ce dernier puisqu'ils appartenaient fort probablement au même ours. Cet échantillon était identifié avec la même lettre que l'échantillon sur le fil du haut, mais précédée d'un « B » pour indiquer qu'il s'agit du fil du bas. Si plusieurs échantillons sur le fil du bas pouvaient être associés au même échantillon sur le fil du haut, ils étaient différenciés avec un numéro séquentiel (voir l'exemple sur la figure 3 où B-D-1 et B-D-2 sont associés à H-D). Si aucun échantillon ne se trouvait sur le fil du haut à moins de deux pointes de barbelé d'un échantillon sur le fil du bas, ce dernier était identifié par une nouvelle lettre. Si des poils étaient présents sur le sol en dessous du fil barbelé, ils étaient récoltés et assignés à la pointe du fil barbelé la plus proche. Les poils dans la pile de débris n'étaient pas collectés.

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. Le soir, une fois au campement, 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 silicate 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. Lors de la dernière visite, après la collecte de tous les poils, les stations ont été démontées et le matériel ramassé.

3.3 Analyses génétiques

Nous avons fait parvenir au laboratoire spécialisé Wildlife Genetics International 4 300 échantillons de poils récoltés lors de l'inventaire. Pour des raisons d'ordre budgétaire, nous avons procédé au sous-échantillonnage des enveloppes de poils pour les analyses génétiques. Le sous-échantillonnage a été réalisé selon l'approche « Mowat 1-dans-3 » développée par le laboratoire de Wildlife Genetics International. Les enveloppes ont d'abord été regroupées par station et par date de collecte. Ensuite pour chaque station et date de collecte, les enveloppes situées sur des pointes de barbelés adjacentes ont été regroupées en sous-groupes. La technique de sous-échantillonnage « Mowat 1-dans-3 » consiste à choisir seulement une enveloppe sur trois dans chaque sous-groupe (celle avec l'échantillon de poils de meilleure qualité, c.-à-d. le plus souvent celui avec le plus grand nombre de poils). Nous avons procédé ainsi jusqu'à un maximum de quatre échantillons par station et par date de collecte. Nous avons d'abord choisi un sous-échantillon dans chaque sous-groupe afin de maximiser nos chances de détecter des ours différents. Si la limite de quatre sous-échantillons n'était pas atteinte, la technique de sous-échantillonnage « Mowat 1-dans-3 » était appliquée pour le reste des échantillons.

L'ADN a été extrait à l'aide d'une trousse d'extraction QIAGEN DNeasy (Qiagen Inc., Valencia, Californie) en utilisant la méthode suggérée par le fabricant. Lorsque c'était possible, 10 racines prélevées sur des poils de garde ont été utilisées. Lorsque seuls des poils de bourre étaient disponibles, la totalité des poils et non seulement leurs racines était utilisée. Les échantillons ont été génotypés à sept loci microsatellites de l'ADN nucléaire avec des marqueurs propres à l'ours : G10L (Paetkau et Strobeck, 1994), G10H, G10M, G10X (Paetkau et coll., 1995), Mu23, Mu50 (Taberlet et coll., 1997) et Msut-2 (Kitahara et coll., 2000). Le marqueur ZFX/ZFY a également été utilisé pour déterminer le sexe.

