

Projet d'inventaire de l'ours noir
de la zone 10 par la technique
de capture-recapture à l'aide
de marqueurs génétiques
(Projet Outaouais 2005)



**PROJET D'INVENTAIRE DE L'OURS NOIR DE LA ZONE 10 PAR LA TECHNIQUE DE
CAPTURE-RECAPTURE À L'AIDE DE MARQUEURS GÉNÉTIQUES
(PROJET OUTAOUAIS 2005)**

RAPPORT FINAL

Justin Roy (Département de Biologie, Université Laval)

Vicky Albert (Département de Biologie, Université Laval)

Louis Bernatchez (Département de Biologie, Université Laval)

Ministère des Ressources Naturelles et de la Faune (Direction de l'Outaouais)

Novembre 2007

Référence à citer :

ROY, J., V. ALBERT et L. BERNATCHEZ. 2007. Projet d'inventaire de l'ours noir de 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, Direction de l'aménagement de la faune de l'Outaouais, Québec. 164 p.

Dépôt légal- Bibliothèque et Archives nationales du Québec, 2007

ISBN : 978-2-550-51254-7 (pdf)

RÉSUMÉ

À l'été 2005, un inventaire non invasif a été réalisé dans six blocs d'étude de 500 km² répartis en Outaouais, dans le but d'obtenir par extrapolation un estimé d'abondance de la population d'ours noirs de la zone 10. La moitié de ces blocs était disposée dans des milieux forestiers inoccupés ayant un faible niveau d'exploitation (ZEC Pontiac, Bois-Francis et réserve faunique Papineau-Labelle), deux autres blocs étaient caractéristiques d'une présence humaine marquée et d'un taux élevé d'exploitation (LadySmith et Cawood), tandis que le dernier bloc (Namur) était situé dans un milieu de forte villégiature et à faible niveau d'exploitation. La méthode d'estimation privilégiée était de type capture-marquage-recapture (CMR) et était appliquée à des échantillons de poils dont la racine servait à établir le profil génétique des ours ayant visité les stations. Chaque bloc d'étude était divisé en 20 parcelles de 25 km² à l'intérieur desquelles était placé un site d'appât, à l'exception de deux parcelles qui elles contenaient cinq sites dans le but de mieux cerner les déplacements des ours. Ces dernières parcelles se sont avérées très utiles. Un total de 168 pièges visités de façon hebdomadaire au cours de quatre semaines consécutives, entre le 11 juillet et le 4 août, ont permis la récolte de 435 échantillons de poils à 264 stations.

Les échantillons de poils étaient ensuite analysés en laboratoire afin de déterminer leur génotype à dix marqueurs microsatellites. Une étude pilote a révélé que le taux d'erreur de génotypage était minime pour l'ensemble des enveloppes de poils analysées. Le phénomène des ours multiples (plusieurs ours à un même site) a été détecté à un minimum de 60 stations. Néanmoins, une méthodologie innovatrice a permis d'identifier 256 génotypes correspondant à 151 ours différents (83 femelles et 68 mâles). Cent onze de ces ours (73,5%) étaient retrouvés dans les trois secteurs de type forestier inoccupé. Toutefois, la faible taille d'échantillonnage typique de chaque bloc d'étude, combinée à un effort de capture en apparence insuffisant, a limité grandement le nombre de modèles CMR pouvant être évalués adéquatement dans le programme MARK. De plus, la prémisse de fermeture démographique semblait être violée dans plusieurs secteurs. Conséquemment, les estimés d'abondance renfermaient un biais négatif probablement important et variaient entre 11 (Cawood) et 68 individus (Bois-Francis). Les strates définies ont permis d'estimer l'abondance d'ours dans la zone 10 à 2077 individus. Bien que cette valeur soit sous-estimée, la

densité d'ours moyenne de la zone 10 est vraisemblablement inférieure à la densité simulée de 2,5 ours / 10 km² (Goudreault et Toussaint 2005).

Par conséquent, nous recommandons la prudence dans les modalités de gestion de l'ours noir de cette zone, tant et aussi longtemps que des estimés fiables n'auront pas été obtenus lors de futurs inventaires. Afin d'évaluer adéquatement la taille de la population d'ours noirs de la zone 10, il faudra vraisemblablement procéder à un échantillonnage progressif de secteurs de grande superficie et potentiellement entreprendre une étude à moyen terme. Quoiqu'il en soit, le mode d'échantillonnage non invasif offre un potentiel très intéressant dans les futures études de l'ours noir au Québec.

TABLE DES MATIÈRES

	<u>Page</u>
RÉSUMÉ.....	iii
TABLE DES MATIÈRES	v
LISTE DES TABLEAUX.....	ix
LISTE DES FIGURES.....	xiii
LISTE DES ANNEXES.....	xviii
1. INTRODUCTION.....	1
2. PRÉSENTATION GÉNÉRALE DE LA ZONE D'ÉTUDE	4
3. MISE EN CONTEXTE DU PROJET OUTAOUAIS 2005	6
4. MÉTHODOLOGIE.....	9
4.1 Plan d'échantillonnage et description physique des blocs d'étude	9
4.2 Critères de définition des blocs d'étude	13
4.3 Collecte des échantillons de poils	14
4.4 Analyse génétique des échantillons et analyse numérique des données	16
4.4.1 Étude préliminaire	16
4.4.2 Optimisation des marqueurs sur le séquenceur ABI 3100.....	19
4.4.3 Étude pilote.....	23
4.4.4 Première série de génotypage des échantillons de poils.....	25
4.4.5 Mise à l'essai d'une méthodologie innovatrice dans l'analyse des résultats.....	25
4.4.6 Seconde série de génotypage : analyse des échantillons mixtes.....	27
4.4.7 Reprises d'amplification de l'ADN pour les locus aux données incomplètes.....	28
4.4.8 Données de génotypage et identification des cas de recapture.....	29
4.4.9 Identification du sexe des individus échantillonnés	29
4.4.10 Estimation de l'abondance et de la densité d'ours noirs dans les blocs d'étude	32
4.4.11 Déplacements des individus	34
4.4.12 Évaluation de la fermeture démographique des grilles : une approche en deux temps	34
4.4.13 Analyse des parcelles avec cinq stations	36
5. RÉSULTATS	37
5.1 Bilan des échantillons de poils et efficacité du montage expérimental	37
5.2 Analyse du bloc A : ZEC Pontiac	41
5.2.1 Données de capture.....	41
5.2.2 Évaluation de la fermeture démographique.....	46
5.2.3 Estimation de l'abondance et de la densité d'ours noirs.....	47
5.3 Analyse du bloc B : Bois-Francis.....	49
5.3.1 Données de capture.....	49
5.3.2 Évaluation de la fermeture démographique.....	54

5.3.3 Estimation de l'abondance et de la densité d'ours noirs.....	55
5.4 Analyse du bloc C : LadySmith	57
5.4.1 Données de capture.....	57
5.4.2 Évaluation de la fermeture démographique.....	62
5.4.3 Estimation de l'abondance et de la densité d'ours noirs.....	63
5.5 Analyse du bloc D : Cawood	65
5.5.1 Données de capture.....	65
5.5.2 Évaluation de la fermeture démographique.....	70
5.5.3 Estimation de l'abondance et de la densité d'ours noirs.....	71
5.6 Analyse du bloc E : Réserve faunique Papineau-Labelle	73
5.6.1 Données de capture.....	73
5.6.2 Évaluation de la fermeture démographique.....	78
5.6.3 Estimation de l'abondance et de la densité d'ours noirs.....	79
5.7 Analyse du bloc F : Namur	81
5.7.1 Données de capture.....	81
5.7.2 Évaluation de la fermeture démographique.....	85
5.7.3 Estimation de l'abondance et de la densité d'ours noirs.....	86
5.8 Extrapolation des estimés d'abondance à l'ensemble de la zone 10.....	88
5.9 Déplacements des individus.....	90
5.10 Fermeture démographique des blocs d'étude : second regard	94
5.11 Analyse des parcelles avec cinq stations.....	96
6. STATISTIQUES GÉNÉTIQUES	99
7. DISCUSSION	101
7.1 Comparaison des données de capture entre les blocs d'étude.....	101
7.1.1 Étendue du domaine vital	103
7.1.1.1 Cas particulier des secteurs ZEC Pontiac et Bois-Francis	104
7.1.2 Stations avec ours multiples	106
7.1.3 Fermeture démographique des blocs d'étude	107
7.2 Estimés d'abondance et de densité.....	108
7.2.1 Tendances générales.....	109
7.2.2 Comparaison des estimés d'abondance entre les blocs d'étude	111
7.2.3 Comparaison des estimés de densité avec ceux du plan de gestion (2006-2012)	113
7.2.3.1 ZEC Pontiac	113
7.2.3.2 Bois-Francis	114
7.2.3.3 Réserve faunique Papineau-Labelle.....	115
7.2.4 Extrapolation des estimés d'abondance (densité) à la zone 10.....	116
7.3 Sources de biais des estimés d'abondance: causes, conséquences et solutions	117
7.3.1 Sélection de modèle.....	117
7.3.2 Hétérogénéité de la probabilité de capture	120
7.3.3 Fermeture géographique	124
7.4 Défi des études CMR : une histoire de compromis.....	130
8. IMPLICATIONS POUR LA GESTION DE L'OURS NOIR DE LA ZONE 10.....	133
REMERCIEMENTS	134

LISTE DES RÉFÉRENCES135

LISTE DES TABLEAUX

	<u>Page</u>
Tableau 1. Description des six blocs d'étude de la zone 10 sur la base de facteurs physiques (type d'habitat, domaine bioclimatique) et humains (exploitation/mortalité de l'ours noir, affectation territoriale). Le type d'habitat et le niveau d'exploitation/mortalité représentent les deux facteurs retenus lors de la stratification. Le phénomène des ours importuns est particulièrement présent dans les blocs C et D.....	10
Tableau 2. Valeurs individuelles et cumulatives des probabilités d'identité frère-soeur associées aux différents marqueurs testés. Les locus sont classés en ordre décroissant d'après leur capacité à assigner un génotype unique. Les locus G10J, G10O, UarMU11, UarMU26, UarMU51 et UarMU63 ne sont pas considérés étant donné leur très faible polymorphisme ou l'absence de patron allélique.....	18
Tableau 3. Détails des 10 recettes PCR utilisées pour amplifier l'ADN extrait des échantillons de poils d'ours noir 2005, zone 10. Les locus employés sont de type microsatellite.	21
Tableau 4. Description des huit principaux modèles CMR du programme CAPTURE.....	33
Tableau 5. Nombre de stations d'échantillonnage ayant été visitées par un ours au cours des quatre semaines du projet (11 juillet au 4 août 2005), pour chacun des six blocs d'étude. Ces effectifs sont basés sur la présence de poils uniquement. Le chiffre situé entre parenthèses fait référence au nombre de stations additionnelles où la présence d'ours avait été signalée, sans présence de poils laissés par l'animal. Le succès de capture moyen (\pm écart-type), calculé sur les quatre semaines de l'inventaire, est aussi présenté.....	38
Tableau 6. Pourcentage des échantillons en fonction du nombre de poils de qualité et de la semaine d'échantillonnage dans les stations visitées par les ours. Les données des six blocs d'étude sont considérées ($n = 435$ échantillons). Généralement, il est relativement facile d'obtenir un génotype à partir d'un échantillon de 3-4 poils de qualité.....	38
Tableau 7. Pourcentage (\pm écart-type) des 168 stations d'échantillonnage visitées par les ours et les rats laveurs en fonction de l'environnement dans lequel les stations étaient placées. Les quatre semaines de l'inventaire étaient considérées.....	39
Tableau 8. Informations relatives à la capture de l'ours noir dans le bloc A (ZEC Pontiac) pour chacune des quatre semaines d'échantillonnage.....	41
Tableau 9. Informations de capture requises par le programme MARK à des fins d'estimation de l'abondance de l'ours noir dans le secteur ZEC Pontiac.....	47

Tableau 10. Description des modèles retenus dans le calcul de la moyenne pondérée de l'abondance d'ours noirs dans le secteur ZEC Pontiac. Résultats obtenus à l'aide du programme MARK (White et Burnham 1999).	47
Tableau 11. Description des modèles retenus dans le calcul de la moyenne pondérée de la densité d'ours noirs, secteur ZEC Pontiac. La densité est exprimée comme étant le nombre d'ours / 10 km ² . Les résultats étaient obtenus à l'aide du programme DENSITY 3.3 (Efford <i>et al.</i> 2004).	48
Tableau 12. Informations relatives à la capture de l'ours noir dans le bloc B (Bois-Francis) pour chacune des quatre semaines d'échantillonnage.	50
Tableau 13. Informations de capture requises par le programme MARK à des fins d'estimation de l'abondance de l'ours noir dans le secteur Bois-Francis.	55
Tableau 14. Description des modèles retenus dans le calcul de la moyenne pondérée de l'abondance d'ours noirs dans le secteur Bois-Francis. Résultats obtenus à l'aide du programme MARK (White et Burnham 1999).	55
Tableau 15. Description des modèles retenus dans le calcul de la moyenne pondérée de la densité d'ours noirs, secteur Bois-Francis. La densité est exprimée comme étant le nombre d'ours / 10 km ² . Les résultats étaient obtenus à l'aide du programme DENSITY 3.3 (Efford <i>et al.</i> 2004).	56
Tableau 16. Informations relatives à la capture de l'ours noir dans le bloc C (LadySmith) pour chacune des quatre semaines d'échantillonnage.	58
Tableau 17. Informations de capture requises par le programme MARK à des fins d'estimation de l'abondance de l'ours noir dans le secteur LadySmith.	63
Tableau 18. Description des modèles retenus dans le calcul de la moyenne pondérée de l'abondance d'ours noirs dans le secteur LadySmith. Résultats obtenus à l'aide du programme MARK (White et Burnham 1999).	63
Tableau 19. Informations relatives à la capture de l'ours noir dans le bloc D (Cawood) pour chacune des quatre semaines d'échantillonnage.	66
Tableau 20. Informations de capture requises par le programme MARK à des fins d'estimation de l'abondance de l'ours noir dans le secteur Cawood.	71
Tableau 21. Description des modèles retenus dans le calcul de la moyenne pondérée de l'abondance d'ours noirs dans le secteur Cawood. Résultats obtenus à l'aide du programme MARK (White et Burnham 1999).	71
Tableau 22. Informations relatives à la capture de l'ours noir dans le bloc E (Papineau-Labelle) pour chacune des quatre semaines d'échantillonnage.	74
Tableau 23. Informations de capture requises par le programme MARK à des fins d'estimation de l'abondance de l'ours noir dans le secteur Papineau-Labelle.	79

Tableau 24. Description des modèles retenus dans le calcul de la moyenne pondérée de l'abondance d'ours noirs dans le secteur Papineau-Labelle. Résultats obtenus à l'aide du programme MARK (White et Burnham 1999).	79
Tableau 25. Description des modèles retenus dans le calcul de la moyenne pondérée de la densité d'ours noirs, secteur Papineau-Labelle. La densité est exprimée comme étant le nombre d'ours / 10 km ² . Les résultats étaient obtenus à l'aide du programme DENSITY 3.3 (Efford <i>et al.</i> 2004).	80
Tableau 26. Informations relatives à la capture de l'ours noir dans le bloc F (Namur) pour chacune des quatre semaines d'échantillonnage.	82
Tableau 27. Informations de capture requises par le programme MARK à des fins d'estimation de l'abondance de l'ours noir dans le secteur Namur.	86
Tableau 28. Description des modèles retenus dans le calcul de la moyenne pondérée de l'abondance d'ours noirs dans le secteur Namur. Résultats obtenus à l'aide du programme MARK (White et Burnham 1999).	86
Tableau 29. Nombre de fois où un individu a été capturé au cours de l'inventaire. Les captures multiples d'un individu lors d'une même session d'échantillonnage représentaient une seule capture. Les effectifs sont présentés pour les individus des deux sexes séparément et également lorsque combinés.	96
Tableau 30. Données de capture enregistrées à l'intérieur des parcelles contenant cinq stations d'échantillonnage, au cours des quatre semaines de l'inventaire. Les blocs considérés sont la ZEC Pontiac (ZP), Papineau-Labelle (PL) et Bois-Francs (BF). Le numéro précédant celui de chacune des stations fait référence au numéro d'identification de l'individu, présenté dans l'annexe 6.	98
Tableau 31. Statistiques reliées aux 10 marqueurs microsatellites employés pour établir le profil génétique des 151 ours identifiés au cours des quatre semaines d'échantillonnage, lors de l'inventaire de l'ours noir en Outaouais (zone 10). Les individus des six blocs d'étude étaient considérés. (N ours = nombre d'ours analysés par locus; N allèles = nombre d'allèles différents identifiés par locus; H _E : hétérozygotie attendue; H _O = hétérozygotie observée et P _{ID} = probabilité d'identité frère-sœur).	100
Tableau 32. Effectif des différentes histoires de capture observées dans les six blocs d'étude.	101
Tableau 33. Description sommaire des principaux résultats de capture des six blocs d'étude. La fermeture relative fait référence au respect de la prémisses de fermeture démographique des blocs d'étude suivant le test de Stanley et Burnham 1999 (+ : fermeture fortement violée, ++ : fermeture modérément violée, +++ : fermeture légèrement violée). L'exactitude et la précision des estimés d'abondance et de densité (N et D respectivement) doivent être considérées avec prudence étant donné le biais potentiellement très important affectant ces deux paramètres.	102

Tableau 34. Ratio « superficie totale de la grille d'échantillonnage / domaine vital moyen des femelles », pour différentes études réalisées chez l'ours grizzly, en comparaison avec celui de l'inventaire de l'Outaouais 2005. Le taux de fidélité (F) est utilisé comme indicateur du degré de fermeture géographique des blocs d'étude. Ces données sont présentées dans Boulanger <i>et al.</i> (2002).....	129
--	-----

LISTE DES FIGURES

	<u>Page</u>
Figure 1. Localisation des plaintes pour lesquelles des actions ont été entreprises pour régler le problème des ours importuns dans la zone 10 en 2003 (Goudreault et Toussaint 2005).	3
Figure 2. Délimitation des trois secteurs de chasse (en magenta) à l'intérieur de la zone 10 : secteurs Est, Nord-Ouest et Sud-Ouest. Les territoires à gestion déléguée sont également représentés. La zone 10 Sud-Ouest a été créée en 2001 (Goudreault et Toussaint 2005).	4
Figure 3. Étendue géographique des deux principaux types de milieu retrouvés dans la zone 10. Le milieu forestier est considéré comme étant le véritable habitat de l'ours noir (Goudreault 1998).	5
Figure 4. Évolution de la mortalité totale (toutes causes) d'ours noirs de 1984 à 2004 dans la zone 10 (Goudreault et Toussaint 2005).	6
Figure 5. Évolution de la mortalité d'ours noirs par les accidents routiers (ROUTE), pour des fins de contrôle (CONT) et en vertu des permis spéciaux (SEG), pour les années 1992 à 2004 inclusivement. Les SEG sont des permis spéciaux permettant à des chasseurs d'abattre des ours en dehors des saisons régulières de chasse, sur des propriétés agricoles (Goudreault et Toussaint 2005).	7
Figure 6. Évolution de l'effort de chasse (jours-chasseur / ours abattu) et de l'effort d'observation (jours-chasseur / ours vu) dans la zone 10, entre 1996 et 2004 (Goudreault et Toussaint 2005).	8
Figure 7. Localisation des six grilles d'échantillonnage réparties dans les trois secteurs de la zone 10 (A : ZEC Pontiac; B : Bois-Francis; C : LadySmith; D : Cawood; E : Réserve faunique Papineau-Labelle et F : Namur). À noter la frontière commune partagée entre les blocs C et D. Figure tirée de Goudreault <i>et al.</i> (2005).	9
Figure 8. Composition en espèces arborescentes des six blocs d'étude de la zone 10. (BOP, BOJ : <i>Betula papyrifera</i> , <i>Betula alleghaniensis</i> ; EPB, SAB : <i>Picea glauca</i> , <i>Abies balsamea</i> ; ERS, ERR : <i>Acer saccharum</i> , <i>Acer rubrum</i> ; MEL : <i>Larix laricina</i> ; PET, PEB, PEG : <i>Populus tremuloides</i> , <i>Populus balsamifera</i> , <i>Populus grandidentata</i> ; PIB, PIR : <i>Pinus stroba</i> , <i>Pinus resinosa</i> ; PIG : <i>Pinus divaricata</i> ; THO, PRU : <i>Thuja occidentalis</i> , <i>Prunus sp.</i>)	12
Figure 9. Répartition théorique des 28 stations d'échantillonnage dans les parcelles de 25 km ² , à l'intérieur de chaque grille échantillonnée. Pour la majorité des parcelles, la distance théorique entre les stations variait entre 4,0 et 6,8 km (Goudreault <i>et al.</i> 2005).	14

Figure 10. Illustration d'un site d'appât. Les poils étaient prélevés sur les fils barbelés. (Justin Roy).....	15
Figure 11. Gel d'agarose illustrant les fragments du gène de l'amélogénine amplifiés chez des individus mâles (1, 2, 3) et femelles (4, 5 et 6). Chez l'ours noir en Outaouais, la taille des fragments amplifiés était de 195 pb et 265 pb. Image tirée de Yamamoto <i>et al.</i> (2002).	31
Figure 12. Comparaison de la répartition spatiale des captures lors de l'inventaire 2005 (gauche) avec celle des lieux de mortalités de l'ours noir enregistrés en 2003-2004 (droite), dans le secteur ZEC Pontiac. La majorité du secteur est située sur des terres publiques. Dans la figure de gauche, les stations visitées par un ours à au moins une reprise lors de l'inventaire sont notées par un carré orange, alors que les lieux de mortalités en 2005 sont désignés par un triangle rouge. Dans la figure de droite, les cercles verts et rouges font respectivement référence aux années 2003 et 2004. Cartes réalisées par Jean-René Moreau.....	42
Figure 13. Distance parcourue par les individus mâles (figure du haut) et par les individus femelles (figure du bas) entre deux captures successives, dans le secteur ZEC Pontiac.....	44
Figure 14. Temps écoulé entre deux captures successives d'un individu mâle (figure du haut) et d'un individu femelle (figure du bas), dans le secteur ZEC Pontiac.....	45
Figure 15. Résultats du test de la fermeture démographique de Stanley et Burnham (1999) pour le secteur ZEC Pontiac, obtenus à l'aide du programme CloseTest (Stanley et Richard 2005).....	46
Figure 16. Comparaison de la répartition spatiale des captures lors de l'inventaire 2005 (gauche) avec celle des lieux de mortalités de l'ours noir enregistrés en 2003-2004 (droite), dans le secteur Bois-Francs. La majorité du secteur est située sur des terres publiques. Dans la figure de gauche, les stations visitées par un ours à au moins une reprise lors de l'inventaire sont notées par un carré orange, alors que les lieux de mortalités en 2005 sont désignés par un triangle rouge. Dans la figure de droite, les cercles verts et rouges font respectivement référence aux années 2003 et 2004. Cartes réalisées par Jean-René Moreau.....	50
Figure 17. Distance parcourue par les individus mâles (figure du haut) et par les individus femelles (figure du bas) entre deux captures successives, dans le secteur Bois-Francs.	52
Figure 18. Temps écoulé entre deux captures successives d'un individu mâle (figure du haut) et d'un individu femelle (figure du bas), dans le secteur Bois-Francs.....	53
Figure 19. Résultats du test de la fermeture démographique de Stanley et Burnham (1999) pour le secteur Bois-Francs, obtenus à l'aide du programme CloseTest (Stanley et Richard 2005).....	54