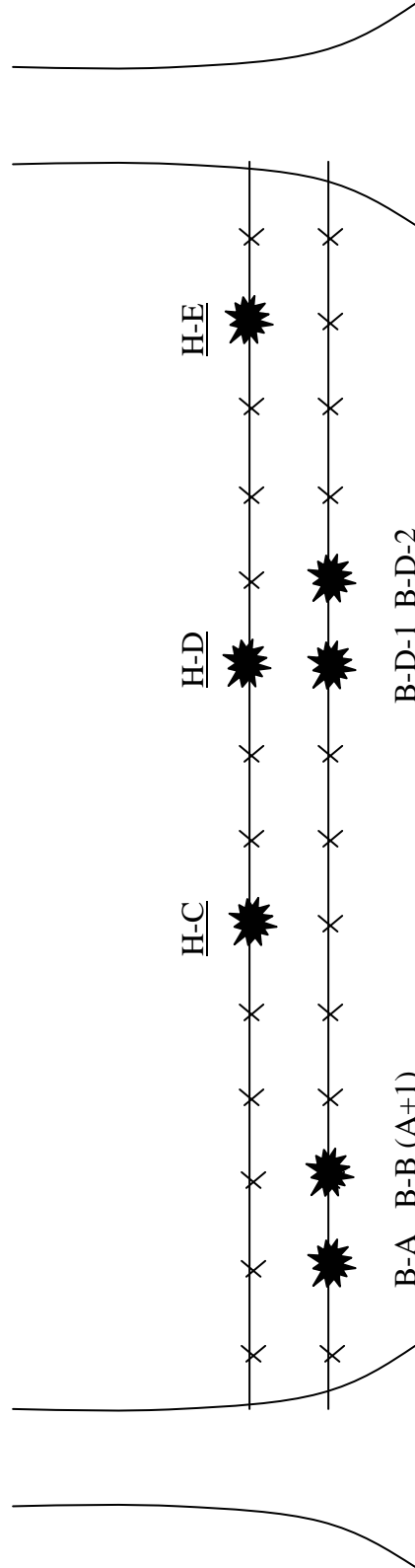


FIGURE 3 Schéma illustrant la façon d'identifier les échantillons de poils collectés aux stations. Les échantillons étaient entreposés individuellement dans des enveloppes en papier et ils étaient identifiés de façon séquentielle avec une lettre (A, B, C... Y, Z, AA, AB...) et selon la présence d'un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

Le processus d'analyse comprenait trois phases : une première passe, un nettoyage et une vérification des erreurs. Après avoir réalisé l'amplification des 8 marqueurs (7 loci et le sexe) sur la totalité des échantillons, 96 d'entre eux ont été mis de côté puisqu'ils avaient procuré des résultats satisfaisants pour moins de 3 marqueurs ou qu'ils avaient amplifié plus de deux allèles à plus de 2 loci. Ces échantillons étaient très susceptibles de générer des erreurs de génotypage. Durant la phase de nettoyage, tous les génotypes incomplets ou les marqueurs difficiles à lire ont été réanalysés avec 5 μ L d'ADN par réaction au lieu de 3 μ L durant la première passe. À la fin de cette deuxième phase, 41 autres échantillons ont été mis de côté à cause des résultats jugés insatisfaisants après plusieurs tentatives. Durant la phase de vérification des erreurs, nous avons réanalysé les marqueurs différents pour les paires de génotypes qui étaient tellement semblables qu'ils étaient susceptibles de résulter d'une erreur de génotypage (Paetkau, 2003). Cette étape permet d'éviter la création de faux individus par le biais d'erreurs de génotypage (Kendall et coll., 2009). Vingt-huit erreurs ont été trouvées au cours de la vérification, pour un taux d'erreur de 0,3 % par locus, ce qui est conforme à ce genre d'analyses.

Une fois les génotypes complétés et vérifiés pour les erreurs potentielles, une identité individuelle a été attribuée à chaque génotype unique. Tous les génotypes étaient basés sur les huit marqueurs, ce qui est plus que suffisant pour obtenir des résultats fiables.

3.4 Analyses statistiques

Nous avons évalué si le critère de fermeture démographique était respecté durant l'étude à l'aide du test de fermeture de Otis et coll. (1978) disponible dans l'extension SECR (Efford, 2011) du logiciel R 3.0.2 (R Core Team, 2013).

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 estimer (Borchers et Efford, 2008). Nous avons utilisé l'extension SECR du logiciel R pour estimer la densité de la population avec les modèles décrits au tableau 1.

4 RÉSULTATS

Au total, nous avons fait parvenir 4 300 échantillons de poils au laboratoire pour les analyses génétiques. Parmi ceux-ci, 2 795 échantillons (65 %) ont été exclus par les règles de sous-échantillonnage et 229 autres échantillons (5 %) ont été mis de côté pour différentes raisons, par exemple parce que l'amplification de l'ADN n'a pas fonctionné ($n = 137$), qu'il ne s'agissait pas de poils d'ours ($n = 10$) ou que les poils n'avaient pas de racine ($n = 81$). Au final, les analyses génétiques ont été réalisées avec succès sur 1 277 échantillons (soit 30 % de la base de données initiale envoyée au laboratoire) qui ont servi à bâtir les historiques de capture-recapture et à estimer la densité. Les analyses génétiques ont révélé la présence de 417 génotypes différents, dont 163 mâles (39 %) et 254 femelles (61 %). Cent soixante-quinze stations parmi les 194 ont reçu la visite d'au moins un ours (90 %). Le nombre d'ours différents capturés chaque semaine a varié de 86 à 145, et il était inférieur durant les deux dernières semaines de l'inventaire. Le nombre de recaptures par semaine a varié de 35 à 68. Le pourcentage de recaptures est demeuré élevé de la troisième à la cinquième semaine de l'inventaire, avec une moyenne d'environ 50 % (tableau 2).