- Figure 20. Comparaison de la répartition spatiale des captures lors de l'inventaire 2005 (gauche) avec celle des lieux de mortalités de l'ours noir enregistrés en 2003-2004 (droite), dans le secteur LadySmith. La majorité du secteur est située sur des terres privées. Dans la figure de gauche, les stations visitées par un ours à au moins une reprise lors de l'inventaire sont notées par un carré orange, alors que les lieux de mortalités en 2005 sont désignés par un triangle rouge. Dans la figure de droite, les cercles verts et rouges font respectivement référence aux années 2003 et 2004. Cartes réalisées par Jean-René Moreau.....58
- Figure 21. Distance parcourue par les individus mâles (figure du haut) et par les individus femelles (figure du bas) entre deux captures successives, dans le secteur LadySmith....60
- Figure 22. Temps écoulé entre deux captures successives d'un individu mâle (figure du haut) et d'un individu femelle (figure du bas), dans le secteur LadySmith.61
- Figure 23. Résultats du test de la fermeture démographique de Stanley et Burnham (1999) pour le secteur LadySmith, obtenus à l'aide du programme CloseTest (Stanley et Richard 2005). Le test n'a pu être effectué adéquatement étant donné une taille d'échantillons trop faible.....62
- Figure 24. Comparaison de la répartition spatiale des captures lors de l'inventaire 2005 (gauche) avec celle des lieux de mortalités de l'ours noir enregistrés en 2003-2004 (droite), dans le secteur Cawood. La majorité du secteur est située sur des terres privées. Dans la figure de gauche, les stations visitées par un ours à au moins une reprise lors de l'inventaire sont notées par un carré orange, alors que les lieux de mortalités en 2005 sont désignés par un triangle rouge. Dans la figure de droite, les cercles verts et rouges font respectivement référence aux années 2003 et 2004. Cartes réalisées par Jean-René Moreau.....66
- Figure 25. Distance parcourue par les individus mâles (figure du haut) et par les individus femelles (figure du bas) entre deux captures successives, dans le secteur Cawood.68
- Figure 26. Temps écoulé entre deux captures successives d'un individu mâle (figure du haut) et d'un individu femelle (figure du bas), dans le secteur Cawood.....69
- Figure 27. Résultats du test de la fermeture démographique de Stanley et Burnham (1999) pour le secteur Cawood, obtenus à l'aide du programme CloseTest (Stanley et Richard 2005). Le test n'a pu être effectué adéquatement étant donné une taille d'échantillons trop faible.....70
- Figure 28. Comparaison de la répartition spatiale des captures lors de l'inventaire 2005 (gauche) avec celle des lieux de mortalités de l'ours noir enregistrés en 2003-2004 (droite), dans le secteur Papineau-Labelle. La majorité du secteur est située sur des terres publiques. Dans la figure de gauche, les stations visitées par un ours à au moins une reprise lors de l'inventaire sont notées par un carré orange, alors que les lieux de mortalités en 2005 sont désignés par un triangle rouge. Dans la figure de droite, les cercles verts et rouges font respectivement référence aux années 2003 et 2004. Cartes réalisées par Jean-René Moreau.....74

Figure 29. Distance parcourue par les individus mâles (figure du haut) et par les individus femelles (figure du bas) entre deux captures successives, dans la réserve faunique Papineau-Labelle.....	76
Figure 30. Temps écoulé entre deux captures successives d'un individu mâle (figure du haut) et d'un individu femelle (figure du bas), dans la réserve faunique Papineau-Labelle.....	77
Figure 31. Résultats du test de la fermeture démographique de Stanley et Burnham (1999) pour la réserve faunique Papineau-Labelle, obtenus à l'aide du programme CloseTest (Stanley et Richard 2005).....	78
Figure 32. Comparaison de la répartition spatiale des captures lors de l'inventaire 2005 (gauche) avec celle des lieux de mortalités de l'ours noir enregistrés en 2003-2004 (droite), dans le secteur Namur. La majorité du secteur est située sur des terres privées. Dans la figure de gauche, les stations visitées par un ours à au moins une reprise lors de l'inventaire sont notées par un carré orange, alors que les lieux de mortalités en 2005 sont désignés par un triangle rouge. Dans la figure de droite, les cercles verts et rouges font respectivement référence aux années 2003 et 2004. Cartes réalisées par Jean-René Moreau.....	82
Figure 33. Distance parcourue par les individus mâles entre deux captures successives dans le secteur Namur. Aucune recapture de femelle n'a été notée dans ce secteur.....	84
Figure 34. Temps écoulé entre deux captures successives d'un individu mâle dans le secteur Namur. Aucune recapture de femelle n'a été notée dans ce secteur.....	84
Figure 35. Résultats du test de la fermeture démographique de Stanley et Burnham (1999) pour le secteur Namur, obtenus à l'aide du programme CloseTest (Stanley et Richard 2005). Le test n'a pu être effectué adéquatement étant donné une taille d'échantillons trop faible.....	85
Figure 36. Étendue géographique de chacune des quatre strates (#1A, #1B, #2 et #3) définies pour estimer globalement l'abondance	89
Figure 37. Distance parcourue par les individus mâles (figure du haut) et par les individus femelles (figure du bas) entre deux captures successives, dans les six blocs d'étude.	91
Figure 38. Temps écoulé entre deux captures successives d'un individu mâle (figure du haut) et d'un individu femelle (figure du bas), dans les six blocs d'étude.....	92
Figure 39. Nombre d'ours différents capturés à une même station d'échantillonnage, dans les six blocs d'étude et pour la durée complète de l'inventaire.....	93
Figure 40. Intensité de la récolte d'ours noirs par la chasse et le piégeage dans les trois secteurs de la zone 10, entre 1998 et 2004. Les valeurs calculées pour le secteur 10-Est incluent la superficie de la réserve faunique Papineau-Labelle (1628 km ²), alors que celles du secteur 10-Sud-Ouest ne tiennent pas compte de la superficie du Parc de la Gatineau (361 km ²) (Goudreault et Toussaint 2005).....	110

- Figure 41. Liens existant entre les huit modèles CMR traditionnels pour populations fermées. La complexité des modèles diminue du haut vers le bas de la figure, pour finalement atteindre le modèle le plus simple (Mo) (White *et al.* 1982). 120
- Figure 42. Représentation fictive d'une parcelle dans laquelle la taille du domaine vital de quatre femelles (A, B, C et D) est représentée. Le point situé dans le domaine vital de la femelle C représente l'unique station d'échantillonnage de la parcelle. Le domaine vital restreint des femelles A, B et D les empêche d'accéder à la station, de sorte que leur probabilité de capture est nulle. Une source d'hétérogénéité est alors directement introduite dans la probabilité de capture des individus. 123
- Figure 43. Schéma illustrant un effet de bordure important. Presque tous les individus possèdent une partie de leur domaine vital (ellipse) à l'extérieur de la grille; la taille dite effective de la grille est beaucoup plus grande que sa taille physique (carré). L'abondance (densité) des individus est alors surestimée (White *et al.* 1982). 125
- Figure 44. Schéma illustrant un effet de bordure réduit, causé par une superficie de la grille nettement supérieure à celle du domaine vital des individus. La taille effective de la grille est similaire à sa taille physique. L'abondance estimée est alors fiable (White *et al.* 1982). 126
- Figure 45. Estimés du taux de fidélité (F) des mâles (ligne pleine) et des femelles (ligne pointillée) chez l'ours grizzly (*U. arctos*) en fonction de la superficie de la grille d'échantillonnage. Les estimés ont été obtenus à partir du modèle de Pradel et les données proviennent d'études réalisées en Colombie-Britannique entre 1996 et 1998 (Boulanger *et al.* 2002). 129
- Figure 46. Relation entre la probabilité de capture d'un individu et le coefficient de variation de l'estimé d'abondance, dans sept études CMR réalisées chez l'ours grizzly en Colombie-Britannique entre 1996 et 1998. La ligne horizontale pointillée indique le niveau acceptable de précision requis à des fins de gestion (figure modifiée de Boulanger *et al.* 2002). 132
- Figure 47. Illustration du compromis existant dans toute étude CMR. La flèche indique l'endroit où le compromis est optimisé. 132

LISTE DES ANNEXES

	<u>Page</u>
Annexe 1. Causes potentielles et effets d'une violation des postulats de base de la méthode CMR sur l'estimateur d'abondance de l'ours noir de la zone 10.....	141
Annexe 2. Identification et localisation des 28 stations d'échantillonnage retrouvées dans chacun des six blocs d'étude de l'inventaire 2005.....	142
Annexe 3. Coordonnées géographiques spatiales (UTM, NAD 83) des 168 stations échantillonnées lors de l'inventaire de l'ours noir 2005 (zone 10). Le succès de capture moyen (%) à chacune des stations est également présenté.....	148
Annexe 4. Génotypes des 256 individus échantillonnés aux différentes stations au cours des quatre semaines d'échantillonnage. Le nombre de poils de qualité utilisés dans l'extraction d'ADN est également présenté. Les données manquantes sont représentées par un espace vide.	152
Annexe 5. Identification des 26 individus dont le génotype est inconnu.....	160
Annexe 6. Identification des 151 génotypes uniques identifiés parmi les 256 génotypes analysés. Le sexe des individus est également présenté. Les histoires de capture de chaque individu, utilisées dans le programme MARK (White et Burnham 1999), sont représentées dans la colonne de droite (1 : capture de l'individu, 0 : absence de l'individu). Les données manquantes sont représentées par un espace vide.....	161

1. INTRODUCTION

Estimer l'abondance de populations d'ours a longtemps représenté un défi complexe mais a pu être réalisé grâce à des efforts soutenus (Mowat et Strobeck 2000). Les ours sont en effet de grands mammifères plutôt discrets et habitant le plus souvent à de faibles densités dans des milieux riches en végétation, sans tenir compte du danger relié à leur capture. Malgré ces difficultés, le suivi démographique des populations d'ours a toujours constitué une composante essentielle de la gestion adéquate de cet animal. La méthode CMR (capture-marquage-recapture) traditionnelle implique la capture initiale des ours pour le marquage et fait ensuite appel à l'un des outils suivants pour évaluer les recaptures : caméras sensibles au mouvement (Mace *et al.* 1994), radio télémétrie (Miller *et al.* 1997) ou encore les traceurs radioactifs (Garshelis et Visser 1997). Toutes ces techniques d'inventaire ont été progressivement délaissées depuis la reconnaissance du poil d'ours comme source potentielle d'ADN (Taberlet et Bouvet 1992). À partir de cette découverte, divers protocoles expérimentaux visant à recueillir les poils d'ours de manière non invasive (i.e. non dérangeante pour l'animal) ont été mis à l'essai et ce n'est que récemment qu'a été mis au point un procédé d'échantillonnage efficace (Woods *et al.* 1999). Ce procédé consiste à prélever des poils à différents sites d'appât disposés à l'intérieur d'une grille d'échantillonnage suivant une formule systématique (généralement 1 site/parcelle). Ces sites d'appât, munis de leurres olfactifs, sont entourés de fils de fer barbelé dont les broches retiennent les poils lors de la visite d'un ours. Grâce à ce nouveau procédé, il est désormais possible d'identifier une première fois un individu (capture et marquage) et de reconnaître son génotype multi locus lors de sessions d'échantillonnage ultérieures (recapture). Dans une perspective d'estimation de taille de population, ce marquage génétique des individus peut donc s'incorporer aisément dans un cadre théorique CMR.

Chez les Ursidés, ce mode d'échantillonnage innovateur a surtout été mis en œuvre lors de projets visant à étudier l'ours brun (*Ursus arctos*), plus particulièrement l'abondance de certaines populations d'ours grizzli présentes sur le continent nord-américain (voir Boulanger *et al.* 2002 pour une revue des principales études). Un nombre beaucoup plus restreint d'études a été réalisé chez l'ours noir (*Ursus americanus*) et ce, malgré sa vaste répartition à l'échelle continentale, les avantages évidents conférés par la nouvelle technique d'inventaire et le besoin toujours présent de connaître la taille d'une population à des fins de gestion/conservation adéquate. Au Québec par exemple, certaines régions sont aux prises depuis quelques années avec des effectifs d'ours noir en

croissance et les cas d'ours importuns y deviennent conséquemment de plus en plus fréquents. C'est notamment le cas en Abitibi-Témiscamingue, en Outaouais et dans la région du Bas-Saint-Laurent. Associée à cette croissance démographique est évidemment corrélée une probabilité accrue de rencontre et de risque pour l'être humain. En Outaouais particulièrement, de plus en plus de gens signalent de façon récurrente la présence indésirable d'ours noirs sur leur propriété et plusieurs agriculteurs se plaignent de la déprédation occasionnelle exercée par ces animaux dans leurs champs de maïs et d'avoine. Cette région du Québec renfermerait potentiellement la plus haute densité d'ours noirs de la province, soit 2,48 ours / 10 km² (MRNFP 2004). Entre 2000 et 2003, le Ministère des Ressources naturelles et de la Faune a traité en moyenne annuellement 687 plaintes concernant des ours importuns en Outaouais, essentiellement dans le secteur 10 Sud-Ouest et dans la vallée de la Gatineau (Goudreault et Toussaint 2005). À titre d'exemple, la figure 1 illustre la localisation des plaintes enregistrées en 2003 dans la zone de chasse 10. Dans un contexte de gestion, il devient par conséquent très pertinent de s'intéresser à la question de l'abondance actuelle de l'ours noir en Outaouais, d'autant plus qu'elle exerce une influence prépondérante sur les limites de récolte et sur la durée des périodes de chasse allouées à ce gibier. Les populations d'ours noir étant les plus difficiles à évaluer parmi tous les représentants de la grande faune québécoise (Goudreault *et al.* 2005), cette problématique offrait de toute évidence une opportunité d'application utile de la technique des marqueurs génétiques pour résoudre cette question.

L'objectif premier de cette étude était donc d'estimer l'abondance de l'ours noir dans différents secteurs de la zone 10 à l'aide de marqueurs génétiques (ADN) et ainsi faire suite au premier inventaire du genre à avoir été réalisé au Québec, soit celui de l'Abitibi-Témiscamingue à l'été 2001 (Courtois *et al.* 2004). Ultiment, les estimés d'abondance obtenus étaient extrapolés à l'ensemble de la zone 10, en considérant la superficie occupée par chacune des strates définies préalablement. La réalisation de cette étude rejoint directement l'un des objectifs fixés par le Ministère des Ressources Naturelles et de la Faune (secteur Faune Québec), à savoir l'amélioration des connaissances sur l'ours noir via la tenue d'inventaires (MRNFP 2004). Dans la mesure du possible, une attention particulière était portée à la comparaison des résultats de la présente étude avec ceux de l'inventaire réalisé en Abitibi-Témiscamingue, dans le but d'assurer une certaine continuité quant au suivi des populations d'ours noirs du Québec via la technique des outils moléculaires. Ce rapport, très détaillé, aborde plusieurs thèmes reliés à l'application de cette technique innovatrice en gestion animale (avantages, difficultés rencontrées en laboratoire, respect

des postulats CMR) et nous espérons que son contenu sera utile dans l'élaboration des futurs plans d'échantillonnage de l'ours noir au Québec.

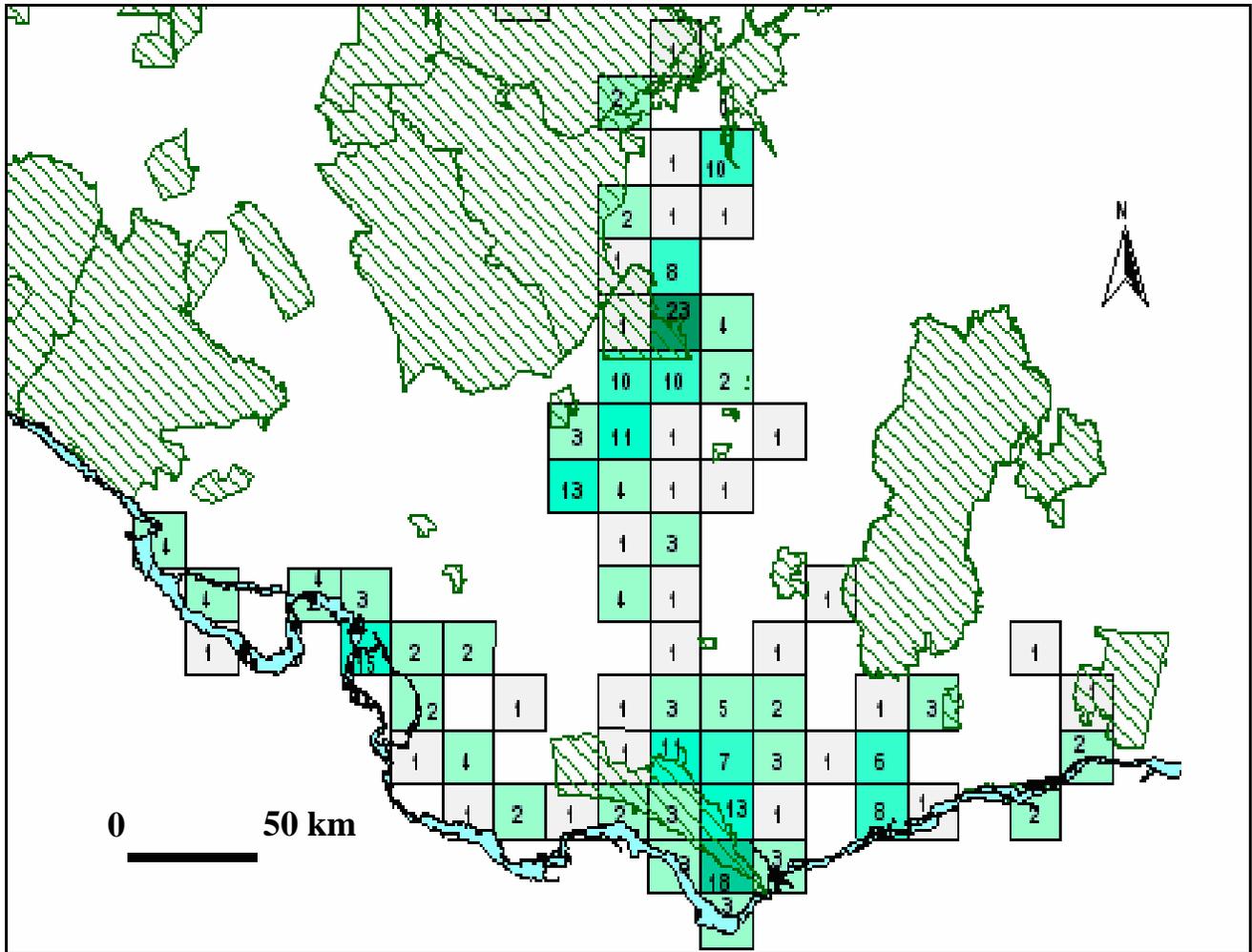


Figure 1. Localisation des plaintes pour lesquelles des actions ont été entreprises pour régler le problème des ours importuns dans la zone 10 en 2003 (Goudreault et Toussaint 2005).

2. PRÉSENTATION GÉNÉRALE DE LA ZONE D'ÉTUDE

Occupant la majeure partie de l'Outaouais, la zone 10 se divise en trois secteurs, à savoir les secteurs 10 Est, 10 Nord-Ouest et 10 Sud-Ouest (figure 2). D'une superficie totale de 23 075 km², elle est composée de deux principaux types de milieu : le milieu agricole/urbain et le milieu forestier. Regroupant le coeur de la population, le milieu agricole/urbain est situé essentiellement le long de la rivière des Outaouais et de deux de ses affluents (rivières Gatineau et du Lièvre). Il est le plus affecté par le phénomène des ours importuns (figure 1). Le milieu forestier, largement dominé par les domaines écologiques de *l'érablière à tilleul et érablière à bouleau jaune* et de *l'érablière à bouleau jaune*, s'étend sur la majeure partie du territoire et constitue le véritable habitat de l'ours noir (figure 3). Il est à noter que certains secteurs du milieu forestier chevauchent des lieux de villégiature, principalement dans l'est et le centre de la zone.

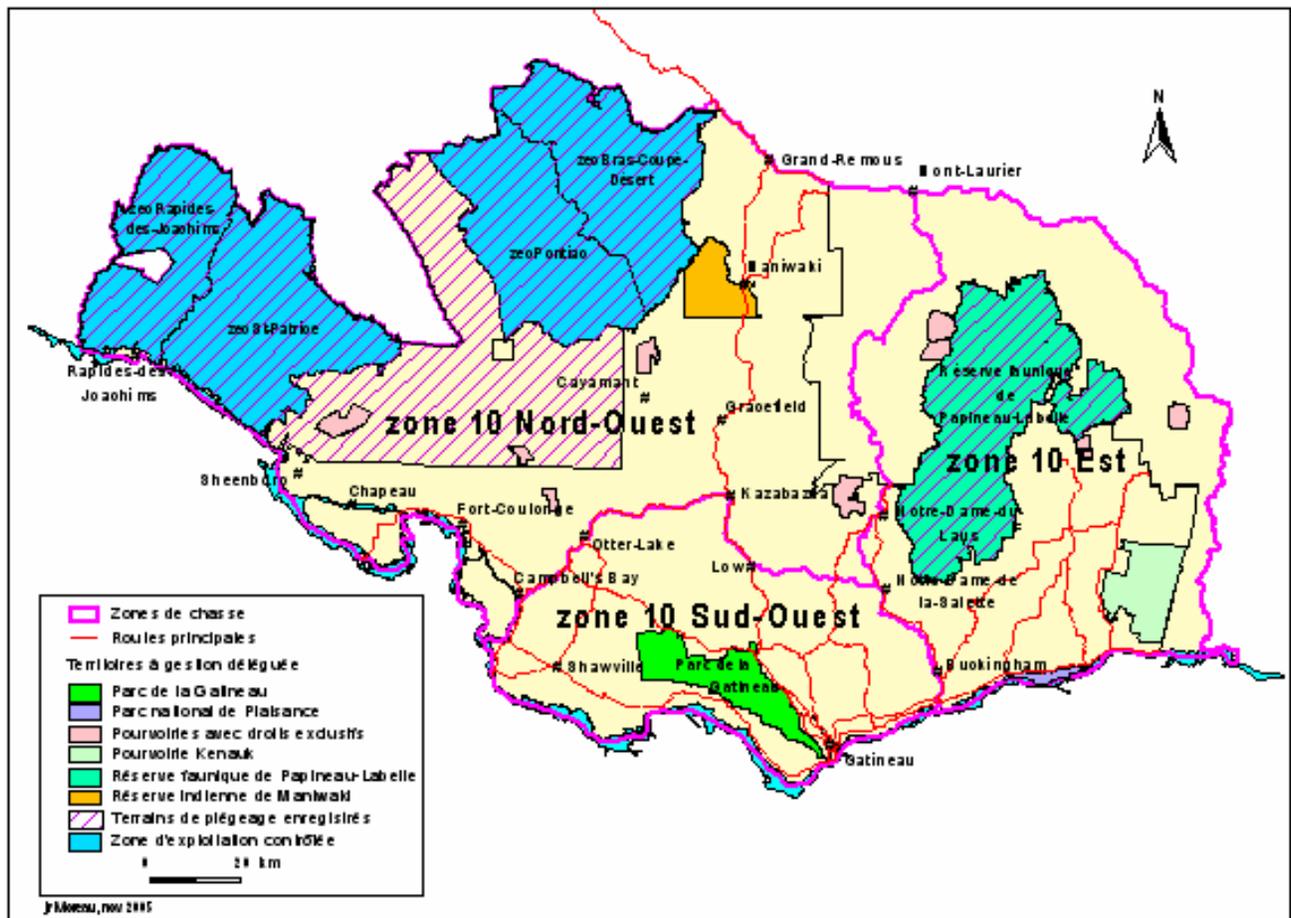


Figure 2. Délimitation des trois secteurs de chasse (en magenta) à l'intérieur de la zone 10 : secteurs Est, Nord-Ouest et Sud-Ouest. Les territoires à gestion déléguée sont également représentés. La zone 10 Sud-Ouest a été créée en 2001 (Goudreault et Toussaint 2005).

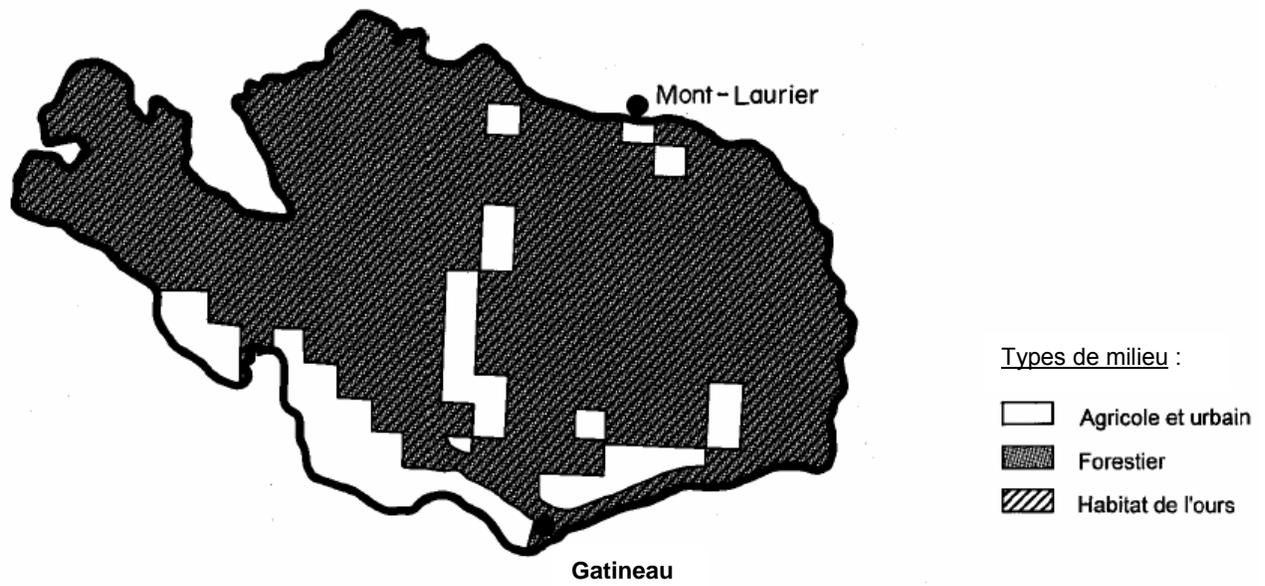


Figure 3. Étendue géographique des deux principaux types de milieu retrouvés dans la zone 10. Le milieu forestier est considéré comme étant le véritable habitat de l'ours noir (Goudreault 1998).

3. MISE EN CONTEXTE DU PROJET OUTAOUAIS 2005

Les ours noirs importuns ont toujours fait partie du paysage faunique québécois. En Outaouais, cette réalité a toutefois pris des proportions démesurées en 1995 alors qu'un nombre anormalement élevé d'ours noirs ont quitté la forêt de l'arrière-pays pour envahir les milieux agroforestier, périurbain et même urbain, augmentant du même coup les cas d'interaction avec l'être humain. Par le fait même, l'efficacité de la chasse et du piégeage a été grandement accrue par rapport à 1994, comme en témoigne la hausse marquée (213%) de la récolte d'ours via ces deux activités (figure 4), sans compter la mortalité attribuable à des fins de contrôle/accidents routiers/autres facteurs qui a plus que décuplé (figure 5). Afin de remédier à cette récolte excessive, une série de mesures restrictives affectant les activités de chasse/piégeage ont été mises en application dès l'automne 1996 et leurs effets se sont fait sentir jusqu'à l'année 2000 inclusivement. Parmi les mesures les plus importantes, mentionnons l'abolition de la chasse automnale et du commerce de la vésicule biliaire (1998), ainsi que la réduction drastique des limites de capture (quotas) et de la durée des deux activités. Ces restrictions réglementaires ont alors fait chuter considérablement la récolte d'ours noirs dans la zone 10, rejoignant ainsi le but visé par l'adoption de telles mesures.

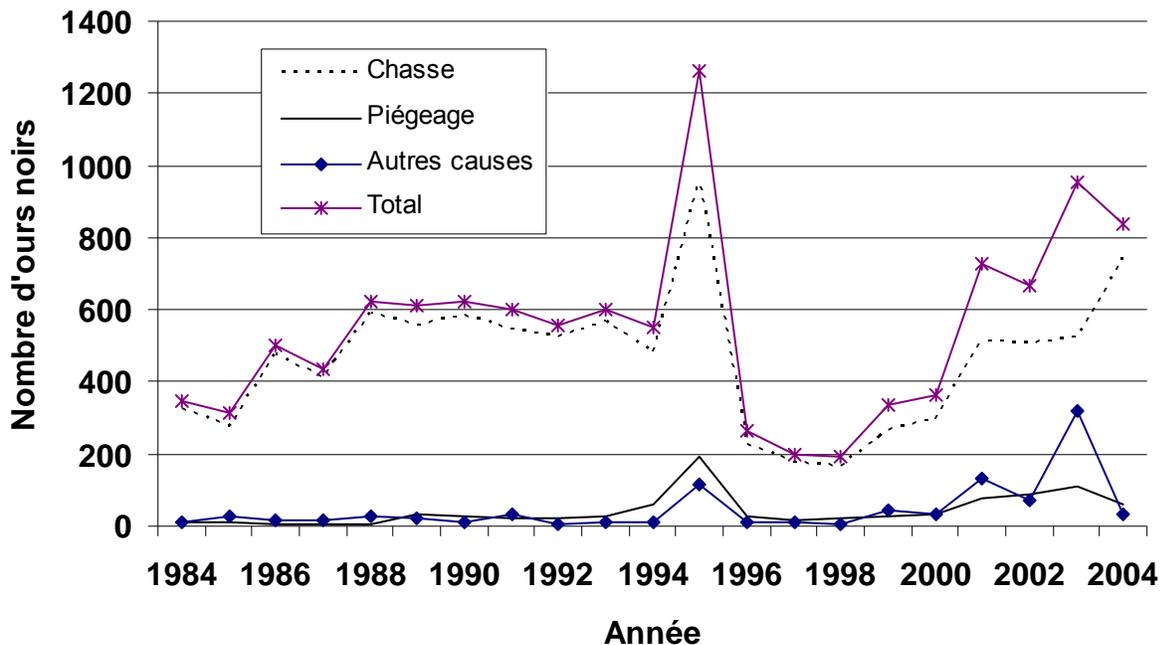


Figure 4. Évolution de la mortalité totale (toutes causes) d'ours noirs de 1984 à 2004 dans la zone 10 (Goudreault et Toussaint 2005).

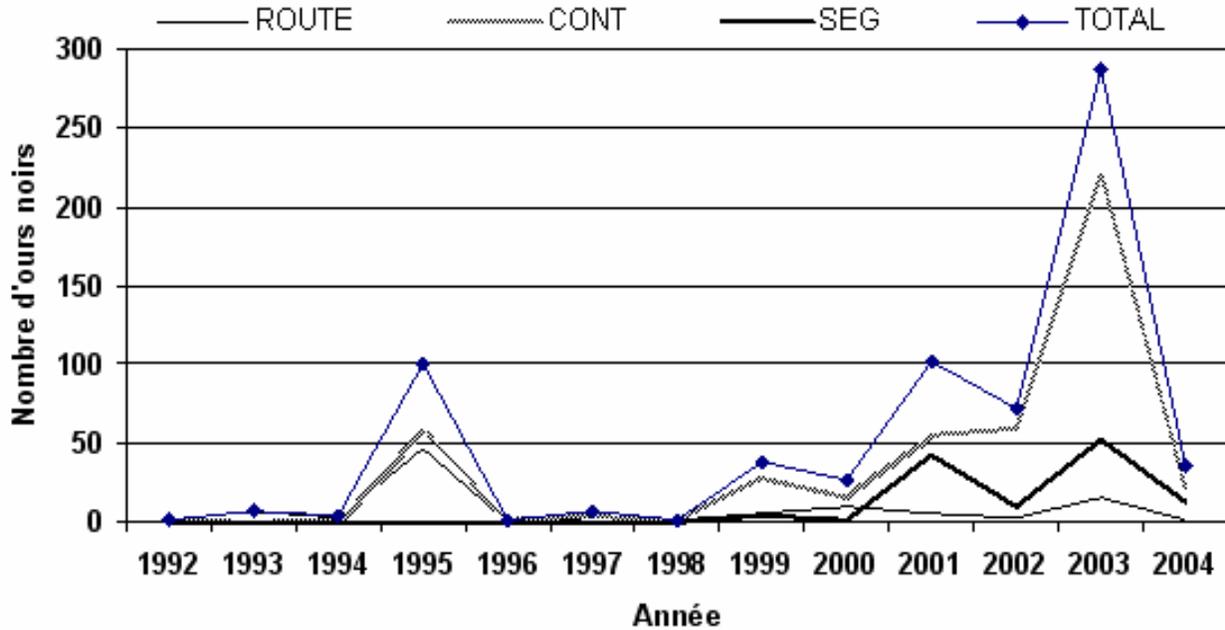


Figure 5. Évolution de la mortalité d’ours noirs par les accidents routiers (ROUTE), pour des fins de contrôle (CONT) et en vertu des permis spéciaux (SEG), pour les années 1992 à 2004 inclusivement. Les SEG sont des permis spéciaux permettant à des personnes d’abattre des ours en dehors des saisons régulières de chasse, sur des propriétés agricoles (Goudreault et Toussaint 2005).

En 2001, l’objectif de rétablissement de la population d’ours ayant été potentiellement atteint, les mesures de gestion ont été depuis progressivement assouplies dans le but de maintenir à long terme une taille de population à un niveau favorisant une récolte soutenue et attrayante. Or, depuis 2001, le niveau annuel de la récolte d’ours noirs (toutes causes confondues) a rejoint et même dépassé celui avant 1995 (figure 4), et ce en dépit de la réduction importante de la saison printanière de chasse ($\bar{u}_{1992-1995} = 65$ jours et $\bar{u}_{2001-2005} = 37$ jours) et de l’abolition de la saison automnale jusqu’en 2004. De prime abord, ce constat suggère une abondance d’ours noir plus élevée que celle anticipée, mais aucune étude n’a pu vérifier la validité de cette supposition. Combinée aux faits que les années 2001-2003 se caractérisent par une reprise inattendue des cas de mortalité liés à des fins de contrôle (figure 5) et que la tendance des efforts de capture et d’observation évolue à la baisse (figure 6), la question de l’abondance actuelle de l’ours noir en Outaouais revêt une importance capitale dans le maintien d’une gestion adéquate de ce gibier. L’intérêt soulevé par cette question est d’autant plus marqué du fait de la réinstauration de la chasse automnale en 2004 et de l’établissement de la limite de capture à 2 ours/an/chasseur (Goudreault et Toussaint 2005).

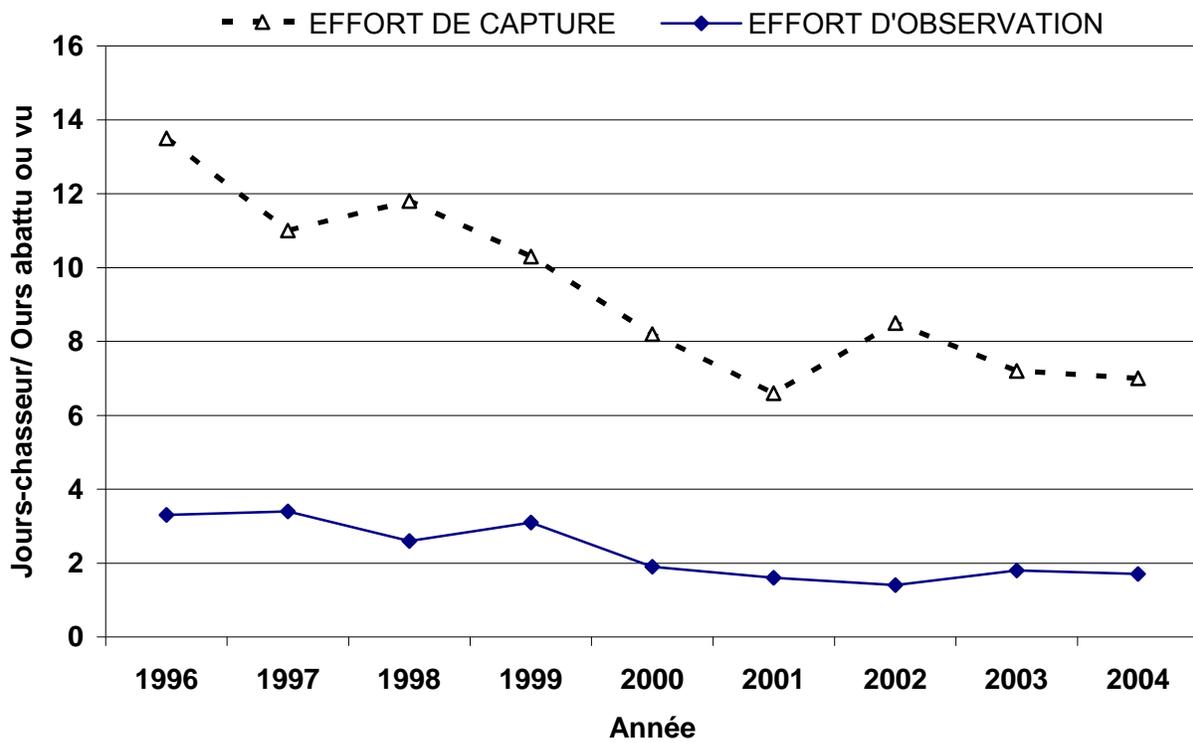


Figure 6. Évolution de l'effort de capture (jours-chasseur / ours abattu) et de l'effort d'observation (jours-chasseur / ours vu) dans la zone 10, entre 1996 et 2004 (Goudreault et Toussaint 2005).

4. MÉTHODOLOGIE

4.1 Plan d'échantillonnage et description physique des blocs d'étude

Étant donné la superficie considérable de la zone 10, il était évidemment impossible de procéder à un recensement exhaustif de la population d'ours noirs. Six grilles d'échantillonnage (ou blocs d'étude) de 500 km² ont donc été définies et réparties dans différents types d'habitat dont le niveau d'exploitation/mortalité de l'ours noir est variable. La figure 7 illustre l'emplacement des grilles d'échantillonnage à l'intérieur de la zone 10.

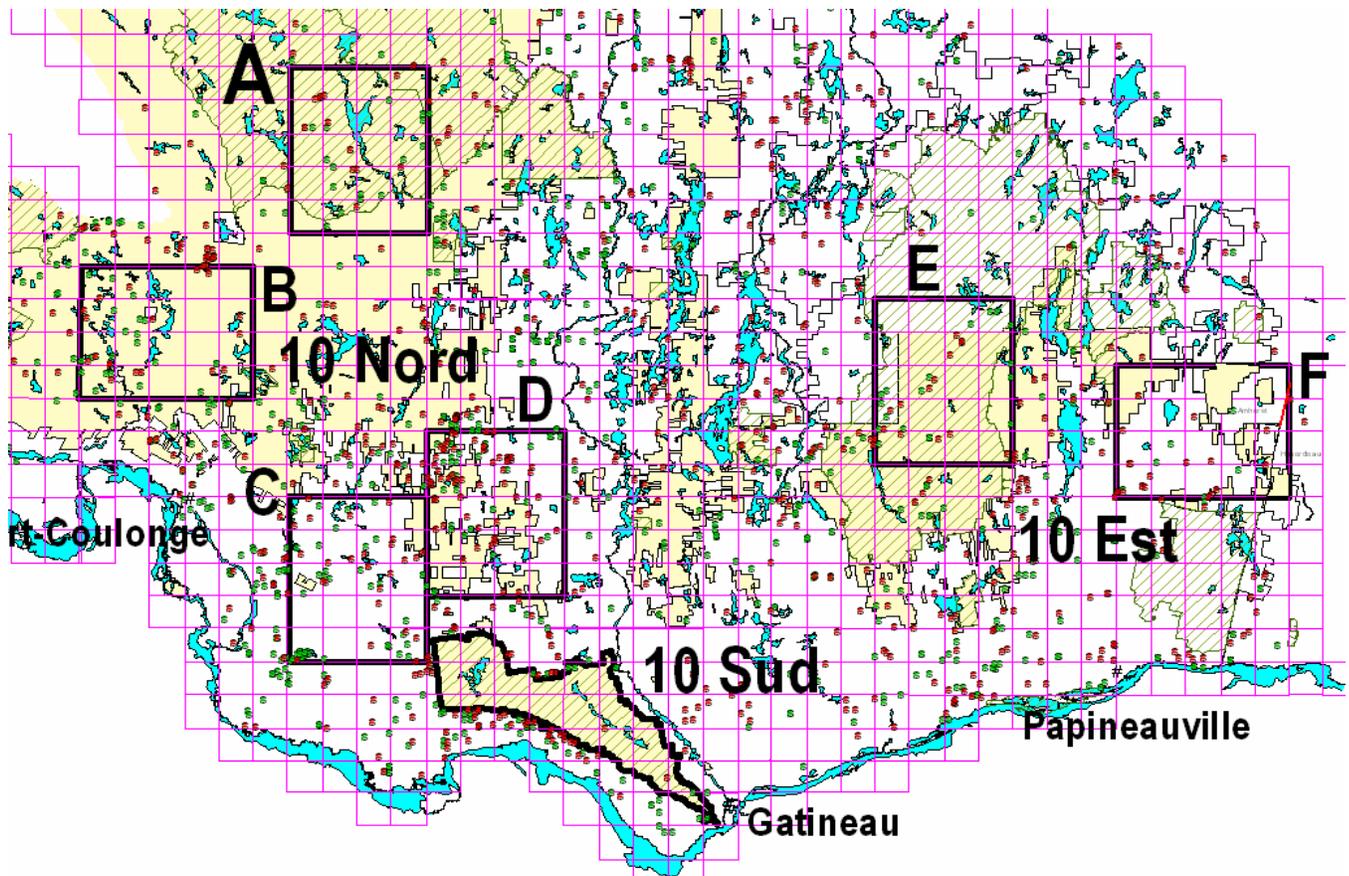


Figure 7. Localisation des six grilles d'échantillonnage réparties dans les trois secteurs de la zone 10 (A : ZEC Pontiac; B : Bois-Francis; C : LadySmith; D : Cawood; E : Réserve faunique Papineau-Labelle et F : Namur). À noter la frontière commune partagée entre les blocs C et D. Figure tirée de Goudreault *et al.* (2005).

Chacun des trois secteurs de la zone 10 renfermait donc deux blocs d'étude. Le choix des blocs d'étude était basé essentiellement sur la définition de différentes strates, à partir desquelles un estimé d'abondance de l'ours noir de la zone 10 pouvait être obtenu. La stratification était établie selon le type d'habitat et le niveau d'exploitation/mortalité de l'ours noir. Les principales caractéristiques des six blocs d'étude sont résumées dans le tableau 1.

Tableau 1. Description des six blocs d'étude de la zone 10 sur la base de facteurs physiques (type d'habitat, domaine bioclimatique) et humains (exploitation/mortalité de l'ours noir, affectation territoriale). Le type d'habitat et le niveau d'exploitation/mortalité représentent les deux facteurs retenus lors de la stratification. Le phénomène des ours importuns est particulièrement présent dans les blocs C et D.