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).

| 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 est variable 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 est variable 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 est variable entre les individus. |
| g(h)s(.) | La fonction de probabilité de capture est variable 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 sont variables 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 sont constantes. |
| 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 est variable entre les individus. |
| g(th)s(.) | La fonction de probabilité de capture est influencée par le temps et variable entre les individus, mais l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue est constante. |

Tableau 1 (suite)

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

L'identification des différents individus a permis de caractériser les loci microsatellites (tableau 3). La probabilité d'identité entre individus apparentés (PIsib), qui indique la probabilité de déclarer deux individus identiques alors qu'ils sont en réalité différents, était de $4,219 \times 10^{-4}$ pour l'ensemble des loci, ce qui traduit un niveau de précision d'assignement des génotypes acceptable (Mills et coll., 2000). De plus, les valeurs d'hétérozygotie observée (HO : 0,818 – 0,892) sont semblables aux valeurs d'hétérozygotie attendue (HE : 0,815 – 0,889) ce qui indique une reproduction aléatoire des individus au sein de la population (Roy et coll., 2012).

TABEAU 2 Nombre d'ours différents (selon les analyses génétiques) capturés et recapturés chaque semaine de l'inventaire. Certains ours ont été capturés à plus d'une station lors de la même semaine d'échantillonnage (ours capturés plusieurs fois).

| | Semaine 1 | Semaine 2 | Semaine 3 | Semaine 4 | Semaine 5 |
|------------------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|
| Ours capturés | | | | | |
| - une seule fois | 131 | 145 | 120 | 86 | 92 |
| - plusieurs fois | 10 | 16 | 6 | 3 | 3 |
| - TOTAL | 141 | 161 | 126 | 89 | 95 |
| Ours recapturés | s. o. | 35 | 68 | 42 | 50 |
| % recaptures | s. o. | 24 % | 57 % | 49 % | 54 % |

s. o. : sans objet

TABEAU 3 Caractéristiques des 7 loci microsatellites basées sur les 417 individus identifiés

| Locus | N ^{bre} d'allèles | Étendue allélique | PI ^a | PIsibs ^b | HO ^c | HE ^d |
|--------|----------------------------|-------------------|-----------------|---------------------|-----------------|-----------------|
| G10H | 20 | 231-267 | 0,030 | 0,326 | 0,856 | 0,864 |
| G10L | 17 | 129-167 | 0,023 | 0,312 | 0,892 | 0,889 |
| G10M | 9 | 206-222 | 0,057 | 0,357 | 0,818 | 0,815 |
| G10X | 18 | 123-165 | 0,033 | 0,328 | 0,863 | 0,861 |
| Msut-2 | 12 | 181-213 | 0,030 | 0,322 | 0,871 | 0,872 |
| MU23 | 12 | 187-213 | 0,036 | 0,330 | 0,847 | 0,859 |
| MU50 | 12 | 114-144 | 0,038 | 0,333 | 0,856 | 0,855 |

^a PI = probabilité d'identité, soit la probabilité que deux individus différents aient le même patron génotypique pour les marqueurs microsatellites utilisés; ^b PIsibs = probabilité d'identité entre individus hautement apparentés; ^c HO : L'hétérozygotie observée (diversité génétique) est la fréquence mesurée des hétérozygotes (nombre des individus hétérozygotes divisé par le nombre total des individus de l'échantillon); ^d HE : il s'agit de la fréquence théorique des hétérozygotes dans une population panmictique (où tous les individus peuvent se croiser au hasard).