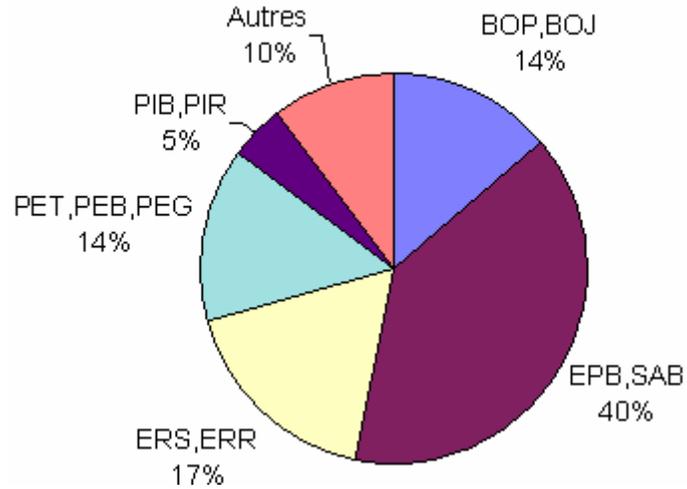
Bloc	Nom du bloc	Type d'habitat	Exploitation/mortalité	Domaine bioclimatique
A [†]	ZEC Pontiac	Forestier inoccupé	Faible	Érablière à bouleau jaune et tilleul
B [†]	Bois-Francis	Forestier inoccupé	Moyenne	Érablière à bouleau jaune et tilleul
C*	LadySmith	Agroforestier avec forte déprédation	Forte	Érablière à tilleul et érablière à bouleau jaune
D*	Cawood	Forestier avec forte villégiature	Forte	Érablière à bouleau jaune et tilleul
E [†]	Réserve faunique Papineau-Labelle	Forestier inoccupé	Faible	Érablière à bouleau jaune et tilleul
F*	Namur	Forestier avec forte villégiature	Faible	Érablière à bouleau jaune et tilleul

[†] Terres majoritairement publiques.

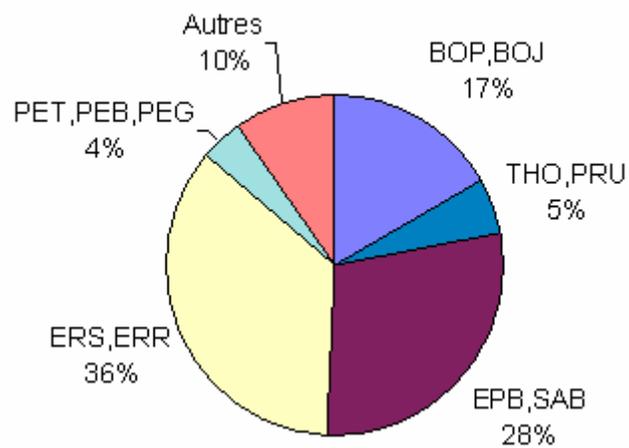
* Terres majoritairement privées.

Le milieu physique de chacun des blocs échantillonnés peut également être décrit en termes de composition des diverses espèces arborescentes (figure 8). Les espèces *Picea glauca* et *Abies balsamea* représentent les espèces dominantes dans tous les secteurs, à l'exception de Bois-Francis. Les blocs situés en milieu forestier inoccupé (A, B et E) semblent toutefois posséder une proportion relative plus élevée des espèces *Betula papyrifera* et *Betula alleghaniensis*, tandis que les blocs localisés en milieu forestier avec forte villégiature (D et F) renferment une proportion relative plus élevée des espèces *Populus tremuloides*, *P. balsamifera* et *P. grandidentata*. À noter également la présence marquée des espèces *Acer saccharum* et *Acer rubrum* dans la majorité des secteurs.

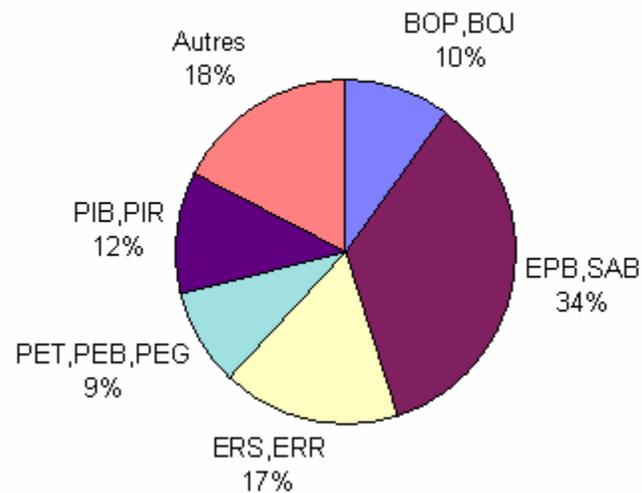
Secteur ZEC Pontiac



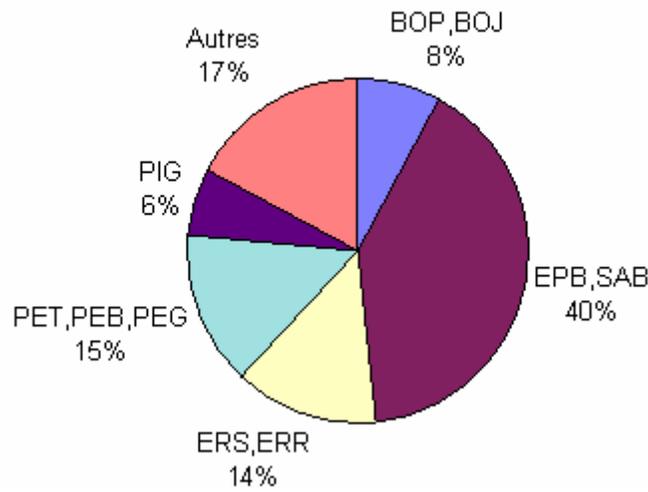
Secteur Bois-Francs



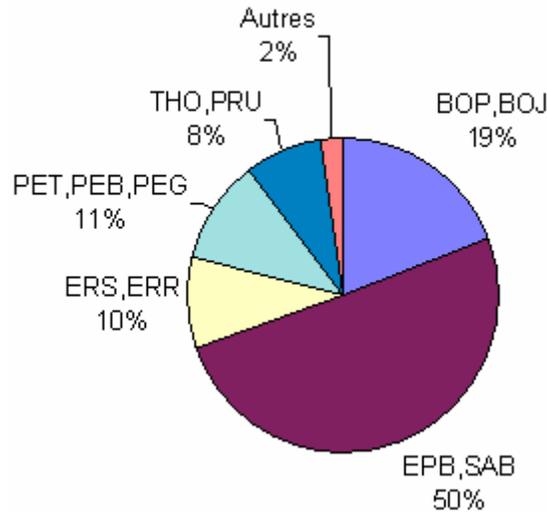
Secteur LadySmith



Secteur Cawood



Secteur Papineau-Labelle



Secteur Namur

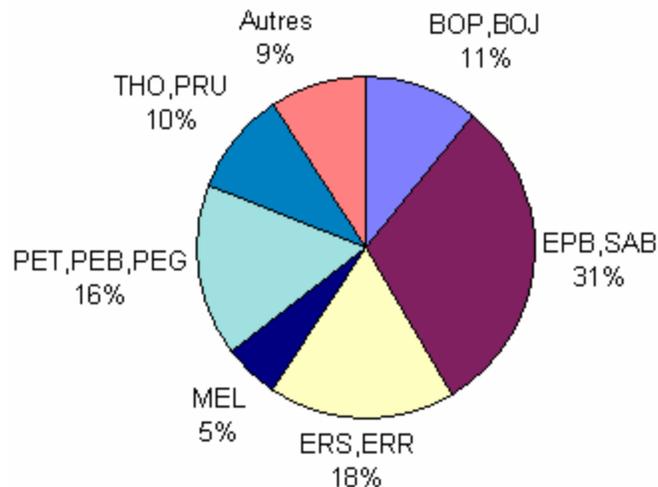


Figure 8. Composition en espèces arborescentes des six blocs d'étude de la zone 10. (BOP, BOJ : *Betula papyrifera*, *Betula alleghaniensis* ; EPB, SAB : *Picea glauca*, *Abies balsamea* ; ERS, ERR : *Acer saccharum*, *Acer rubrum* ; MEL : *Larix laricina* ; PET, PEB, PEG : *Populus tremuloides*, *Populus balsamifera*, *Populus grandidentata* ; PIB, PIR : *Pinus stroba*, *Pinus resinosa* ; PIB, PIR : *Pinus stroba*, *Pinus resinosa* ; PIG : *Pinus divaricata*; THO, PRU : *Thuja occidentalis*, *Prunus sp.*).

4.2 Critères de définition des blocs d'étude

Une fois les strates définies, la prochaine étape consistait à déterminer la superficie des grilles d'échantillonnage et à les positionner dans l'espace géographique de la zone 10. Ces choix ont essentiellement été effectués dans le but de minimiser le degré de violation des trois prémisses de la méthode CMR, à savoir la fermeture démographique, la fermeture géographique et l'équiprobabilité de capture des individus. Le respect de ces prémisses est très important pour l'obtention d'estimés d'abondance non biaisés et précis. La fermeture démographique signifie qu'il y a absence de phénomènes de natalité, de mortalité, d'immigration et d'émigration au cours de la période d'échantillonnage. La fermeture géographique, souvent associée à l'effet de bordure, fait référence à l'absence d'individus dont le domaine vital chevauche les limites des grilles d'échantillonnage. Enfin, l'équiprobabilité de capture fait allusion au fait que tous les individus situés à l'intérieur de la grille doivent posséder la même probabilité de capture et ce, durant toute la durée de l'inventaire. Différents modèles CMR permettent de considérer certaines violations de la dernière prémisses. L'annexe 1 fournit des informations supplémentaires en lien avec ces prémisses.

Le choix de la superficie des grilles d'échantillonnage est lié à la prémisses de la fermeture géographique (effet de bordure). Dans un tel contexte, il faut chercher à maximiser le ratio « superficie de la grille d'échantillonnage / taille du domaine vital moyen des femelles » (Boulienger *et al.* 2002). Dans le présent inventaire, il avait été jugé raisonnable de fixer la superficie des grilles à 500 km², soit une superficie environ dix fois supérieure à celle du domaine vital moyen des femelles (environ 45 km², Jolicoeur 2004). La position des grilles d'échantillonnage à l'intérieur de l'espace géographique de la zone 10 cherchait à minimiser les phénomènes d'immigration et d'émigration, tout en tenant compte de leur accessibilité par les équipes de terrain. À cette fin, les grilles d'échantillonnage ont été délimitées autant que possible à l'aide d'obstacles physiques (plans d'eau, champs agricoles, routes), réduisant ainsi les possibilités d'entrée et de sortie des ours. Afin de maximiser la fermeture démographique des populations, la période d'échantillonnage a été restreinte à quatre semaines consécutives durant l'été 2005 (11 juillet - 4 août), soit à l'extérieur de la période de mise bas (janvier/février) et des deux saisons de chasse (15 mai - 30 juin et 24 septembre - 13 novembre, Ministère des Ressources naturelles et de la Faune 2005). Dans le but de favoriser l'équiprobabilité de capture des individus, chaque grille a été divisée suivant une formule systématique (20 parcelles de 25 km²) et une station d'échantillonnage a été installée dans chaque

parcelle, à l'exception de deux parcelles par grille qui elles contenaient cinq stations (annexe 2). Ces stations additionnelles visaient à mieux cerner l'ampleur des déplacements des ours tout au long de l'étude. Chaque grille contenait donc 28 sites d'appât ou stations d'échantillonnage ($n_{\text{total}} = 168$), équidistants autant que possible les uns des autres (figure 9). Le choix final de la position des stations à l'intérieur de chaque parcelle était lié aux éléments physiques (relief, plan d'eau, etc.) et à l'affectation territoriale (propriété publique/privée). Les éléments suivants étaient notés à chaque station : coordonnées UTM (NAD 83), accessibilité (distance et type de route, fréquence de circulation), type de milieu, surface terrière, présence de petits fruits et distance d'un cours d'eau.

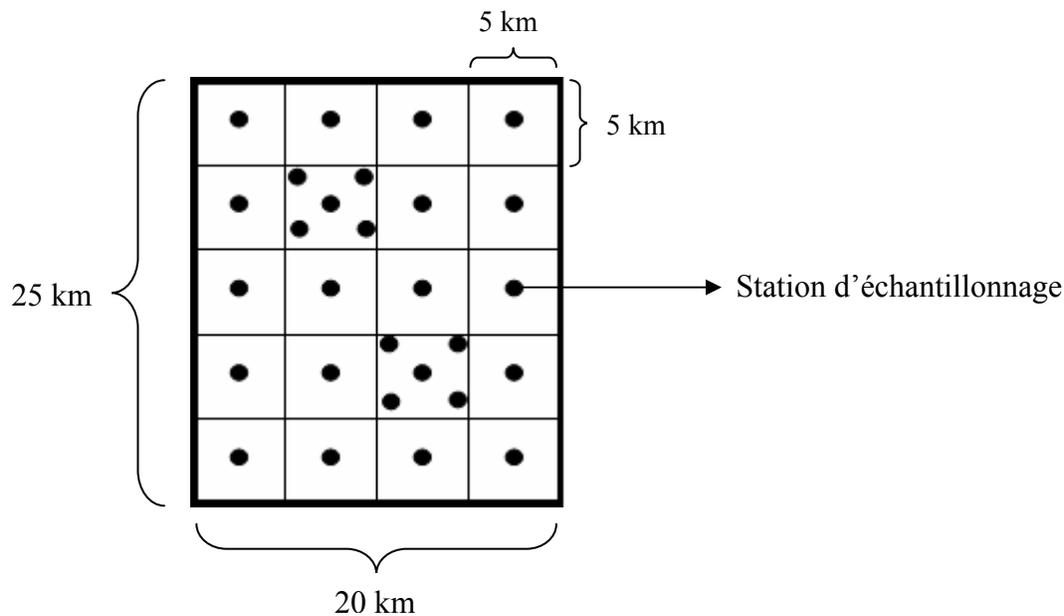


Figure 9. Répartition théorique des 28 stations d'échantillonnage dans les parcelles de 25 km², à l'intérieur de chaque grille échantillonnée. La distance théorique entre les stations variait entre 4,0 et 6,8 km (Goudreault *et al.* 2005).

4.3 Collecte des échantillons de poils

La collecte des échantillons de poils était réalisée à l'aide de pièges en triangle mis au point à l'été 2000 (Lemieux et Desrosiers 2002, figure 10), entre le 11 juillet et le 4 août 2005. Un leurre olfactif (chair de phoque en décomposition) contenu dans une chaudière de plastique et vaporisé sur les arbres entourant le site d'appât était également utilisé. Chaque station était visitée suivant un horaire hebdomadaire par les équipes de terrain et la présence de poils était détectée à l'aide d'une feuille blanche placée en dessous des broches barbelées. À l'aide de gants, tous les poils prélevés

d'un même côté du triangle de fil de fer barbelé étaient déposés dans une enveloppe (= 1 échantillon) pour vérifier l'hypothèse « 1 ours = 1 station ». Cette précaution avait pour but de diminuer les risques liés à la présence potentielle d'ours multiples à une même station, particulièrement dans les secteurs où la densité d'ours est supposément importante (blocs A, B et E). Les broches barbelées étaient stérilisées au flambeau afin d'assurer l'indépendance temporelle des échantillons récoltés. Les enveloppes de poils étaient ensuite ouvertes le soir venu dans le but de retirer toute humidité susceptible de déclencher l'activité d'enzymes dégradant l'ADN (Foran *et al.* 1997). Enfin, les poils étaient dénombrés et déposés dans du papier sec, avant d'être remis dans une nouvelle enveloppe entreposée dans un sac hermétique contenant au moins un sachet de dessiccatifs. Lors des visites aux différentes stations, les observateurs notaient les indices de la présence potentielle d'ours tels que les poils, les pâtisseries mangées, les leurres arrachés, les traces et les excréments sur le sol, de même que les marques de griffes retrouvées sur certains arbres. La présence du raton laveur (*Procyon lotor*) était également notée, le cas échéant.



Figure 10. Illustration d'un site d'appât. Les poils étaient prélevés sur les fils barbelés. (Justin Roy)

4.4 Analyse génétique des échantillons et analyse numérique des données

Avant même de procéder à l'analyse génétique des échantillons de poils, cinq catégories d'échantillons, basées sur le nombre de poils de qualité contenus dans les enveloppes, étaient définies : catégorie 1 {1 et 2 poils}, catégorie 2 {3 et 4 poils}, catégorie 3 {5 et 6 poils}, catégorie 4 {7, 8 et 9 poils} et catégorie 5 {10 poils et plus}. Un poil de qualité se définissait comme étant un poil de garde possédant une racine bien distincte, de laquelle était extrait l'ADN. Cette catégorisation des échantillons constitue l'élément clé de la démarche expérimentale adoptée dans la présente étude. Les éléments de cette section décrivent d'abord chacune des étapes qui a été menée en laboratoire, de l'étude préliminaire jusqu'à l'obtention finale des génotypes, en passant par la méthodologie innovatrice qui a été développée pour analyser adéquatement les échantillons mixtes (ours multiples). Les méthodes d'analyse numérique des données sont également présentées à la fin de cette section.

4.4.1 Étude préliminaire

Le but premier de l'étude préliminaire (11 août au 22 octobre 2005) était d'évaluer le polymorphisme d'une liste prédéterminée de locus microsatellites afin d'identifier les marqueurs possédant une grande variabilité génétique. L'objectif ultime était d'employer les marqueurs sélectionnés dans les analyses génétiques ultérieures avec les échantillons de poils, grâce à leur haute efficacité dans l'assignation de génotypes uniques (étiquettes moléculaires). Cette étude préliminaire, réalisée à l'aide d'un analyseur d'images numérisées (FMBIO), se voulait également un outil d'exploration en ce qui a trait à l'identification des conditions PCR optimales pour chacun des marqueurs analysés (ex. température d'appariement et concentration des amorces, concentration de $MgCl_2$). Ainsi, les conditions optimales identifiées par ces analyses préliminaires avaient servi de point de départ lorsque les échantillons de poils ont été testés pour la première fois sur le séquenceur ABI 3100 à l'aide d'amorces fluorescentes.

Dans le cas présent, les 25 marqueurs microsatellites développés à ce jour chez les Ursidés ont été testés à partir de biopsies provenant de 21 ours noirs prélevés lors de la saison de chasse printanière 2005 en Outaouais. Ces tissus provenaient essentiellement de la réserve faunique Papineau-Labelle et de territoires non structurés situés dans les MRC Vallée-de-la-Gatineau et

Pontiac. Des études antérieures avaient déjà noté un niveau relativement élevé de variabilité génétique chez la majorité des marqueurs testés (Paetkau *et al.* 1998a; Triant *et al.* 2004). Le choix d'avoir recours aux tissus comme matériel de base plutôt que des poils était motivé par leur riche contenu en ADN. Celui-ci avait d'abord été isolé suivant un protocole d'extraction aux sels (Aljanabi et Martinez 1997) et ensuite dilué, avant utilisation, suivant un ratio 1 : 10 (i.e. 1 µl ADN concentré pour 9 µl H₂O). Portant le plus souvent l'appellation « G10... » ou « UarMU... », les marqueurs microsatellites testés ont été développés initialement chez l'ours noir (Paetkau et Strobeck 1994; Paetkau *et al.* 1995; Paetkau *et al.* 1998b) et l'ours brun (Taberlet *et al.* 1997). La sélection des locus les plus polymorphes avait été effectuée à l'aide du calcul de la probabilité d'identité entre individus apparentés ($P_{(ID)frère-sœur}$, Woods *et al.* 1999), selon l'équation suivante (tirée de Taberlet et Luikart 1999) :

$$P_{(ID)frère-sœur} = 0,25 + (0,5 \sum p_i^2) + [0,5 (\sum p_i^2)^2] - (0,25 \sum p_i^4), \text{ où } p_i \text{ est la fréquence de l'allèle } i$$

En bref, cette formule permet de mesurer la probabilité que deux individus apparentés au niveau frère et sœur partagent exactement le même génotype, soit la probabilité qu'ils puissent être confondus lors de l'analyse CMR (phénomène nommé « effet d'ombrage »). Ainsi, plus cette probabilité est faible à un locus donné (situation notamment créée par une très grande diversité allélique), meilleure est la capacité du marqueur à apposer une étiquette génétique unique aux différents individus échantillonnés dans la population. Il est possible de multiplier ces probabilités entre elles afin d'obtenir une probabilité applicable à l'échelle du génotype multi locus. Le tableau 2 présente la liste des marqueurs testés dans l'étude préliminaire ainsi que la probabilité d'identité, individuelle et cumulative, qui leur était associée. Dans la littérature scientifique, il est généralement admis qu'une valeur cumulative de $P_{(ID)frère-sœur} < 0,01$ est nécessaire dans toute étude CMR visant à estimer la taille d'une population animale (Mills *et al.* 2000). Par conséquent, à la lumière des résultats présentés au tableau 2, il a été décidé de poursuivre l'étude génétique avec 12 marqueurs, soit :

- 1) G10C, G10H, G10L, G10M, G10B, G10P, G1D;
- 2) UarMU10, UarMU09, UarMU50, UarMU15 et UarMU23.

Grâce à la combinaison des marqueurs retenus, il ne faisait aucun doute que l'effet d'ombrage était réduit à un niveau quasi nul (inférieur à 1/170 000) et que deux ours, même frères ou soeurs, pouvaient être aisément distingués sur la base de leur génotype multi locus. Il est à noter que même si le locus UarMU23 n'avait pu être évalué adéquatement avec l'analyseur d'images FMBIO, il était jugé pertinent de le conserver dans la suite des analyses car il semblait présenter une importante étendue allélique (i.e. une différence notable entre le plus court et le plus long allèle enregistré).

Tableau 2. Valeurs individuelles et cumulatives des probabilités d'identité frère-soeur associées aux différents marqueurs testés. Les locus sont classés en ordre décroissant d'après leur capacité à assigner un génotype unique. Les locus G10J, G10O, UarMU11, UarMU26, UarMU51 et UarMU63 ne sont pas considérés étant donné leur très faible polymorphisme ou l'absence de patron allélique.