La plupart des ours (65 %) ont été capturés une seule fois et 25 % l'ont été deux fois alors que les autres l'ont été trois ou quatre fois (tableau 4). Dans 42 % des cas ($n = 99$), les individus ont été recapturés à la même station où ils avaient été capturés la fois précédente, mais une proportion similaire de recaptures (41 %; $n = 96$) est survenue à une station voisine, située à moins de 5 km de la station visitée précédemment (figure 4). Certains individus ont fait des déplacements considérables, puisque 3 % des recaptures ($n = 7$) ont eu lieu à une station située à plus de 15 km du lieu de la capture précédente.

TABLEAU 4 Distribution de fréquence du nombre de capture par ours, incluant les recaptures du même ours à plus d'une station lors de la même semaine d'échantillonnage

| Nombre de captures | Nombre d'ours | Proportion des ours |
|--------------------|---------------|---------------------|
| 1 | 269 | 65 % |
| 2 | 106 | 25 % |
| 3 | 37 | 9 % |
| 4 | 5 | 1 % |

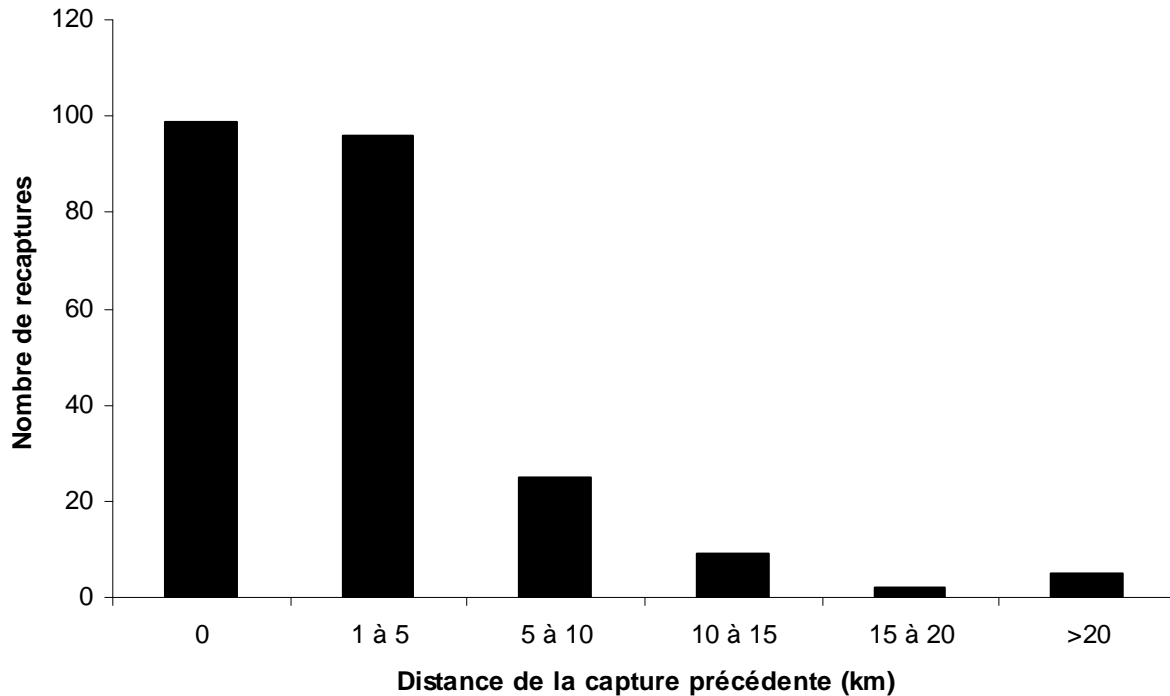


FIGURE 4 Distribution de fréquence de la distance entre la recapture d'un ours et le site de sa capture initiale.

La population d'ours ne respectait pas le critère de fermeture démographique selon le test de Otis et coll. (1978) (Otis statistic = -1,88; $p = 0,03$). Un modèle d'estimation de la densité a mieux performé que tous les autres selon le critère AIC (tableau 5). Ce modèle considérait que la probabilité de capture était variable dans le temps et entre les individus, et qu'elle était influencée par une réponse comportementale après une première capture. L'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue était aussi variable entre les individus.

Selon le meilleur modèle, la densité dans le secteur d'étude était estimée à 4,38 ours/10 km² (IC 90% = 3,33 à 5,77). La précision de cette estimation est de 28 %.