Locus	P_{(ID)frère-soeur}	P_{(ID)frère-soeur} cumulative	Patron allélique
UarMU10	0.3038	0.3038	Excellent
G10C	0.3065	0.0931	Très beau
UarMU09	0.3076	0.0287	Excellent
G10H	0.3156	0.0090	Très beau
G10L	0.3164	0.0029	Très beau
UarMU50	0.3186	0.0009	Excellent
UarMU61	0.3327	0.0003	Très laid
G10M	0.3415	0.0001	Excellent
G10U	0.3566	0.0000	Très laid
G10B	0.3591	0.0000	Beau
G10X	0.3644	0.0000	Très beau
UarMU59	0.3653	0.0000	Très laid
G10P	0.3674	0.0000	Difficile à évaluer
G1D	0.3692	0.0000	Très beau
UarMU64	0.3910	0.0000	Beau
UarMU15	0.3910	0.0000	Excellent
UarMU05	0.4582	0.0000	Très laid
G1A	0.5316	0.0000	Très laid
UarMU23*	non calculé	non calculé	Difficile à évaluer

4.4.2 Optimisation des marqueurs sur le séquenceur ABI 3100

Jusqu'à présent, seuls les tissus avaient été employés pour faire les tests génétiques étant donné leur plus forte concentration d'ADN relativement aux poils. Il fallait maintenant vérifier que les conditions PCR développées à partir de ces tissus puissent également être appliquées, sans trop de modifications, aux échantillons de poils analysés sur le séquenceur ABI 3100 (Applied Biosystems Inc.). Avant de débiter les tests génétiques avec les échantillons de poils (25 octobre au 22 décembre 2005), il importait de définir un code favorisant leur identification ultérieure rapide. Ainsi, le code adopté tout au long de l'étude possédait la structure suivante :

Code = nom du bloc d'échantillonnage (abrégié) / numéro de la station visitée / côté du barbelé de la provenance des poils (G/D) / semaine d'échantillonnage (A, B, C ou D)

Les abréviations servant à désigner les blocs d'échantillonnage ainsi que les semaines de terrain étaient les suivantes :

<u>Blocs</u>	<u>Semaines</u>
- ZEC Pontiac : ZP	- 11 au 14 juillet 2005 : SeA
- Bois-Francs : BF	- 18 au 21 juillet 2005 : SeB
- LadySmith : LD	- 25 au 28 juillet 2005 : SeC
- Cawood : CW	- 1 au 4 août 2005 : SeD
- Réserve faunique Papineau-Labelle : PL	
- Namur : NA	

Par exemple, l'échantillon ayant été prélevé la première semaine à la station 03, côté gauche, dans le secteur LadySmith possédait le code « LD03G SeA ». Il est important de ne pas confondre le numéro d'une station et le côté de prélèvement des poils sur le fil barbelé. Ainsi, la station « CW16DD SeC » désignait un échantillon prélevé au cours de la troisième semaine à la station 16D, côté droit, dans le secteur Cawood. Un numéro d'identification (ID) unique était également assigné à chaque échantillon de poils extrait, dans le but de retracer aisément cet échantillon par la suite. Ainsi, deux échantillons de poils provenant de la même enveloppe possédaient le même code,

mais différaient nécessairement par leur numéro d'identification. Ce système s'est avéré particulièrement utile dans la présente étude étant donné le nombre relativement élevé d'enveloppes pour lesquelles un minimum de deux extractions d'ADN était nécessaire (ex. cas d'ours multiples).

Le système d'identification des échantillons étant en place, les premiers essais avec les poils pouvaient débiter. L'ADN était d'abord extrait des racines de poils à l'aide du protocole de la compagnie QIAGEN « DNeasy Protocol for Animal Tissues » (Qiagen Inc., Valencia, Californie). Les volumes d'élution d'ADN considérés étaient 60 μ l (1 ou 2 poils), 70 μ l (3 ou 4 poils), 75 μ l (5 ou 6 poils), 80 μ l (7, 8 ou 9 poils) et 100 μ l (10 poils et plus). Chacun des 12 locus était ensuite amplifié individuellement grâce à la réaction en chaîne de la polymérase (PCR), puis analysé sur le séquenceur ABI 3100 afin d'évaluer la qualité de son patron allélique. À l'exception de trois locus dont l'intensité de la fluorescence était plutôt faible, tous présentaient alors des résultats très satisfaisants. L'étape suivante était d'établir les groupes (kits) de locus qui seraient éventuellement analysés sur le séquenceur ABI 3100 de façon simultanée. Ces kits avaient pour but d'augmenter l'efficacité des manipulations et de réduire considérablement le temps associé à l'analyse des données. Leur formation reposait sur la combinaison de locus possédant une couleur différente au niveau de l'amorce fluorescente et/ou présentant des allèles dont l'étendue ne se chevauchait pas. Deux kits de six locus avaient été initialement proposés, mais divers imprévus avaient entraîné subséquemment une modification majeure de leur composition : intensité de la fluorescence devenue trop faible pour certains locus, interférence entre les allèles des différents locus, dégradation fréquente de la qualité des patrons alléliques et apparition soudaine de pics parasites nuisant à la bonne lecture des allèles. Ces difficultés avaient évidemment nécessité la mise en oeuvre d'une série de tests visant à les éliminer définitivement. Plus précisément, il fallait procéder d'une part à une optimisation intensive des recettes PCR de tous les marqueurs problématiques (adaptée cette fois-ci au contexte même du séquenceur 3100) et d'autre part à un réarrangement des kits de locus. Le tableau 3 résume l'information concernant les recettes PCR optimisées.

Tableau 3. Détails des 10 recettes PCR utilisées pour amplifier l'ADN extrait des échantillons de poils d'ours noir 2005, zone 10. Les locus employés sont de type microsatellite.

Locus	T _{opt} (°C)	Tris-HCl (mM)	Triton-X (%)	KCL (mM)	MgCl ₂ (mM)	dNTP (μM)	Amorces (μM)	Taq (μL)	BSA (mg/ml)	ADN (μL)	Volume PCR (μL)
MU15	56.0	10.0	0.1	50.0	0.8	66.7	0.3	1.6	0.1	1.5	15.0
G1D	56.0	10.0	0.1	50.0	1.9	66.7	0.2	1.0	0.1	1.5	15.0
G10H	59.0	10.0	0.1	50.0	1.9	66.7	0.2	1.0	0.1	1.5	15.0
MU09	60.0	10.0	0.1	50.0	1.0	66.7	0.3	1.5	0.1	1.5	15.0
MU50	55.0	10.0	0.1	50.0	2.0	83.3	0.5	1.6	0.1	1.5	15.0
G10L	56.0	10.0	0.1	50.0	1.9	66.7	0.3	2.0	0.1	1.5	15.0
G10P	58.0	9.1	0.1	45.4	1.5	75.8	0.4	1.3	0.1	1.5	16.5
MU23	55.0	10.0	0.1	50.0	1.2	83.3	0.5	2.0	0.1	1.5	15.0
MU10	59.0	10.0	0.1	50.0	1.2	66.7	0.3	2.5	0.1	1.5	15.0
G10M	62.0	10.0	0.1	50.0	1.6	66.7	0.3	0.6	0.1	1.5	15.0

Suite à l'optimisation des recettes PCR, quatre nouveaux kits totalisant 10 marqueurs ont été définis; G10B et G10C ont en effet été délaissés dû à une très grande variabilité dans la qualité des résultats. La description complète des quatre kits de marqueurs, appliqués à l'ensemble des échantillons de poils dans le cadre du projet Outaouais 2005, était la suivante : (les volumes associés aux locus font référence aux produits PCR)

- **Kit 1 :**

Temps d'injection des capillaires sur le séquenceur 3100 : 35 secondes.

Recette : Prendre 1 μl du mélange suivant et l'ajouter à 10 μl de formamide/ROX 500: 1,5 μl MU15 (bleu) + 2,5 μl G1D (bleu) + 2,5 μl G10H (bleu) + 2,5 μl MU09 (jaune).

- **Kit 2 :**

Temps d'injection des capillaires sur le séquenceur 3100 : 35 secondes.

Recette : Prendre 1 μl du mélange suivant et l'ajouter à 10 μl de formamide/ROX 500: 6,0 μl MU50 (vert) + 4,0 μl G10L (jaune).

- **Kit 3 :**

Temps d'injection des capillaires sur le séquenceur 3100 : 35 secondes.

Recette : Ajouter 10 µl de formamide/ROX 500 à 1,0 µl MU23 (vert) et 3,0 µl G10P (bleu).

- **Kit 4 :**

Temps d'injection des capillaires sur le séquenceur 3100 : 125 secondes.

Recette : Ajouter 10 µl de formamide/ROX 500 à 2,5 µl MU10 (vert) et 3,0 µl G10M (vert).

En résumé, pour chacun des locus, les éléments clés de la démarche expérimentale respectée se résumaient essentiellement en quatre étapes :

- 1- Déterminer la température optimale d'appariement des amorces durant les cycles de la PCR. Toujours travailler avec cette température pour la suite des tests d'optimisation.
- 2- Optimiser le profil des patrons alléliques en testant différentes concentrations de MgCl₂ dans la recette PCR, sans oublier l'ajout de « BSA ». Des extractions d'ADN réalisées avec 10 poils sont recommandées pour ce type de test.
- 3- Déterminer le volume optimal d'ADN polymérase « Taq » (enzyme de la PCR permettant l'amplification de l'ADN) pour chacun des marqueurs. Cette étape fut déterminante dans la lecture d'allèles ayant une intensité de fluorescence suffisamment élevée pour être adéquatement analysés, en particulier lorsque le nombre de poils dans l'extraction d'ADN était peu élevé (moins de 4 poils).
- 4- Déterminer les meilleures combinaisons de locus à analyser simultanément sur le séquenceur ABI 3100. Varier le temps d'injection des capillaires de l'appareil peut aider à obtenir de meilleurs résultats (i.e. intensité de fluorescence plus élevée sans détérioration du patron allélique).

4.4.3 Étude pilote

L'optimisation des marqueurs étant terminée, la prochaine étape consistait à analyser les 435 échantillons de poils prélevés à 264 stations au cours des quatre semaines d'échantillonnage. Avant d'entreprendre cette étape, il fallait cependant déterminer le taux d'erreur de génotypage associé aux échantillons, en effectuant une étude pilote (28 décembre 2005 au 13 janvier 2006). Cette étude pilote visait à obtenir de l'information globale (i.e. sans précision extrême, simplement un survol) sur un aspect bien particulier du projet de recherche, soit le taux d'erreur de génotypage, élément central de toute étude employant du matériel non invasif (ex. poils, fèces). Non seulement allait-il directement influencer la méthodologie appliquée aux échantillons de poils, mais il constitue le reflet même du degré de confiance portée envers les résultats de l'étude (Pompanon *et al.* 2005). Évidemment, plus ce taux d'erreur est élevé, moins grande est la confiance portée envers les résultats. Dans le cas du présent projet, il était évidemment essentiel de maximiser cette confiance car la qualité des estimés d'abondance était directement liée à une identification juste des nouvelles captures et des recaptures. Un taux d'erreur élevé pourrait biaiser considérablement ces estimés.

À titre informatif, les erreurs de génotypage proviennent du fait que le matériel non invasif est souvent de piètre qualité (ex. humidité avec les poils) et renferme généralement de très faibles quantités d'ADN (souvent de l'ordre du picogramme, Taberlet *et al.* 1996). Dans de telles circonstances, deux types d'erreurs sont hautement susceptibles de se produire : échec d'amplification d'un allèle et lecture de faux allèle(s). Dans le premier scénario, l'un des allèles à un locus n'est pas amplifié et il en résulte la reconnaissance de génotypes homozygotes chez des individus en réalité hétérozygotes. Dans le second scénario, l'un des allèles à un locus n'est pas amplifié correctement et sa taille allélique s'en trouve généralement réduite, créant également un faux génotype. Le premier scénario est habituellement plus fréquent que le second, mais leur ampleur varie grandement d'une étude à l'autre suivant la source d'ADN utilisée et l'espèce étudiée (Broquet et Petit 2004).

Le taux d'erreur de génotypage étant fortement associé au contenu d'ADN (Taberlet *et al.* 1999), il était convenu que le nombre de poils de garde représentait un indicateur indirect mais fiable de ce contenu d'ADN. Par conséquent, pour chacune des cinq catégories de poils décrites précédemment, sept des dix locus retenus dans la présente étude (soit MU15, G1D, G10H, MU23,

MU09, MU50 et G10L) étaient amplifiés sept fois chacun à partir des poils contenus dans 20 enveloppes (enveloppes possédant >30 poils de qualité et couvrant les quatre semaines d'échantillonnage). Le nombre d'amplifications privilégié (sept) faisait suite aux recommandations de Taberlet *et al.* (1996), qui mentionnent que dans les cas extrêmes où le taux d'échec d'amplification d'un allèle est aussi élevé que 50%, il faut effectuer jusqu'à sept PCR afin de réduire ce taux d'erreur à moins de 1% (ou $0,5^7 \leq 1\%$). Cette approche (nommée approche des tubes multiples) est purement probabiliste et ce faisant, elle fournit une mesure quantitative du degré de confiance portée envers les résultats. À des fins de calcul du taux d'erreur pour les cinq catégories de poils, le génotype consensus (de référence) correspondait à celui observé le plus souvent lorsque 10 poils étaient employés dans l'extraction d'ADN. Dans le cadre de la présente étude, les différents taux d'échec d'amplification d'un allèle et de faux allèles sont respectivement les suivants :

- Catégorie 1 (1 et 2 poils) : 6,25% et 5,85%
- Catégorie 2 (3 et 4 poils) : 0,67% et 1,28%
- Catégorie 3 (5 et 6 poils) : 0,36% et 0%
- Catégorie 4 (7, 8 et 9 poils) : 0% et 0%
- Catégorie 5 (10 poils et plus) : 0% et 0%

Étant donné l'objectif d'acquérir un niveau de confiance > 99% pour les génotypes, ces résultats suggéraient deux éléments importants :

- 1) Pour tous les échantillons de poils (peu importe leur catégorie), il était possible d'atteindre ce niveau de confiance très élevé en effectuant seulement 2 PCR pour chacun des locus. Dans les rares cas où les génotypes suggérés par les 2 PCR différaient, il suffisait alors d'effectuer une troisième PCR et de considérer le génotype le plus fréquent (parmi les 3 PCR) comme étant le vrai génotype de l'individu. Par conséquent, tous les génotypes présentés dans l'annexe 4 étaient enregistrés à au moins deux reprises (2 PCR indépendantes).
- 2) Malgré une fréquence d'absence d'amplification plutôt élevée (échec de la PCR), il semble que les génotypes issus de la catégorie 1 (1 et 2 poils) étaient fiables en autant qu'ils aient été obtenus par 2 PCR indépendantes.

Autre fait intéressant mis en relief par l'étude pilote, sur les 20 enveloppes analysées, six d'entre elles (30%) contenaient des traces de la présence potentielle de deux ours à une même station. Ce phénomène est désigné par l'appellation « ours multiples » dans le présent rapport. Il est intéressant de noter que ces six enveloppes provenaient principalement de la Réserve faunique Papineau-Labelle (5), mais aussi du secteur LadySmith (1). Aucune enveloppe provenant des secteurs ZEC Pontiac et Bois-Francis n'était utilisée dans l'étude pilote. Devant ces faits, il était clair que devait être abandonnée l'idée initiale consistant à regrouper les poils prélevés à gauche et à droite du barbelé dans les cas où moins de 10 poils étaient disponibles de chaque côté. Chaque enveloppe était donc analysée individuellement dans la suite de l'étude.

4.4.4 Première série de génotypage des échantillons de poils

Quatre semaines intensives (16 janvier au 9 février 2006) avaient d'abord été nécessaires afin de génotyper une première fois les 435 échantillons de poils. Une semaine typique correspondait à la préparation des poils le lundi (découpage et digestion de 10 racines de poils lorsque possible, avec ajout de DDT), l'extraction d'ADN le mardi (protocole QIAGEN), l'amplification des 10 locus microsatellites le mercredi et le jeudi (recettes PCR présentées au tableau 3), et la migration des quatre kits de locus sur le séquenceur ABI 3100 le jeudi et le vendredi (recettes des kits de locus décrites dans la section 4.4.2). Par crainte d'une dégradation rapide de la qualité de l'ADN une fois celui-ci extrait, il était jugé essentiel de concentrer toutes ces étapes suivant un horaire hebdomadaire bien établi, en prenant soin d'effectuer de nouvelles dilutions d'amorces à chaque semaine (élément clé). La courte durée requise par cette première série de génotypage permet de croire que le temps n'a pas eu d'effet nuisible sur la qualité des génotypes obtenus. Cette qualité étant demeurée stable, il était justifié de croire que les taux d'erreur de génotypage issus de l'étude pilote pouvaient s'appliquer à tous les échantillons analysés. Il ne faut pas oublier que le protocole établi (2 PCR indépendantes/locus) découlait directement des faibles taux d'erreur calculés précédemment.

4.4.5 Mise à l'essai d'une méthodologie innovatrice dans l'analyse des résultats

Près de trois semaines (10 février au 26 février 2006) étaient nécessaires pour analyser les 435 échantillons de poils aux 10 marqueurs étudiés. Tel que détecté dans l'étude pilote, plusieurs

amplifications suggéraient la présence de plus d'un ours à une même station (échantillons mixtes). Devant ces faits, une nouvelle méthode d'analyse a été développée. Le but ultime de cette méthodologie était la conservation du plus grand nombre d'échantillons mixtes possible dans la banque de données; un rejet de ce type d'échantillons avait jusqu'alors constitué la norme dans les études CMR employant du matériel non invasif (Roon *et al.* 2005). La méthodologie développée s'est avérée très efficace.

Dans un premier temps, la méthodologie consistait à analyser les résultats des 20 PCR (10 locus X 2 PCR) et à noter simultanément le numéro d'identification (ID) de tout génotype susceptible de contenir les allèles de plus d'un ours. Les principales difficultés posées par l'analyse d'échantillons mixtes se résumaient essentiellement à la possibilité toujours présente d'obtenir deux individus homozygotes à un même locus (incapacité de capter le signal de deux ours), l'ignorance du ratio entre le nombre de poils extraits provenant du premier individu et celui provenant du deuxième individu, ainsi que la possibilité d'observer des allèles provenant non pas d'un deuxième ours mais bien d'une erreur de génotypage (i.e. faux allèle). La prudence était conséquemment de mise et un code particulier avait été mis en place, basé sur le degré de certitude de l'observateur vis-à-vis l'existence d'un deuxième ours. Ainsi, la présence de trois ou quatre allèles de forte intensité à un locus était notée « **Certain** », alors que s'ils étaient de faible intensité, la mention « **Quasi Certain** » leur était assignée. Lorsqu'un doute persistait sur la provenance unique d'un échantillon (ex. l'un des deux allèles est beaucoup plus intense que l'autre allèle), la mention « **Doute : à vérifier avec les autres locus** » lui était apposée. Enfin, la mention « **Attention** » était réservée aux génotypes comportant des allèles de très faible intensité. En compilant ainsi tous les commentaires prélevés aux différents locus, il était relativement facile d'interpréter le statut (un ou deux ours) de chaque échantillon; une plus grande importance était évidemment attachée à la mention « **Certain** », ensuite « **Quasi Certain** », puis « **Doute : à vérifier avec les autres locus** ».

Chez la grande majorité des échantillons jugés mixtes, la mention suggérée par la PCR #1 à un locus concordait avec celle de la PCR #2 pour ce même locus, et toutes deux venaient s'ajouter aux mentions retrouvées aux autres locus. Étant donné le nombre relativement élevé de locus analysés (10), rares étaient les cas où seulement un locus suggérait la présence d'un deuxième ours. Dans une telle situation, le statut de l'échantillon reposait alors sur le bon jugement de l'observateur. Il est très important de noter que cette méthodologie d'identification des échantillons

mixtes n'est possible que dans les études où le nombre de marqueurs polymorphes employés est relativement élevé, les patrons alléliques des différents marqueurs ont été préalablement optimisés et la lecture complète des génotypes est effectuée par une seule personne. Ces trois conditions étaient respectées dans la présente étude.

Tel que mentionné dans la section 4.4.3, les 435 échantillons de poils (ou enveloppes) correspondaient en fait à 264 stations visitées par les ours. La méthodologie développée avait permis initialement d'identifier 187 stations dites « 1 ours », 60 stations dites « ours multiples » et 17 stations dont l'amplification d'ADN avait échoué. La répartition par secteur des stations dites « ours multiples » était la suivante : ZEC Pontiac (12 sur une possibilité de 66), Bois-Francs (15 sur une possibilité de 63), LadySmith (4 sur une possibilité de 33), Cawood (4 sur une possibilité de 13), réserve faunique Papineau-Labelle (16 sur une possibilité de 50) et Namur (9 sur une possibilité de 13). Il est important de mentionner que la méthodologie employée pour identifier les stations dites « ours multiples » était très conservatrice. Cependant, étant conscient du biais potentiellement important pouvant résulter d'un ajout imprudent de génotypes « ours multiples » dans la banque de données, il était jugé raisonnable d'opter pour la prudence et de procéder à une seconde analyse des échantillons suspects.

4.4.6 Seconde série de génotypage : analyse des échantillons mixtes

Une deuxième série d'extractions d'ADN (27 février au 17 mars 2006) avait donc été entreprise pour un maximum possible de 77 stations, mais de ce nombre, seulement 57 avaient été analysées de nouveau étant donné l'épuisement total des poils pour les 20 autres. Devant l'ampleur du phénomène relié aux ours multiples avec ces échantillons, il était convenu de modifier quelque peu la méthodologie de travail décrite précédemment sans toutefois affecter le niveau de confiance portée envers les résultats. Les principaux changements apportés se résumaient à trois points. Premièrement, une seule enveloppe de poils (gauche ou droite) par station était utilisée dans l'extraction d'ADN. Deuxièmement, pour chacune des stations, quatre sous-échantillons de quatre poils chacun (lorsque possible) étaient créés. Cette décision faisait suite au niveau élevé de confiance qui avait été observé dans l'étude pilote pour les cinq catégories de poils. En abaissant ainsi le risque lié au mélange de poils provenant d'individus distincts, la probabilité d'identifier le génotype d'au moins un individu était grandement accrue. Durant le découpage des poils, une

attention particulière était portée à la longueur, à la couleur et à la forme des poils, ainsi qu'au patron de la racine. Les poils en apparence similaire étaient regroupés dans le même sous-échantillon de quatre poils. Troisièmement, dans le but d'assurer le maintien d'une intensité de fluorescence adéquate aux dix marqueurs étudiés, l'ADN était élué dans des volumes variables mais moindres qu'initialement. L'ADN étant alors davantage concentré, tous les éléments étaient mis en place en vue de l'obtention de génotypes non ambigus.