TABLEAU 5 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 (Δ AIC) et le poids AIC (w_i).

| Modèle | K | LL | AIC | Δ AIC | w_i |
|-------------------|-----------|----------------|---------------|--------------|-------------|
| g(.)s(.) | 3 | -2113,0 | 4231,9 | 406,6 | 0,00 |
| g(.)s(h) | 5 | -1978,9 | 3967,7 | 142,4 | 0,00 |
| g(t)s(.) | 7 | -2093,2 | 4200,4 | 375,1 | 0,00 |
| g(t)s(h) | 9 | -1959,1 | 3936,2 | 110,9 | 0,00 |
| g(b)s(.) | 4 | -2112,9 | 4233,8 | 408,5 | 0,00 |
| g(b)s(h) | 6 | -1978,9 | 3969,7 | 144,4 | 0,00 |
| g(h)s(.) | 5 | -2112,3 | 4234,7 | 409,4 | 0,00 |
| g(h)s(t) | 6 | -1929,4 | 3870,8 | 45,5 | 0,00 |
| g(tb)s(.) | 8 | -2084,2 | 4184,4 | 359,1 | 0,00 |
| g(tb)s(h) | 10 | -1949,0 | 3918,0 | 92,7 | 0,00 |
| g(th)s(.) | 9 | -2092,6 | 4203,1 | 377,8 | 0,00 |
| g(th)s(h) | 10 | -1909,6 | 3839,3 | 14,0 | 0,00 |
| g(bh)s(.) | 6 | -2112,2 | 4236,4 | 411,1 | 0,00 |
| g(bh)s(h) | 7 | -1929,2 | 3872,3 | 47,0 | 0,00 |
| g(tbh)s(.) | 10 | -2083,8 | 4187,5 | 362,2 | 0,00 |
| g(tbh)s(h) | 11 | -1901,6 | 3825,3 | 0,0 | 1,00 |

5 DISCUSSION

Il s'agissait du deuxième des trois inventaires d'ours noirs prévus dans le cadre du programme d'acquisition de connaissances sur cette espèce au Québec. Cet inventaire visait la sapinière à bouleau jaune et, selon nos observations, la composition de l'aire d'étude en termes de peuplements forestiers était relativement homogène et caractéristique de ce domaine bioclimatique. Nous n'avons pas observé de grandes variations spatiales évidentes dans le nombre d'ours capturés (figure 5), ce qui nous porte à croire que la densité d'ours était relativement uniforme dans la région inventoriée.

Quatre-vingt-dix pour cent (90 %) des 194 stations de collecte de poils ont reçu la visite d'au moins un ours, ce qui est très élevé et supérieur aux inventaires précédents réalisés au Québec (Courtois et coll., 2004, Roy et coll., 2007, Dussault et coll., 2014). La proportion élevée de stations visitées appuie le résultat de l'inventaire et indique que la densité d'ours dans l'aire d'étude était relativement élevée.

Les objectifs de l'inventaire ont été atteints avec succès, et tout nous porte à croire que les changements que nous avons apportés au protocole expérimental par rapport à l'inventaire de 2012 dans la pessière noire ont porté fruit. En effet, nous avons installé 20 caméras avec détecteur de mouvement à des stations de collecte de poils pour pouvoir observer le comportement des ours devant les barbelés. Contrairement à l'inventaire de l'été 2012, nous n'avons vu aucun ours capable de pénétrer à l'intérieur de l'enclos sans se frotter sur les fils barbelés. Nous concluons donc que l'utilisation de deux fils barbelés, un premier à environ 30-35 cm du sol et un second à environ 55-60 cm, a permis de réduire considérablement la probabilité qu'un ours puisse visiter une station sans laisser un échantillon de poils.

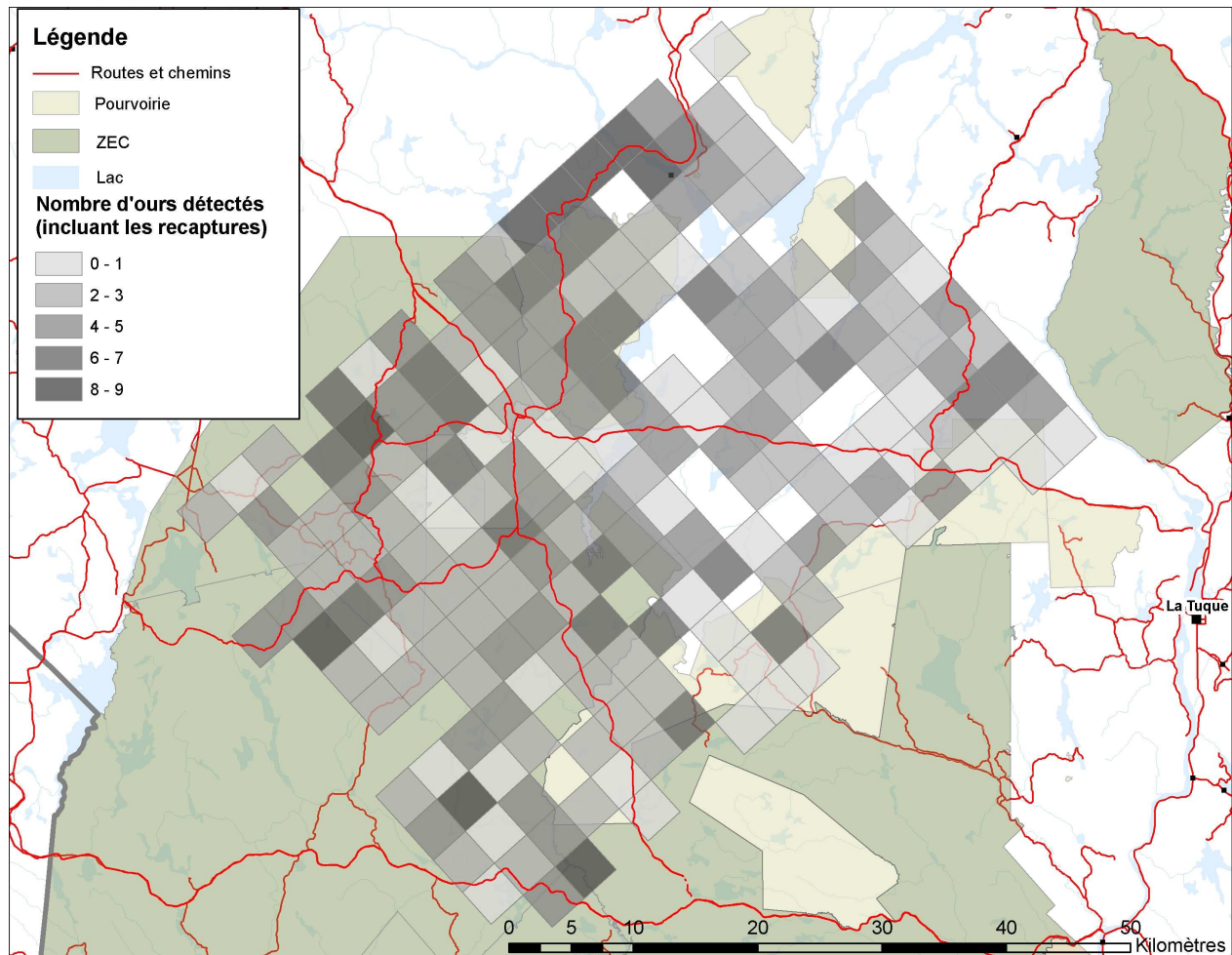


FIGURE 5 Carte du secteur d'étude montrant le nombre d'ours différents détectés dans les différentes cellules de la grille d'échantillonnage pour la durée totale du projet.

La précision de l'estimation de densité (28 % avec un IC 90 %) est légèrement inférieure à ce qui est généralement recherché pour la gestion (environ 20 %; Boitani et Fuller, 2000), mais elle est excellente pour ce genre d'inventaire (Roy et coll., 2007, Plante et coll., 2014). La précision était considérablement meilleure que celle de l'inventaire de 2012 dans la pessière noire. Il est probable que notre stratégie de réduire la taille des cellules de la grille d'échantillonnage (12 km² en Mauricie et 20 km² au Saguenay-Lac-Saint-Jean) visant à augmenter la probabilité de recapture (Boitani et Fuller, 2000; Foster et Harmsen, 2012) a fonctionné. Les analyses génétiques ont produit des résultats d'une qualité exceptionnelle avec plus de 85 % des échantillons analysés ayant fourni une identification individuelle à partir des 7 marqueurs microsatellites et du sexe. Les erreurs de génotypage ont été évaluées à 0,3 % par locus, ce qui est tout à fait convenable pour ce genre d'études (David Paetkau, Wildlife Genetics International, comm. pers.). En traitant chaque échantillon de poils comme un échantillon unique et indépendant, et en sélectionnant, pour chaque station et chaque session d'échantillonnage, les échantillons de meilleure qualité pour faire les analyses génétiques, nous sommes persuadés d'avoir limité au maximum la probabilité de création de faux génotypes. En effet, un faux génotype peut être observé lorsque la quantité et/ou 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).