Les modifications apportées ont porté fruit puisque 52 des 57 stations analysées une seconde fois (91%) s'étaient vues assigner un génotype distinct pour au moins un individu. La méthodologie basée sur le degré de certitude de la présence d'un deuxième ours avait de nouveau servi à interpréter les résultats. L'analyse réussie de ces 52 stations avait de surcroît favorisé l'obtention d'un second génotype à 17 reprises, portant ainsi le total des génotypes issus de la seconde série d'extractions d'ADN à 69. Par conséquent, il ne faisait aucun doute que la méthodologie développée pour contrer le problème des échantillons mixtes était très efficace. Ses principaux inconvénients demeurent toutefois l'attention particulière requise lors du découpage des poils, le nombre élevé d'extractions d'ADN et la longue période de temps nécessaire à l'interprétation minutieuse des résultats.

4.4.7 Reprises d'amplification de l'ADN pour les locus aux données incomplètes

Finalement, tous les locus des échantillons codés « 1 ours » présentant des données manquantes ou non concluantes étaient amplifiés de nouveau deux fois (18 mars au 31 mars 2006). Le même traitement était réservé aux locus portant la mention « **Attention** », laquelle servait à désigner les génotypes comportant des allèles de très faible intensité. Le nombre total de reprises d'amplification de l'ADN variait selon le locus considéré, mais demeurait néanmoins très faible pour l'ensemble des marqueurs étudiés. Afin de faciliter davantage la lecture des reprises sur le séquenceur ABI 3100, chaque locus était analysé individuellement (i.e. non associé à d'autres locus sous forme de kits). Enfin, lors de l'ajout des génotypes nouvellement analysés aux génotypes déjà existants, il est important de mentionner que la règle de base était maintenue, c'est-à-dire que le génotype d'un individu à un locus n'était accepté que lorsque ce dernier avait été suggéré par au moins deux PCR indépendantes. Conséquemment, les résultats issus de la présente analyse génétique inspirent, selon nous, un niveau de confiance très élevé.

4.4.8 Données de géotypage et identification des cas de recapture

Le traitement des données génétiques brutes était effectué à l'aide du logiciel GENESCAN® Analysis 3.7, tandis que la lecture des géotypes nécessitait l'utilisation du logiciel GENOTYPER® 3.7 (Applied Biosystems Inc.). Les géotypes des 256 individus identifiés aux 168 stations d'échantillonnage, pour toute la durée du projet, sont présentés en annexe 4. L'annexe 5 renseigne sur l'identité des 26 individus dont le géotype n'a pu être déterminé (échec répété de l'amplification d'ADN ou cas d'ours multiples n'ayant pas été extrait de nouveau dû à un épuisement des poils). L'utilisation combinée de deux programmes informatiques, à savoir IDENTITY 1.0 (Wagner et Sefc 1999) et IDENTITY (Peacock *et al.*), avait permis d'identifier les géotypes identiques parmi les 256 individus géotypés. La liste des géotypes uniques (annexe 6) fournissait l'information nécessaire (i.e. les histoires de capture) pour estimer l'abondance dans chaque secteur. Les probabilités d'identité ainsi que les statistiques génétiques de chaque locus étaient déterminées à l'aide du programme IDENTITY 1.0 (Wagner et Sefc 1999).

4.4.9 Identification du sexe des individus échantillonnés

Plusieurs motifs justifiaient l'importance de connaître le sexe de l'animal dans la présente étude. Tout d'abord, cela permettait de supporter la conclusion voulant que deux échantillons constituaient des recaptures, tel que suggéré initialement par l'emploi des 10 marqueurs microsatellites. Deuxièmement, en supposant que les deux sexes aient une probabilité similaire de capture, cela permettait d'obtenir une idée générale du sexe ratio des individus résidant à l'intérieur des blocs d'étude au moment de l'échantillonnage (ce ratio peut toutefois fluctuer dans le temps). Troisièmement, cela permettait d'en apprendre davantage sur l'ampleur des déplacements effectués par les individus des deux sexes. Cette information était toutefois disponible dans les cas où le même individu était capturé à plus d'une reprise. De la même façon, il était possible d'inférer sur le degré de fermeture des blocs d'étude et d'ajuster potentiellement la superficie des grilles d'échantillonnage pour les futurs projets de l'ours noir au Québec. Enfin, cette connaissance du sexe des individus fournissait un outil de validation de la méthodologie développée pour contrer le problème des ours multiples dans un même échantillon. Il est important de savoir que les méthodes actuelles de sexage sont très sensibles, de sorte que même la présence d'un ou deux poils d'un second individu à l'intérieur d'un seul échantillon peut affecter l'interprétation des résultats.

Différents protocoles ont été testés afin de sélectionner une méthodologie fiable permettant d'identifier adéquatement le sexe des individus échantillonnés. Tous les protocoles étaient basés essentiellement sur l'amplification d'un fragment commun aux deux sexes (ex. fragment mitochondrial, Taberlet *et al.* 1993) et d'un fragment de taille différente, qui lui est situé sur le chromosome Y. Le fragment commun agit à titre de témoin positif (amplification chez les deux sexes) alors que la présence du second fragment suggère que l'individu en question est un mâle. Dans la présente étude, plusieurs protocoles ont dû être délaissés à cause d'un échec répété d'amplification des fragments (Woods *et al.* 1999; Triant 2001; Bellemain et Taberlet 2004) ou de l'absence de constance dans l'interprétation des résultats (Taberlet *et al.* 1993; Breton et Dufresne 2003). Ce dernier élément a rendu impossible l'application du protocole de sexage utilisé dans l'étude de l'ours noir en Abitibi-Témiscamingue à l'été 2001 (Breton et Dufresne 2003); il arrivait fréquemment que deux amplifications indépendantes provenant du même échantillon fournissaient des résultats contradictoires quant au sexe de l'individu.

Après plusieurs tentatives d'optimisation, une méthodologie fiable a été développée d'après le protocole de Yamamoto *et al.* (2002). Ce protocole favorise une amplification différentielle du gène de l'amélogénine chez les individus des deux sexes. L'amélogénine est une protéine jouant un rôle essentiel dans la formation de l'émail des dents. Chez les Ursidés, le gène de l'amélogénine est situé sur les chromosomes X-Y, mais y diffère en taille allélique (figure 11). Cette caractéristique permet de distinguer les individus mâles (2 fragments) des individus femelles (1 seul fragment). Les avantages de ce protocole par rapport aux précédents se résument à l'utilisation d'une seule paire d'amorces (SE47-SE48) dans la PCR, la possibilité d'amplifier aisément des quantités minimales d'ADN (1 à 3 poils) et surtout la constance des résultats. Tous les échantillons identifiés « 1 ours » étaient analysés à deux reprises à l'aide de ce protocole. L'amplification par PCR était réalisée en une seule étape, dans un volume total de 20 µL : 2 µL de tampon 10X, 1.8 µL de dNTPs (200 µM de chaque nucléotide), 1.8 µL de chaque amorce (SE47, SE48), 1.2 µL d'ADN polymérase, 2,5 µL de BSA (1 mg/mL), 4 µL d'H₂O mQ et 5 µL d'ADN. Le cycle PCR respecté était le suivant : 9 minutes à 95°C, suivi de 70 cycles de {30 secondes à 94°C, 30 secondes à 60°C, 1 minute à 72°C}, et 5 minutes à 72°C. Un volume de 10 µL contenant les fragments amplifiés était ensuite migré sur un gel d'agarose (2,5%) et révélé au bromure d'éthidium. Des témoins négatifs (amplification sans ADN) étaient aussi utilisés lors de la PCR. Enfin, il est important de mentionner que des poils

d'ours issus d'individus de sexe connu avaient permis de valider le protocole expérimental employé dans la présente étude.

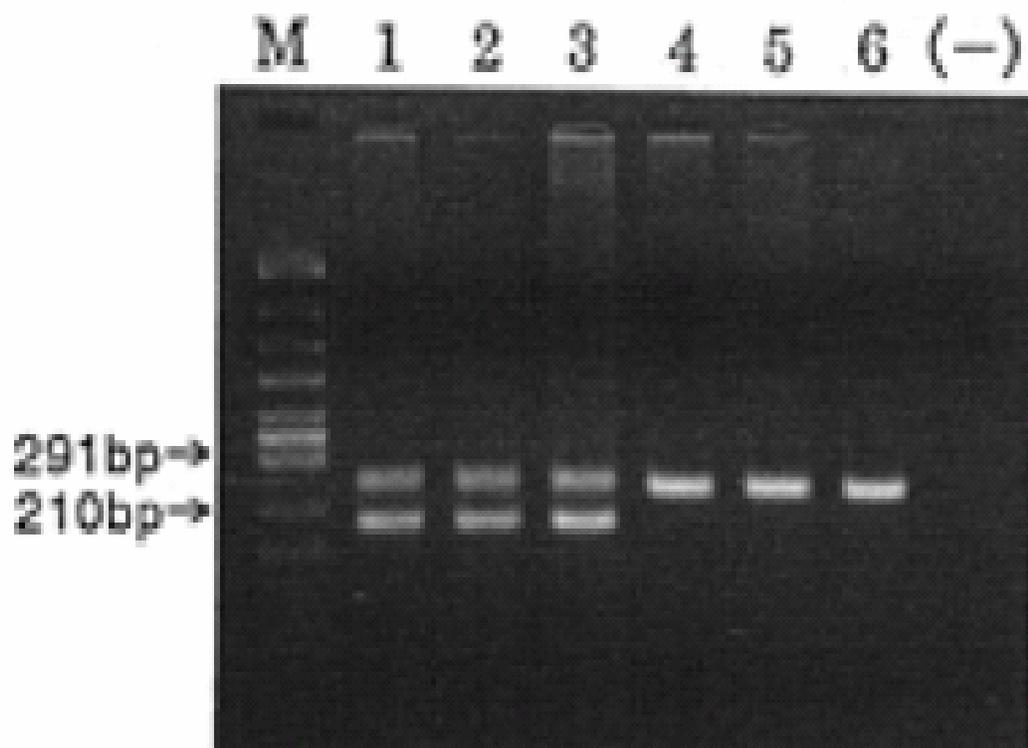


Figure 11. Gel d'agarose illustrant les fragments du gène de l'amélogénine amplifiés chez des individus mâles (1, 2, 3) et femelles (4, 5 et 6). Chez l'ours noir en Outaouais, la taille des fragments amplifiés était de 195 pb et 265 pb. Image tirée de Yamamoto *et al.* (2002).

4.4.10 Estimation de l'abondance et de la densité d'ours noirs dans les blocs d'étude

Le plan initial consistait d'abord à estimer l'abondance de l'ours noir, pour chacun des secteurs, à l'aide du modèle suggéré par le programme CAPTURE (Otis *et al.* 1978; White *et al.* 1982) et à extrapoler ces estimés en fonction de la superficie totale occupée par chacune des strates dans la zone 10. Les blocs d'étude étaient considérés comme des entités indépendantes dans ce processus d'estimation. Cependant, il a fallu modifier ce plan initial à la suite des résultats fournis par le procédé de sélection automatique du modèle contenu dans le programme CAPTURE; dans les six secteurs à l'étude, le modèle recommandé était le modèle M_0 (modèle nul). Ce modèle suppose que les probabilités de capture et de recapture sont les mêmes pour l'ensemble des individus de la grille et ce, pour toute la durée de l'échantillonnage. Il est reconnu depuis longtemps que ce modèle est très peu réaliste lorsque appliqué à des populations animales (White *et al.* 1982) et il serait surprenant que l'ours noir de la zone 10 constitue l'exception. En effet, il est plutôt difficile de concevoir qu'il puisse n'exister chez les ours aucune hétérogénéité de la probabilité de capture, peu importe la forme de cette hétérogénéité (intrinsèque, temporelle et/ou comportementale). Par exemple, il est permis de penser que les mâles ne possèdent pas a priori la même probabilité de capture que les femelles et que celle des adultes diffère de celle des jeunes dans la population. L'incohérence de CAPTURE dans le choix du modèle est due au fait que la plupart des autres modèles n'ont pu être évalués adéquatement. Des explications détaillées entourant cette problématique sont présentées dans la section 7.3.1.

Devant ces nouveaux faits et considérant qu'il est très risqué d'estimer l'abondance d'une population à l'aide d'un seul modèle dans le cas des populations fermées (Burnham et Anderson 2002; Lukacs 2006), il a été décidé de recréer les huit principaux modèles de CAPTURE (tableau 4) à l'intérieur du programme MARK (White et Burnham 1999). Les types de données utilisés étaient « Closed Captures » [$M(o)$, $M(t)$, $M(b)$, $M(tb)$] et « Full Closed Captures with Heterogeneity » [$M(h)$, $M(th)$, $M(bh)$, $M(tbh)$]. L'intérêt principal du programme MARK réside sans contredit dans le processus d'estimation des paramètres. À la demande de l'utilisateur, le paramètre « abondance » peut être estimé en considérant le poids de chaque modèle par rapport à l'ensemble des modèles retenus par l'utilisateur. Ce calcul est similaire à celui d'une moyenne pondérée. Ainsi, les modèles les mieux supportés par les données possèdent un poids plus important dans le calcul de l'estimation d'abondance. Cette technique innovatrice d'estimation, communément appelée « model

averaging » (Burnham et Anderson 2002), origine du fait qu'il n'existe pas de modèle s'ajustant parfaitement aux données et qu'il serait conséquemment injustifié de ne considérer qu'un seul modèle dans l'estimation des paramètres. Cette méthode atténue donc les risques potentiels liés à la sélection d'un seul modèle (incertitude du modèle), en particulier lorsque ce modèle semble peu réaliste. Pour chaque bloc d'étude, l'estimé d'abondance et sa précision étaient calculés suivant la technique de « model averaging » et extrapolés ensuite à l'ensemble de la zone 10 en considérant la superficie totale occupée par chacune des strates.

Deux méthodes d'estimation de la densité d'ours étaient comparées : la densité obtenue en divisant l'estimé d'abondance par la superficie de la grille (500 km²) était comparée à celle suggérée par le programme DENSITY 3.3 (Efford *et al.* 2004). Ce programme, utilisé comme outil exploratoire, requiert deux fichiers d'entrée, à savoir un fichier contenant les coordonnées spatiales des stations et l'autre contenant l'ensemble des captures des individus aux stations lors de l'inventaire. Un estimé de la densité d'ours est ensuite obtenu par la technique de « model averaging » à partir des mêmes modèles CMR que ceux retenus dans l'estimation d'abondance. Ce sont les estimés de densité calculés par ce programme qui ont servi ensuite lors des comparaisons.

Tableau 4. Description des huit principaux modèles CMR du programme CAPTURE.

Modèle	Type(s) de variation	Estimateur
M(o)	Aucune variation de la probabilité de capture; assume que tous les individus ont la même chance d'être capturés.	nul
M(t)	La probabilité de capture varie dans le temps; assume que cette variation est la même pour tous les individus.	Darroch
M(b)	La recapture de tous les individus est affectée par la première capture; l'effet peut être de type "trap happy" ou "trap shy".	Zippin
M(h)	Chaque individu a une probabilité de capture différente, mais constante.	Jackknife
M(tb)	Les probabilités de capture varient dans le temps et après la première capture.	Mtb-Burnham
M(th)	Chaque individu a une probabilité de capture différente et variable dans le temps.	Mth-Chao
M(bh)	Chaque individu a une probabilité de capture différente et cette probabilité varie après la première capture.	removal
M(tbh)	Chaque individu a une probabilité de capture différente, variable dans le temps et qui est affectée par la première capture.	aucun

4.4.11 Déplacements des individus

Les déplacements des individus de chaque sexe à l'intérieur des grilles d'échantillonnage ont été évalués à l'aide de la distance euclidienne (coordonnées UTM NAD 83) séparant les lieux de capture et de recapture d'un même individu. Un total de 105 données de déplacement était disponible pour l'ensemble des six blocs d'étude et les distances euclidiennes étaient calculées à l'aide du logiciel SPAGEDI 1.2 (Hardy et Vekemans 2002). Dans les cas où, par exemple, un même individu était capturé à au moins deux reprises au cours de la même semaine et recapturé ultérieurement, il était évidemment impossible de connaître la chronologie exacte des visites aux différentes stations. Pour ces quelques individus, la méthode visant à minimiser la distance totale parcourue par l'animal était employée (méthode parcimonieuse). Supposons qu'un individu était capturé aux stations 1 et 2 au cours de la semaine B et recapturé ensuite aux stations 2 et 3 lors de la semaine C. La chronologie minimisant la distance totale pour cet individu est donc la suivante : 1 → 2 (SeB), 2 → 3 (SeC). Bien que cette méthode puisse sous-estimer la distance totale réellement parcourue par l'animal, elle a été appliquée à tous les individus sans exception et ne peut donc pas expliquer à elle seule les potentielles différences significatives observées dans les déplacements.

Les effets du sexe et du bloc d'étude sur la distance et le temps de déplacements des individus ont été évalués simultanément à l'aide d'une analyse de variance à deux facteurs, avec interaction possible entre ces facteurs (PROC GLM, SAS Institute Version 8). Enfin, une analyse visant à déterminer le nombre d'individus différents capturés à chacune des stations au cours de l'inventaire a été effectuée dans le but de mieux comprendre les déplacements des individus.

4.4.12 Évaluation de la fermeture démographique des grilles : une approche en deux temps

Tel que mentionné précédemment (section 4.2), le respect des prémisses CMR est essentiel pour l'obtention d'estimés d'abondance non biaisés et précis; les modèles CMR de population fermée prennent pour acquis que cette condition est respectée. Le degré de fermeture des grilles d'échantillonnage est une question fort importante à considérer lorsque vient le temps de juger de la fiabilité des estimés obtenus, mais s'avère également l'une des plus difficiles à évaluer (White *et al.* 1982). Dans le cas présent, cette question était traitée d'abord sur une base individuelle (par grille)

et ensuite en considérant les six grilles simultanément. Les indices employés étaient respectivement les suivants :

- Résultats du test de la fermeture démographique de Stanley et Burnham (1999) : programme CloseTest (Stanley et Richards 2005). Il vérifie l'ampleur des phénomènes d'émigration et d'immigration affectant chaque bloc d'étude en testant l'hypothèse nulle (H_0) d'une population fermée sous le modèle M_t contre l'hypothèse alternative (H_1) d'une population ouverte sous le modèle de Jolly-Seber. Les composantes du test permettent d'en apprendre davantage sur la nature de la violation de la fermeture (émigration et/ou immigration). Le programme CloseTest incorpore également le test de fermeture proposé par Otis *et al.* (1978), lequel n'est pas affecté par la présence d'hétérogénéité dans les probabilités de capture. Il est cependant moins sensible que le test de Stanley et Burnham (1999) et ne sera donc pas considéré dans le présent rapport.
- Résultats de l'analyse de variance testant l'effet du sexe sur le nombre de captures d'un individu au cours des quatre sessions d'échantillonnage. Ce test a été proposé suite à l'observation des données de déplacements obtenues pour chacun des deux sexes (section 5.9), alors que l'un des sexes semblait fortement sédentaire et l'autre beaucoup plus mobile. Il suppose que la fermeture est respectée chez le sexe le plus sédentaire et qu'une violation de la fermeture par immigration/émigration chez le sexe le plus mobile se traduirait par un nombre total de captures significativement plus faible chez les individus de ce sexe. Toutefois, si la fermeture du bloc d'étude était relativement bien respectée, il ne devrait pas y avoir de différence significative entre les individus des deux sexes. Ce test admet au départ que les individus des deux sexes ont une probabilité de capture similaire tout au long de l'étude et il attribue donc toute différence significative résultant de l'analyse de variance à un non respect de la fermeture chez les individus du sexe le plus mobile.

Il est important de noter que ces tests fournissaient des indices quant au degré de fermeture démographique des blocs d'étude, mais en aucun temps ils ne permettaient de trancher la question avec une certitude absolue (fermeture ou non). Ils ne sont pas parfaits. Au mieux, il était possible d'affirmer que « De façon générale, les divers indices recueillis suggèrent que la fermeture

démographique des grilles était (ou non) respectée, et le cas échéant, que le degré de violation était peu (ou très) élevé ». Malheureusement, il n'existe pas de test unique permettant de répondre à cette question, car il est impossible de discerner l'effet dû à l'hétérogénéité de capture des individus de l'effet engendré par une violation de la fermeture (Stanley et Burnham 1999). En l'absence d'un tel test, nous croyons qu'il était raisonnable d'avoir recours à ces indices.

4.4.13 Analyse des parcelles avec cinq stations

L'analyse des parcelles avec cinq stations poursuivait deux objectifs. Le premier objectif visait à déterminer si la taille des parcelles (25 km²) était suffisamment grande, alors que le second cherchait à vérifier si cette taille pourrait éventuellement être réduite lors de prochains inventaires. Tel que mentionné précédemment, la taille des parcelles est déterminée à partir de la superficie du domaine vital du sexe dont les déplacements sont généralement les moins grands (i.e. femelles), car le but est de maximiser la probabilité de capture de tous les individus de la population. Dans la présente étude, le domaine vital moyen des femelles avait été évalué à 45 km² à l'aide de traceurs radioactifs (Jolicoeur 2004). Conséquemment, une taille de parcelle de 25 km² avait été jugée satisfaisante pour capturer le maximum d'individus. Si la taille des parcelles était suffisamment grande, alors il était possible de faire la prédiction qu'il y aurait peu de recaptures d'une même femelle à l'intérieur d'une même session d'échantillonnage (à des stations différentes).

Un examen minutieux des individus capturés à l'intérieur de ces mêmes parcelles permettait d'en apprendre davantage sur la taille effective du domaine vital des femelles au cours de l'inventaire et de répondre au second objectif. Les parcelles considérées dans la présente analyse étaient celles de la ZEC Pontiac (parcelles n°2 et 15), de Papineau-Labelle (parcelles n°5 et 8) et de Bois-Francs (seulement la parcelle n°18). Les autres parcelles n'étaient pas considérées car très peu d'individus y avaient été capturés et il était donc difficile de tirer des conclusions.

5. RÉSULTATS

Cette section débute par une présentation générale des données de capture et décrit par la suite les résultats spécifiques à chaque grille d'échantillonnage. Les aspects ayant été évalués pour les six blocs d'étude simultanément (déplacements, fermeture démographique) sont traités à la fin de la présente section. Cette façon de procéder était jugée appropriée étant donné que chaque bloc d'étude devait être traité indépendamment à des fins d'estimation d'abondance, mais que certains aspects de l'inventaire ne pouvaient être abordés suivant un cadre individuel (*n* trop faible).

5.1 Bilan des échantillons de poils et efficacité du montage expérimental

Un total de 435 échantillons de poils (ou enveloppes) a été récolté au cours des quatre semaines d'échantillonnage, dans les six blocs d'étude. Ces échantillons correspondaient précisément à 264 stations visitées par les ours, ou 264 génotypes espérés. Suivant cette formule, des poils retrouvés à gauche et à droite d'une même station représentaient un seul génotype espéré (toujours selon l'hypothèse « 1 ours = 1 station »). Cependant, le nombre de stations visitées par les ours variait grandement selon le bloc d'étude et modérément selon la semaine d'échantillonnage considérés (tableau 5). Ce même tableau démontre par surcroît la haute efficacité du montage expérimental à capturer des poils lorsque la présence d'ours avait été signalée autour de la station (poils, leurres arrachés, pâtisseries arrachées/mangées, marques de griffes). Plus précisément, dans 95% des cas où des indices de la présence d'ours avaient été décelés, des échantillons de poils ont été prélevés à des fins d'analyse génétique. À noter également le succès moyen de capture pour les blocs situés en milieu forestier inoccupé (A, B et E) qui est supérieur ou égal à 50%. À l'opposé, les blocs en milieu forestier avec forte villégiature (D et F) possèdent un succès moyen de capture inférieur à 15%. Le bloc C (habitat agroforestier) est intermédiaire avec un succès moyen légèrement supérieur à 36%. Dans un contexte de marquage génétique, il était plus approprié d'évaluer l'efficacité du montage expérimental en consultant le nombre de poils de qualité récoltés sur les fils barbelés (tableau 6). Étant donné que 82,3% des échantillons prélevés contenaient un minimum de dix poils de qualité, cela confirme une fois de plus que la technique d'inventaire utilisée était à point. Ce pourcentage, comparable à celui calculé en Abitibi-Témiscamingue (87,8%, Courtois *et al.* 2004), est toutefois surestimé étant donné le phénomène des ours multiples détecté à certaines stations.

Tableau 5. Nombre de stations d'échantillonnage ayant été visitées par un ours au cours des quatre semaines du projet (11 juillet au 4 août 2005), pour chacun des six blocs d'étude. Ces effectifs sont basés sur la présence de poils uniquement. Le chiffre situé entre parenthèses fait référence au nombre de stations additionnelles où la présence d'ours avait été signalée, sans présence de poils laissés par l'animal. Le succès de capture moyen (\pm écart-type), calculé sur les quatre semaines de l'inventaire, est aussi présenté.

Semaine	Bloc A	Bloc B	Bloc C	Bloc D	Bloc E	Bloc F	Total par semaine	Total au cumulatif
	Zec Pontiac	Bois-Francis	LadySmith	Cawood	Pap.-Labelle	Namur		
4-7 juillet	Installation des pièges							
11-14 juillet (A)	14 (+3)	12 (+1)	9 (0)	5 (0)	11 (+1)	1 (0)	52 (+5)	52 (+5)
18-21 juillet (B)	15 (0)	16 (0)	14 (+1)	3 (+1)	15 (+3)	5 (0)	68 (+5)	120 (+10)
25-28 juillet (C)	19 (0)	20 (0)	8 (0)	5 (0)	17 (0)	4 (+2)	73 (+2)	193 (+12)
1-4 août (D)	24 (0)	18 (+1)	10 (+1)	2 (0)	12 (0)	5 (0)	71 (+2)	264 (+14)
Total	72 (+3)	66 (+2)	41 (+2)	15 (+1)	55 (+4)	15 (+2)	264 (+14)	
Succès moyen de capture (%)	64.3 (\pm 16.2)	58.9 (\pm 12.2)	36.6 (\pm 9.4)	13.4 (\pm 5.4)	49.1 (\pm 9.8)	13.4 (\pm 6.8)	39.3 (\pm 5.7)	

Tableau 6. Pourcentage des échantillons en fonction du nombre de poils de qualité et de la semaine d'échantillonnage dans les stations visitées par les ours. Les données des six blocs d'étude sont considérées ($n = 435$ échantillons). Généralement, il est relativement facile d'obtenir un génotype à partir d'un échantillon de 3-4 poils de qualité.

Semaine	Nombre de poils de qualité				
	1-2	3-4	5-6	7-9	≥ 10
4-7 juillet	Installation des pièges				
11-14 juillet (A)	2,3%	2,3%	2,3%	3,5%	89,5%
18-21 juillet (B)	6,3%	4,5%	0,0%	6,3%	83,0%
25-28 juillet (C)	4,8%	1,6%	3,2%	2,4%	87,9%
1-4 août (D)	10,7%	7,1%	4,5%	8,0%	69,6%
Total	6,2%	3,9%	2,5%	5,1%	82,3%

À la suite du constat des différences marquées dans le succès moyen de capture entre les blocs d'étude (tableau 5), il était logique de vouloir déterminer le ou les facteurs pouvant expliquer partiellement cette variation. Dans un premier temps, l'effet de l'habitat sur le succès moyen de capture des ours aux différentes stations était évalué à l'aide d'une analyse de variance à quatre facteurs (ANOVA) dans le programme informatique SAS (PROC GLM, SAS Institute Version 8). Les facteurs considérés étaient l'environnement dans lequel les sites d'appât étaient situés, la distance de la station par rapport à une route et à celle d'un cours d'eau, et la présence de petits fruits. Les interactions entre les facteurs n'étaient pas tenues en compte et l'analyse était effectuée à partir du succès moyen de capture à chacune des stations (0, 25, 50, 75 ou 100%).

Prise globalement, la variation du succès moyen de capture ne pouvait pas être expliquée de manière significative ($\alpha = 0,05$) par les facteurs considérés simultanément dans l'analyse de variance ($F_{[15, 167]} = 1,44$; $P = 0,1375$). Il n'était donc pas justifié d'examiner par la suite les résultats de l'ANOVA pour chacun des facteurs considérés individuellement. Ce résultat est quelque peu surprenant étant donné que l'environnement avait été identifié comme un facteur significatif lors de l'étude de l'ours noir en Abitibi-Témiscamingue (Courtois *et al.* 2004). La faible taille d'échantillonnage est potentiellement responsable de ce résultat (tableau 7).

Tableau 7. Pourcentage (\pm écart-type) des 168 stations d'échantillonnage visitées par les ours et les ratons laveurs en fonction de l'environnement dans lequel les stations étaient placées. Les quatre semaines de l'inventaire étaient considérées.

Environnement	<i>n</i>	Ours	Raton laveur
Bande de protection mélangée	4	75,0 \pm 20,4	12,5 \pm 25,0
Bande de protection résineuse	2	50,0 \pm 0,0	37,5 \pm 25,0
Coupe récente	5	45,0 \pm 10,0	20,0 \pm 16,3
Forêt mature feuillue	51	44,1 \pm 8,6	14,7 \pm 7,3
Forêt mature mélangée	46	31,0 \pm 8,9	28,8 \pm 9,8
Forêt mature résineuse	23	34,8 \pm 6,2	22,8 \pm 10,9
Plantation	1	0,0 \pm 0,0	0,0 \pm 0,0
Régénération feuillue	9	50,0 \pm 14,3	33,3 \pm 9,1
Régénération mélangée	13	28,9 \pm 3,9	23,1 \pm 17,8
Régénération résineuse	13	51,9 \pm 9,7	13,5 \pm 11,5
Terre agricole	1	0,0 \pm 0,0	0,0 \pm 0,0

Malgré cette absence de significativité chez l'ours noir, il était tout de même possible d'étudier les grandes tendances en examinant la corrélation entre chaque facteur de l'ANOVA et le succès moyen de capture à chaque station. L'approche statistique utilisée était le coefficient r de Spearman, calculé à l'aide du programme informatique STATISTICA. Le pourcentage des stations situées à une distance de la route comprise dans les intervalles [0 - 14], [15 - 30] et [$>$ 30] mètres était respectivement de 55,4%, 35,1% et 9,5%. En ce qui a trait à la distance de la station par rapport à un cours d'eau et en considérant les intervalles [0 - 100], [100 - 300] et [$>$ 300] mètres, les pourcentages respectifs étaient de 58,3%, 20,2% et 21,4%. Enfin, 53,6% des stations étaient caractérisées par la présence de petits fruits.

Les résultats du test de Spearman indiquent l'absence d'une corrélation significative ($\alpha = 0,05$) entre le succès de capture et l'environnement ($r = 0,10$; $P = 0,18$), la distance de la station par rapport à une route ($r = -0,04$; $P = 0,60$) et la présence de petits fruits ($r = 0,06$; $P = 0,48$). Toutefois, il est intéressant de noter que la corrélation était marginalement significative entre le succès de capture et la distance de la station par rapport à un cours d'eau ($r = -0,15$; $P = 0,06$), ce qui suggère un meilleur succès de capture lorsque la station est située près d'un cours d'eau. Cela appuie l'affirmation voulant que les ours soient souvent retrouvés près d'un plan d'eau lorsque les températures sont particulièrement élevées (Obbard), comme ce fut le cas à l'été 2005.

Contrairement à l'ours noir, la variation du succès moyen de capture du raton laveur à chacune des stations pouvait être expliquée de manière significative ($\alpha = 0,05$) par les quatre mêmes facteurs considérés simultanément dans l'analyse de variance ($F_{[15, 167]} = 1,91$; $P = 0,0265$). Plus précisément, le succès moyen de capture dépendait de la distance de la station par rapport à un cours d'eau ($F_{[2, 167]} = 8,17$; $P = 0,0004$), mais pas du type d'environnement ($F_{[10, 167]} = 0,98$; $P = 0,4669$), ni de la distance de la station par rapport à une route ($F_{[2, 167]} = 0,42$; $P = 0,6598$) et ni de la présence de petits fruits ($F_{[1, 167]} = 0,40$; $P = 0,5265$). Les tests a posteriori (PROC GLM, option LSMEANS, SAS Institute Version 8) suggèrent que les stations situées à plus de 300 mètres d'un cours d'eau étaient visitées plus fréquemment par les ratons laveurs que les stations situées à une distance comprise entre 0-100 mètres ($P = 0,0004$) et 100-300 mètres ($P = 0,0076$). Cette observation est également suggérée par les résultats du test de Spearman : le coefficient de corrélation était positif et significatif entre ces deux variables ($r = 0,21$; $P = 0,01$). Il est à noter que cette corrélation contraste avec celle suggérée pour l'ours noir.

5.2 Analyse du bloc A : ZEC Pontiac

Type d'habitat : Forestier inoccupé

Niveau d'exploitation/mortalité de l'ours noir : Faible

5.2.1 Données de capture

Le bloc A est celui dans lequel le nombre total de stations visitées par les ours était le plus élevé (72, tableau 8), ce qui lui confère un succès moyen de capture avoisinant deux stations sur trois ($64,3\% \pm 16,2$). Le nombre de stations visitées a sans cesse augmenté au fil des semaines, pour atteindre 24 stations lors de la dernière session d'échantillonnage. La répartition spatiale des captures était uniforme à l'intérieur du bloc d'étude, tout comme celle des lieux de mortalité de l'ours noir enregistrés en 2003-2004 dans ce secteur (figure 12). L'année 2005 ne permettait pas de comparaison étant donné que seulement trois mortalités avaient été notées.

En regroupant les données spatiales des trois dernières années, la présence de l'ours noir couvre très bien la superficie délimitée par la grille d'échantillonnage. Dans le présent inventaire, seulement deux stations (n°10 et 17) n'ont pas reçu la visite d'un ours au cours du projet. À l'opposé, la présence du raton laveur (*Procyon lotor*) a fait l'objet de seulement cinq mentions au cours des quatre semaines d'échantillonnage.

Tableau 8. Informations relatives à la capture de l'ours noir dans le bloc A (ZEC Pontiac) pour chacune des quatre semaines d'échantillonnage.

Sessions d'échantillonnage	# stations avec poils	# stations avec génotype(s)	# individus différents	# mâles différents	# femelles différentes	Taux de recapture (%)
13-14 juillet (A)	14	14	13	3	10	–
20-21 juillet (B)	15	15	15	4	11	40.0
27-28 juillet (C)	19	17	18	4	14	61.1
3-4 août (D)	24	20	17	3	14	64.7
Total	72	66	35*	10**	25**	–

* Nombre d'individus différents ayant été identifiés au cours des quatre semaines d'échantillonnage.

** Nombre total de mâles et de femelles uniques ayant été identifiés au cours de la durée du projet.

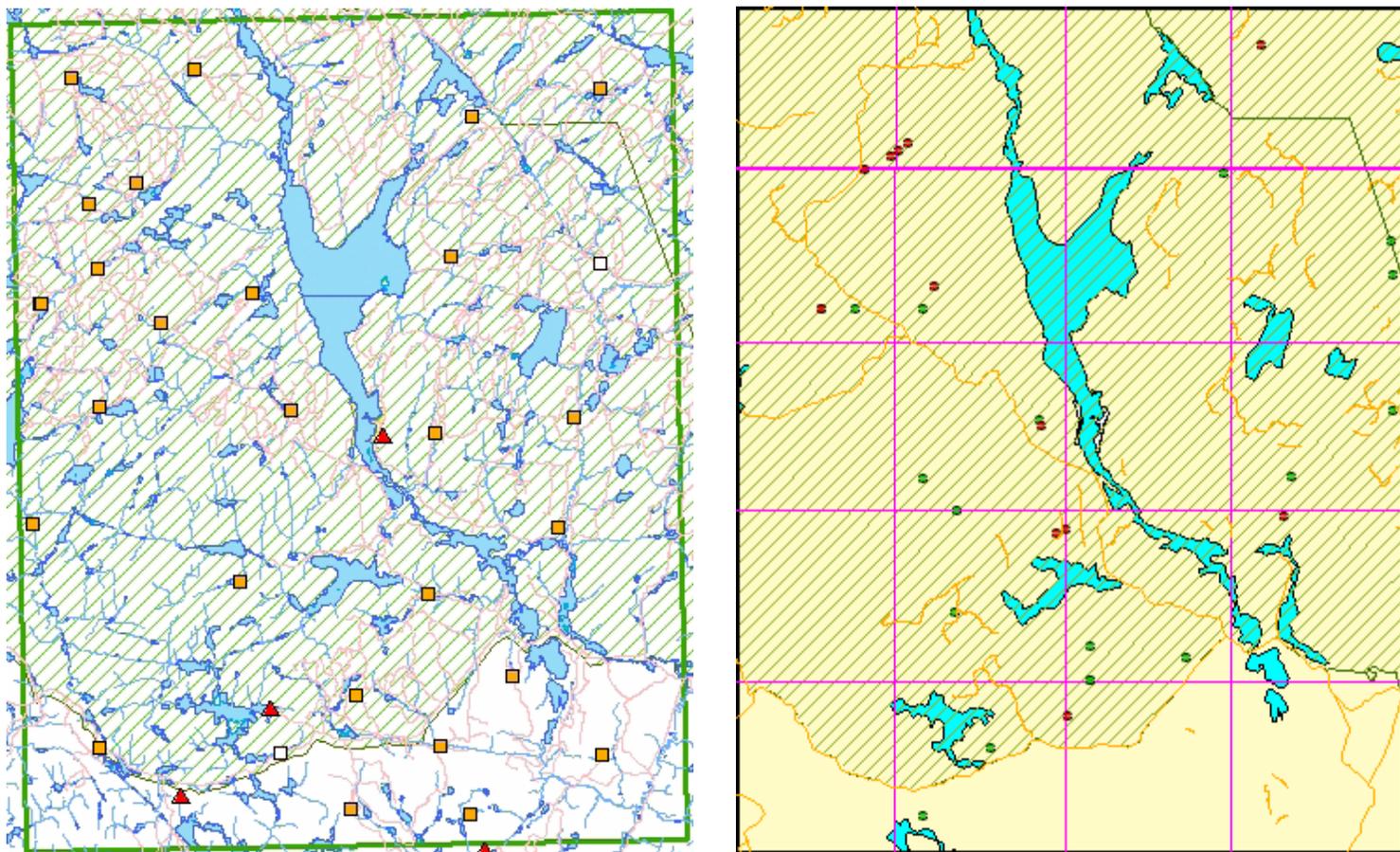


Figure 12. Comparaison de la répartition spatiale des captures lors de l'inventaire 2005 (gauche) avec celle des lieux de mortalités de l'ours noir enregistrés en 2003-2004 (droite), dans le secteur ZEC Pontiac. La majorité du secteur est située sur des terres publiques. Dans la figure de gauche, les stations visitées par un ours à au moins une reprise lors de l'inventaire sont notées par un carré orange, alors que les lieux de mortalités en 2005 sont désignés par un triangle rouge. Dans la figure de droite, les cercles verts et rouges font respectivement référence aux années 2003 et 2004. Cartes réalisées par Jean-René Moreau.

L'analyse génétique avait permis d'identifier au moins un génotype à 91,6% des stations visitées par les ours (tableau 8) et cette proportion aurait probablement été supérieure n'eut été des 12 stations dites « ours multiples ». Pour chacun des blocs échantillonnés, il est toutefois difficile d'inférer le nombre exact de stations visitées par deux individus (ou plus) au cours d'une même semaine, car ce ne sont pas tous les poils d'un même échantillon (enveloppe) qui ont été analysés.

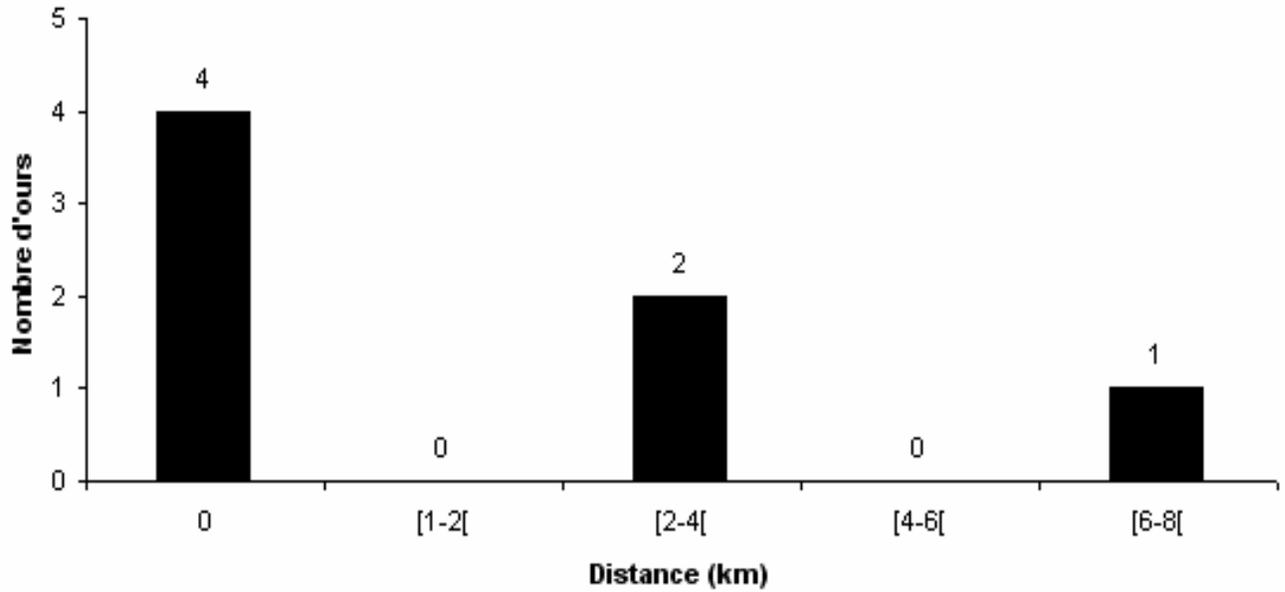
Dans le cas présent, il est donc fort probable que le nombre réel de stations ayant reçu la visite de plus d'un ours soit supérieur à 12.

Deux éléments sont particulièrement intéressants à noter dans ce secteur. Premièrement, le nombre d'individus uniques identifiés au terme de l'étude (35) est plutôt faible lorsque comparé au nombre total de stations où un génotype a été identifié (66). Il s'agit de la plus faible proportion (53,0%) enregistrée parmi les six blocs d'étude. En lien étroit avec cette observation est le nombre élevé (37) d'événements de recapture, comme en témoigne le taux moyen de recapture équivalant à 55,3% (tableau 8). Cela signifie qu'en moyenne près de six individus sur dix qui ont été capturés à chacune des sessions 2, 3 et 4 avaient déjà été capturés antérieurement. Le nombre de recaptures et le taux moyen de recapture de ce secteur sont les plus élevés des six blocs d'étude échantillonnés.

Un autre constat intéressant est le sexe ratio fortement biaisé envers les femelles pour les quatre semaines d'échantillonnage; le sexe ratio global est d'ailleurs de 2,5 femelles pour 1 mâle (tableau 8). Le secteur ZEC Pontiac constitue l'un des deux secteurs, avec Cawood, dans lequel un biais marqué envers les femelles a été noté. Il y a eu 30 recaptures de femelles et seulement 7 recaptures de mâles. Plus précisément, 17 des 25 femelles identifiées dans ce secteur (68,0%) ont été recapturées à au moins une reprise, dont 15 à une même station d'échantillonnage qu'une capture antérieure. À l'opposé, seulement trois des 10 mâles identifiés (30,0%) ont été recapturés à au moins une reprise et ils ont tous été recapturés à une même station d'échantillonnage qu'une capture antérieure. D'un point de vue global, les recaptures effectuées dans ce secteur l'ont été à une même station que la capture précédente dans 62,2% des cas, généralement (83,8%) à l'intérieur d'une semaine d'intervalle (figures 13 et 14). Neuf recaptures (24,3%) ont été effectuées la même semaine que la capture précédente (à des stations différentes), 22 (59,5%) l'ont été à une semaine d'intervalle alors que six recaptures (16,2%) ont été notées à deux ou trois semaines d'intervalle.

À la lumière de ces résultats, il semble y avoir eu un biais de capture particulièrement important dans le secteur ZEC Pontiac, à l'avantage des femelles. De plus, le fait que plus de la moitié des femelles (60,0%) aient été recapturées au même endroit qu'une capture antérieure suggère que les déplacements des femelles étaient très limités au cours de l'étude. Ces aspects sont développés davantage dans la section 7.1.1.1.