La densité estimée par l'inventaire, soit 4,38 ours/10 km², est 61 % plus élevée que celle estimée par une simulation de population (2,72 ours/10 km²) en utilisant la densité estimée pour l'année 2003 dans le plan de gestion 2006-2013 pour la zone de chasse 26 (2,07 ours/10 km², Lamontagne et coll., 2006) et la récolte enregistrée depuis 2003 dans le système d'enregistrement de la grande faune (soit en moyenne 0,16 ours/10 km²). La densité estimée par l'inventaire est aussi plus de 50 % supérieure à celle évaluée en 1990 dans un secteur situé à proximité de notre aire d'étude où l'ours est faiblement exploité (réserve faunique Saint-Maurice, 2,8 ours/10 km², Jolicoeur, 2004). Plusieurs indices indiquent donc que la population d'ours dans cette région serait en croissance depuis quelques années. Selon le système d'enregistrement de la grande faune, 66 ours (64 au printemps 2013 et 2 à l'automne 2012) ont été prélevés dans un secteur de 3 842 km² incluant le secteur de l'inventaire et une zone tampon de 3,5 km autour de celui-ci (il faut noter que la chasse d'automne n'est pas permise dans plusieurs zecs et pourvoiries dans la région). Cela représente une densité de récolte semblable à celle de la zone 26, soit 0,17 ours/10 km², et un taux d'exploitation de 4,9 % si on utilise, par prudence, la marge inférieure de l'intervalle de confiance pour estimer la taille de la population, et un taux d'exploitation de 3,8 % si on utilise la valeur moyenne (la plus plausible). Il s'agit d'un taux d'exploitation relativement faible pour l'ours noir. Considérant la qualité de l'habitat, la productivité des femelles dans ce secteur est sans doute bonne, et, en l'absence de capture, le taux de croissance annuel serait estimé à environ 8 % (MFFP, données non publiées). Les résultats de l'inventaire laissent donc croire que la population d'ours dans ce secteur est probablement en croissance. Il faut être prudent avant d'extrapoler en étendant ces résultats à d'autres secteurs de la zone de chasse 26, car on ne connaît pas les variations spatiales de la qualité de l'habitat et de la pression de chasse. Cependant, selon nous il n'y a pas de raison de croire que la qualité de l'habitat ailleurs dans la zone de chasse soit spécialement moins élevée que dans l'aire d'étude. Ainsi, considérant le taux de récolte observé au cours des dernières années dans la zone 26 (0,16 ours/10 km²), nous pouvons estimer le taux d'exploitation de l'ours noir dans la zone de chasse 26 à 4,8 % en utilisant la marge inférieure de l'intervalle de confiance de l'inventaire (3,33 ours/10 km²) et à 3,7 % en utilisant sa valeur moyenne. Ces chiffres sont très semblables à ceux de l'aire d'étude inventoriée et soutiennent une croissance relativement importante de la population (de 3 à 4 %).

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.
- CHICOINE, C.**, 2014. Estimation des densités d'ours noirs par CMR et géotypage des poils: améliorations et perspectives liées au suivi télémétrique GPS, Mémoire de maîtrise, Université du Québec à Rimouski, 94 p.
- 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.
- DUSSAULT, C., S. MASSÉ, C. CHICOINE, C. DUSSAULT, S. LEFORT ET M.-H. ST-LAURENT**, 2014. Inventaire de l'ours noir dans la pessière noire au Saguenay-Lac-St-Jean à l'été 2012, Ministère du Développement durable, de l'Environnement, de la Faune et des Parcs, Québec, 25 p.
- 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.**, 2004. Estimation de la densité d'ours noirs dans différents types de végétation à l'aide de traceurs radioactifs, période 1984-1994, Ministère des Ressources naturelles, de la Faune et des Parcs, Direction du développement de la faune, 44 p.
- 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.

- KENDALL, K.C., J.B. STETZ, J. BOULANGER, A.C. MACLEOD, D. PAETKAU, AND G.C. WHITE.** 2009. "Demography and genetic structure of a recovering grizzly bear population", *J. Wildl. Manage.*, vol. 73, p. 3–17.
- KITAHARA, E., Y. ISAGI, Y. ISHIBASHI ET T. SAITOH,** 2000. "Polymorphic microsatellite DNA markers in the Asiatic black bear *Ursus thibetanus*", *Mol. Ecol.*, vol. 9, p. 1661–1686.
- 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.
- MILLS, L. S., J. J. CITTA, K. P. LAIR, M. K. SCHWARTZ ET D. A. TALLMON,** 2000. "Estimating animal abundance using noninvasive DNA sampling: promise and pitfalls", *Ecol. Appl.*, vol. 10, p. 283-294.
- MINISTÈRE DES RESSOURCES NATURELLES ET DE LA FAUNE (MRNF),** 2012. Zones de végétation et domaines bioclimatiques du Québec. [En ligne] <http://www.mrnf.gouv.qc.ca/forets/connaissances/connaissances-inventaire-zones-carte.jsp>
- OBARD, 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.
- OBARD, 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.
- OTIS, D. L., K. P. BURNHAM, G. C. WHITE ET D. R. ANDERSON,** 2010. "Statistical inference from capture data on closed animal populations", *Wildl. Monogr.*, vol. 62, p. 3-135.
- 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,** 2014. 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 du Développement durable, de l'Environnement, 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 noninvasive 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.
- TABERLET, P., J. J. CAMARRA, S. GRIFFIN, E. UHRES, O. HANOTTE, L. P. WAITS, C. DUBOIS-PAGANON, T. BURKE ET J. BOUVET**, 1997. "Noninvasive genetic tracking of the endangered Pyrenean brown bear population", *Mol. Ecol.*, vol. 6, p. 869-876.
- WAITS, L. P., ET D. PAETKAU**, 2005. "Noninvasive 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>Informations sur la station</u> | | | | |
| Numéro de la cellule de la grille d'échantillonnage (ex. 051-1) : _____ | | | | |
| Coordonnées GPS du stationnement (UTM zone 19 NAD83) : LAT _____ / LONG _____ | | | | |
| Croquis pour faciliter le repérage de la station (si pertinent) | | | | |
| Commentaires (# de route, repères visuels): _____ _____ | | | | |
| Coordonnées GPS de la station (UTM zone 19 NAD83) : LAT _____ / LONG _____ | | | | |
| Date d'installation: AN _____ 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 20 m (encercler) : oui non largeur (m) : _____ | | | | |
| Type(s) 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>Informations sur la station</u> | | | |
| Numéro de la cellule de la grille d'échantillonnage (ex. 051-1) : _____ | | | |
| Date de la visite : AN _____ MOIS _____ JOUR _____ | | | |
| Membres de l'équipe : _____ | | | |
| <u>État du site à l'arrivée</u> | | | |
| Comparé 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 lure semble avoir été perturbée par un ours? (encercler) | | | |
| oui | non | | |
| Est-ce que le lure 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 CONTENANT UN ÉCHANTILLON DE POILS

| | | | | | |
|---|--|-----|------|-----|-----------------------------|
| <u>Informations sur la station</u> | | | | | |
| Numéro de la cellule de la grille de piégeage : _____ | | | | | |
| Date de la visite : AN _____ 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

| Article | Quantité nécessaire | Article | Quantité nécessaire |
|--|--------------------------|--|---------------------|
| Cartes secteur d'étude + stations | 6 copies de chaque | Ficelle (en jute) | 6000 pieds |
| Sciotte + sécateur 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 pouces, 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 pré-apposées | 3500 |
| Agrafeuse T-50 + broches ½ | 5 | Dessiccants avec billes de silice | 1500 |
| 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 | Imperméables + bottes + filet mouches | Chacun pour soi |
| 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 sourcil | 8 |
| Chalumeau + bombonne | 6 | Séchoir à poil | 2 |
| Gants de cuir | 16 paires | Cadenas pour les contenants | 2 |
| Gants de latex | 1000 paires | | |

**Forêts, Faune
et Parcs**

Québec 