Distance entre les sites de captures successives d'un mâle - ZEC Pontiac



Distance entre les sites de captures successives d'une femelle - ZEC Pontiac

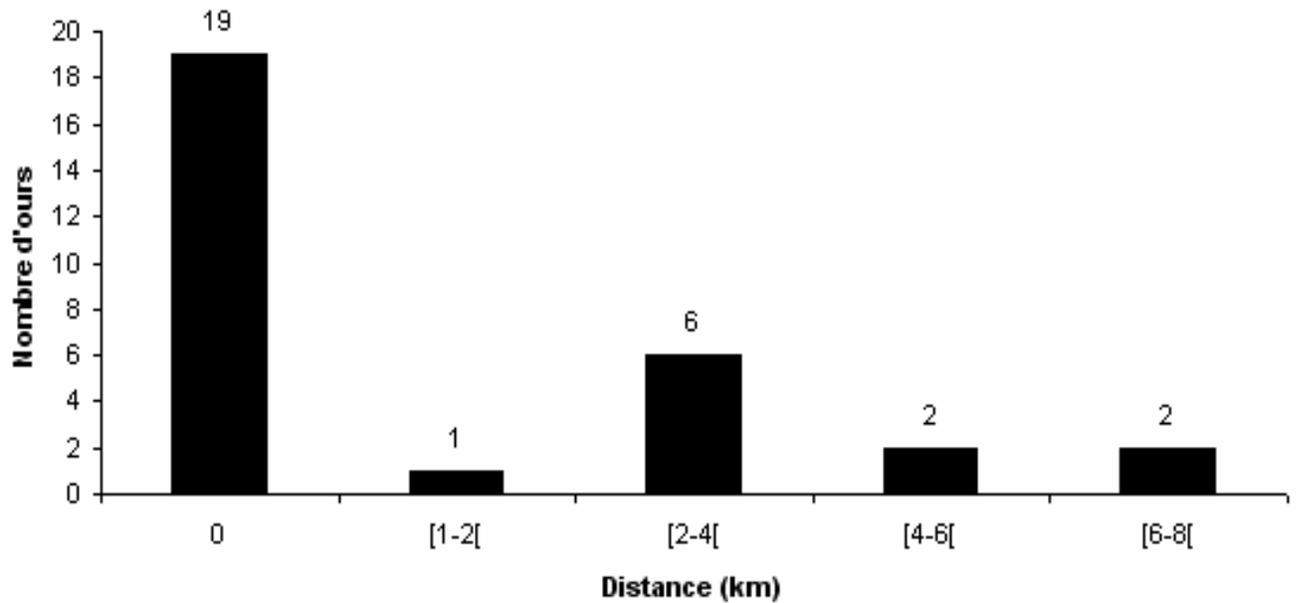


Figure 13. Distance parcourue par les individus mâles (figure du haut) et par les individus femelles (figure du bas) entre deux captures successives, dans le secteur ZEC Pontiac.

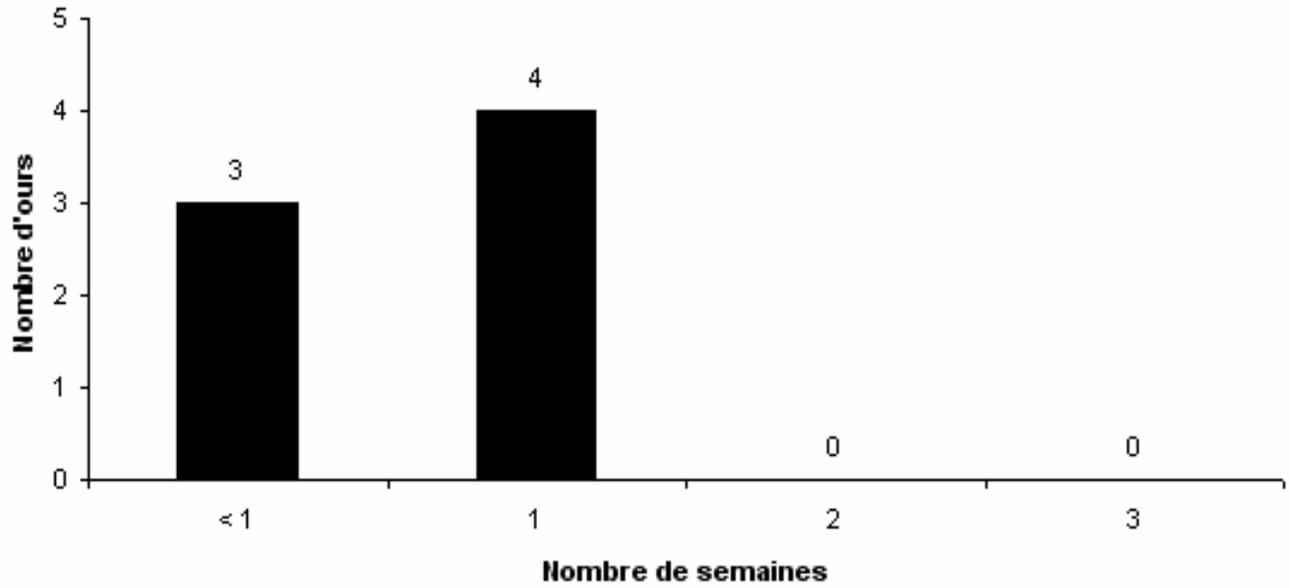
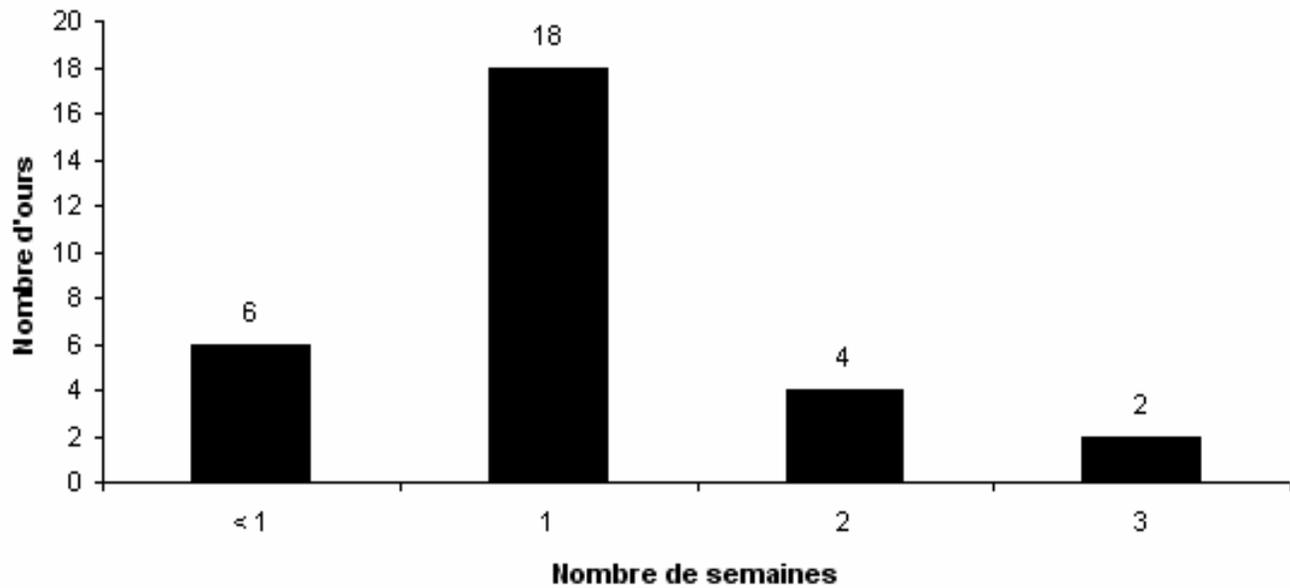
Temps écoulé entre deux captures successives d'un mâle - ZEC Pontiac**Temps écoulé entre deux captures successives d'une femelle - ZEC Pontiac**

Figure 14. Temps écoulé entre deux captures successives d'un individu mâle (figure du haut) et d'un individu femelle (figure du bas), dans le secteur ZEC Pontiac.

5.2.2 Évaluation de la fermeture démographique

Les résultats du test de la fermeture démographique de Stanley et Burnham (1999) suggèrent que la population était relativement bien fermée ($P = 0,53981$), avec des phénomènes d'immigration et d'émigration en apparence restreints durant toute la durée du projet (figure 15). C'est d'ailleurs le secteur ZEC Pontiac qui violait le moins la prémisse de fermeture démographique, suivant les résultats du programme CloseTest.

Stanley & Burnham Closure Test (Low p-value suggest population not closed):
 Chi-square statistic= 3.10865
 df= 4.
 p-value= 0.53981

Component Statistics of Stanley & Burnham Closure Test

Component	Chi-square	df	p-value
Tests for additions to population (Low p-values suggest there were additions)			
NR vs JS	2.40440	2.	0.30053
M_t vs NM	1.98415	2.	0.37081
Tests for losses from population (Low p-values suggest there were losses)			
M_t vs NR	0.70426	2.	0.70319
NM vs JS	1.12450	2.	0.56992

Subcomponent Statistics of the NR vs JS Test

(Low p-values on the j-th occasion indicates there were additions to the population between occasions j and j+1)

Occasion	Chi-square	df	p-value
2	0.55000	1.	0.45832
3	1.85440	1.	0.17327

Subcomponent Statistics of the NM vs JS Test

(Low p-values on the j-th occasion indicates there were losses from the population between occasions j-1 and j)

Occasion	Chi-square	df	p-value
2	0.26939	1.	0.60374
3	0.85512	1.	0.35511

Figure 15. Résultats du test de la fermeture démographique de Stanley et Burnham (1999) pour le secteur ZEC Pontiac, obtenus à l'aide du programme CloseTest (Stanley et Richard 2005).

5.2.3 Estimation de l'abondance et de la densité d'ours noirs

L'information de capture nécessaire au programme MARK à des fins d'estimation de l'abondance de l'ours noir dans le secteur ZEC Pontiac est résumée dans le tableau 9. Des huit modèles de CAPTURE qui ont été recréés dans le programme MARK, seulement quatre ont été retenus dans le calcul de la moyenne pondérée de l'abondance; il était impossible d'estimer adéquatement bon nombre de paramètres dans les modèles plus complexes. Conséquemment, l'estimé d'abondance issu de ces modèles complexes était très peu fiable et ne pouvait être utilisé dans le calcul de la moyenne pondérée. Les modèles retenus, ainsi que le poids relatif de chacun de ces modèles, sont présentés dans le tableau 10.

Tableau 9. Informations de capture requises par le programme MARK à des fins d'estimation de l'abondance de l'ours noir dans le secteur ZEC Pontiac.

ZEC PONTIAC	Session 1	Session 2	Session 3	Session 4	Total
Total des captures	13	15	18	17	63
Nouvelles captures	13	9	7	6	35
% recaptures	-	40.0	61.1	64.7	-
# ours capturés 1 → 4 fois	15	13	6	1	35

Tableau 10. Description des modèles retenus dans le calcul de la moyenne pondérée de l'abondance d'ours noirs dans le secteur ZEC Pontiac. Résultats obtenus à l'aide du programme MARK (White et Burnham 1999).

Modèle	Poids	Estimé	Écart-type
M(o)	0,5055	39,93	3,27
M(b)	0,4378	48,15	12,75
M(t)	0,0458	39,80	3,22
M(tb)	0,0108	43,23	5,83
Moyenne pondérée		43,56	7,45
Intervalle de confiance (95%)		[35,00 - 62,56]	

Les modèles M(o) et M(b) constituaient les deux modèles les plus parcimonieux, c'est-à-dire ceux optimisant le compromis exactitude/précision (voir section 7.3.1 pour plus de détails). Le modèle qui supportait le mieux les données, M(o), suggère l'absence d'une variation de la probabilité de capture des individus; il s'agit du modèle nul. Le poids élevé du modèle M(b) suggère toutefois une variation de la probabilité de capture suite à la première capture. Il s'agit vraisemblablement d'une réponse de type « trap-happy » puisque 20 des 35 individus identifiés dans ce secteur ont été capturés à plus d'une reprise (section 5.2.1). En considérant les quatre modèles retenus, le programme MARK suggère un estimé pondéré de l'abondance de $44 \pm 7,45$ individus (tableau 10). La précision de cet estimé, calculée par le coefficient de variation (CV), est donc de $(7,45 / 44) * 100 = 16,93\%$. L'objectif d'une précision située entre 15 et 20% a donc été en apparence atteint (Goudreault *et al.* 2005). Cependant, tel que discuté plus loin dans le rapport (section 7.3.2), l'exactitude et la précision de cet estimé d'abondance doivent être interprétées avec prudence étant donné le biais potentiellement très important affectant ces deux paramètres.

La première méthode d'estimation de la densité d'ours noirs ($N / 500 \text{ km}^2$) conférait un estimé de 0,88 ours / 10 km^2 . En considérant trois des quatre modèles retenus dans l'estimation d'abondance (le modèle M(tb) ne pouvait être utilisé), le programme DENSITY 3.3 (Efford *et al.* 2004) estimait quant à lui la densité à 1,25 ours / 10 km^2 ($\pm 1,21$ ours). Le tableau 11 présente les résultats du programme DENSITY 3.3, qui doivent être interprétés encore une fois avec prudence.

Tableau 11. Description des modèles retenus dans le calcul de la moyenne pondérée de la densité d'ours noirs, secteur ZEC Pontiac. La densité est exprimée comme étant le nombre d'ours / 10 km^2 . Les résultats étaient obtenus à l'aide du programme DENSITY 3.3 (Efford *et al.* 2004).

Modèle	Poids	Estimé	Écart-type
M(o)	0,5055	1,17	0,25
M(b)	0,4378	1,38	2,45
M(t)	0,0458	1,17	0,26
Moyenne pondérée		1,25	1,21

5.3 Analyse du bloc B : Bois-Francis

Type d'habitat : Forestier inoccupé

Niveau d'exploitation/mortalité de l'ours noir : Moyen

5.3.1 Données de capture

Le bloc B est celui dans lequel le nombre total de stations visitées par les ours était le second plus élevé (66, tableau 12), mais il a tout de même favorisé l'identification du plus grand nombre d'individus uniques au terme de l'étude (45). Le nombre de stations visitées a augmenté de façon constante au cours des trois premières sessions d'échantillonnage et puis a diminué légèrement à 18 stations lors de la dernière session. Le succès moyen de capture était de 58,9% ($\pm 12,2$), soit presque trois stations sur cinq.

La répartition spatiale des captures était uniforme à l'intérieur du bloc d'étude et faisait contraste avec la répartition des lieux de mortalités de l'ours noir enregistrés entre les années 2003 et 2005 dans ce secteur (figure 16). En effet, les lieux de mortalités étaient davantage concentrés à l'ouest de l'axe hydrographique formé par les lacs Galarnéau, Jim et Gillies. Cette zone se caractérise notamment par la présence de multiples plans d'eau. L'inventaire réalisé en 2005 démontre néanmoins que l'ours noir est bel et bien répandu à la grandeur du bloc d'étude. Fait intéressant à noter, il y a eu davantage de captures qui ont été réalisées à l'est (35) de la rivière Coulonge qu'à l'ouest (31) de celle-ci, et ce malgré un effort de capture légèrement inférieur (12 stations à l'est, 16 stations à l'ouest).

Globalement, seulement six stations (n°2, 7B, 7C, 7E, 11 et 14) n'ont pas reçu la visite d'un ours au cours de l'inventaire. Quatre de ces six stations étaient situées autour du Lac Gillies. Enfin, la présence du raton laveur a été mentionnée à sept reprises au cours des quatre semaines d'échantillonnage, dont cinq lors de la première semaine seulement.

Tableau 12. Informations relatives à la capture de l'ours noir dans le bloc B (Bois-Francis) pour chacune des quatre semaines d'échantillonnage.

Sessions d'échantillonnage	# stations avec poils	# stations avec génotype(s)	# individus différents	# mâles différents	# femelles différentes	Taux de recapture (%)
11-12 juillet (A)	12	12	13	8	5	-
18-19 juillet (B)	16	16	17	7	10	17.6
25-26 juillet (C)	20	20	20	10	10	35.0
1-2 août (D)	18	15	15	4	11	66.7
Total	66	63	45*	22**	23**	-

* Nombre d'individus différents ayant été identifiés au cours des quatre semaines d'échantillonnage.

** Nombre total de mâles et de femelles uniques ayant été identifiés au cours de la durée du projet.

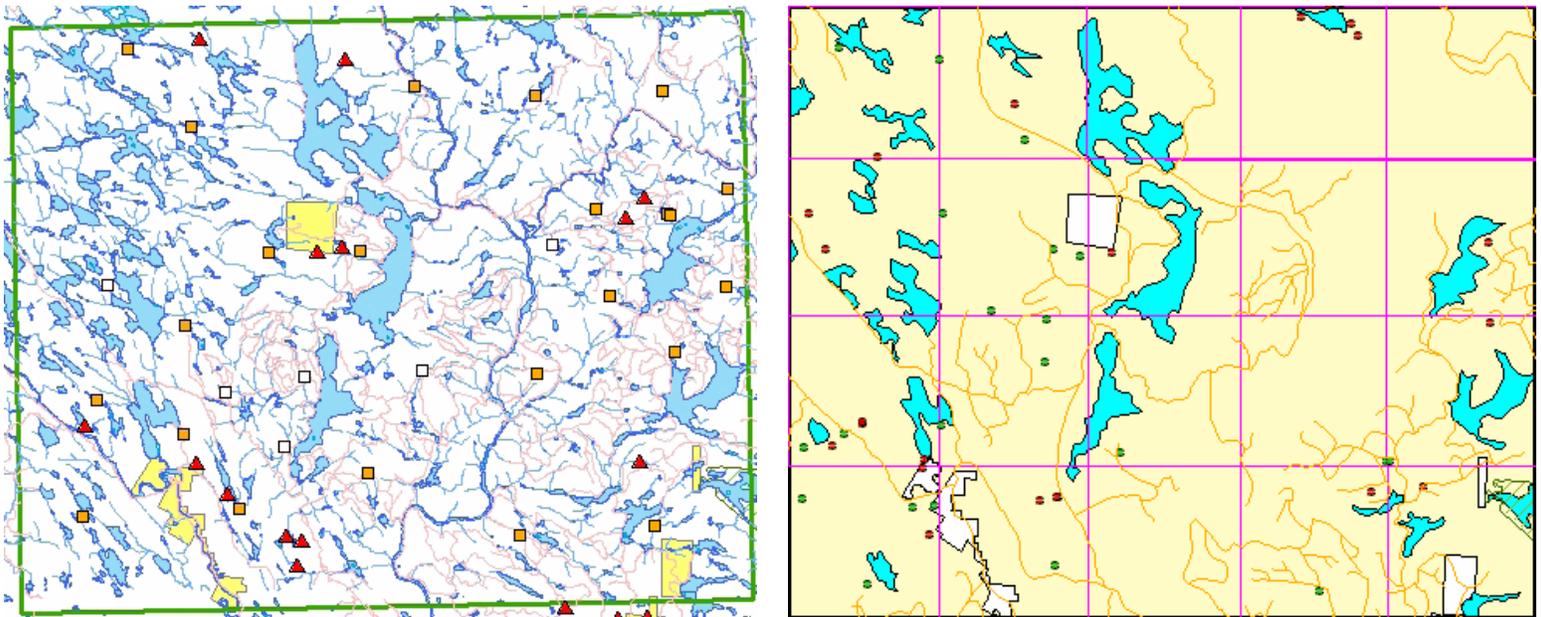


Figure 16. Comparaison de la répartition spatiale des captures lors de l'inventaire 2005 (gauche) avec celle des lieux de mortalités de l'ours noir enregistrés en 2003-2004 (droite), dans le secteur Bois-Francis. La majorité du secteur est située sur des terres publiques. Dans la figure de gauche, les stations visitées par un ours à au moins une reprise lors de l'inventaire sont notées par un carré orange, alors que les lieux de mortalités en 2005 sont désignés par un triangle rouge. Dans la figure de droite, les cercles verts et rouges font respectivement référence aux années 2003 et 2004. Cartes réalisées par Jean-René Moreau.

L'analyse génétique avait permis d'identifier au moins un génotype à 95,5% des stations visitées par les ours (tableau 12) et cette proportion aurait probablement été supérieure si l'on considère qu'au minimum 15 stations avaient reçu la visite de plus d'un ours (ours multiples). Deux éléments sont particulièrement intéressants à noter dans ce secteur. Premièrement, le nombre d'individus uniques identifiés au terme de l'étude (45) est plutôt élevé lorsque comparé au nombre total de stations où un génotype a été déterminé (63). Le taux d'unicité, calculé comme étant le ratio du nombre d'individus distincts sur le nombre de stations avec génotype(s) connu(s), est donc de 71,4% et constitue le deuxième taux le plus élevé parmi les six blocs d'étude, après Namur. Ce résultat provient essentiellement du fait qu'il y a eu beaucoup moins d'événements de recapture dans ce secteur (22) par rapport à celui de la ZEC Pontiac (37). Conséquemment, le taux moyen de recapture était de 39,8% (tableau 12), comparativement à 55,3% pour le secteur ZEC Pontiac.

Deuxièmement, le sexe ratio du secteur Bois-Francs était nettement mieux équilibré que celui de la ZEC Pontiac. En effet, le sexe ratio global ne comportait aucun biais tel qu'indiqué par les 22 mâles et les 23 femelles uniques qui y ont été identifiés. Bois-Francs constitue d'ailleurs l'un des deux secteurs échantillonnés, avec Papineau-Labelle, avec un sexe ratio très près de 1 : 1. Il a néanmoins subi des fluctuations importantes au cours de l'inventaire, étant légèrement en faveur des mâles au début de l'étude et nettement à l'avantage des femelles au terme de l'étude (tableau 12). Il y a eu respectivement neuf et treize recaptures de mâles et de femelles. Plus précisément, 10 des 23 femelles identifiées dans le secteur Bois-Francs (43,5%) ont été recapturées à au moins une reprise, dont neuf à une même station d'échantillonnage qu'une capture antérieure. De la même façon, seulement cinq des 22 mâles identifiés (22,7%) ont été recapturés à au moins une reprise, dont trois à une même station d'échantillonnage qu'une capture antérieure. D'un point de vue global, les recaptures effectuées dans le secteur Bois-Francs l'ont été à une même station que la capture précédente dans 68,2% des cas, généralement (86,4%) à l'intérieur d'une semaine d'intervalle (figures 17 et 18). Deux recaptures (9,1%) ont été effectuées la même semaine que la capture précédente (à des stations différentes), 17 (77,3%) l'ont été à une semaine d'intervalle alors que trois recaptures (13,6%) ont été notées à deux semaines d'intervalle.

À la lumière de ces résultats, il existe donc des différences évidentes entre les secteurs ZEC Pontiac et Bois-Francs et ce, malgré leur proximité géographique et leurs caractéristiques physiques similaires. Cette question est abordée de nouveau dans la section 7.1.1.1.

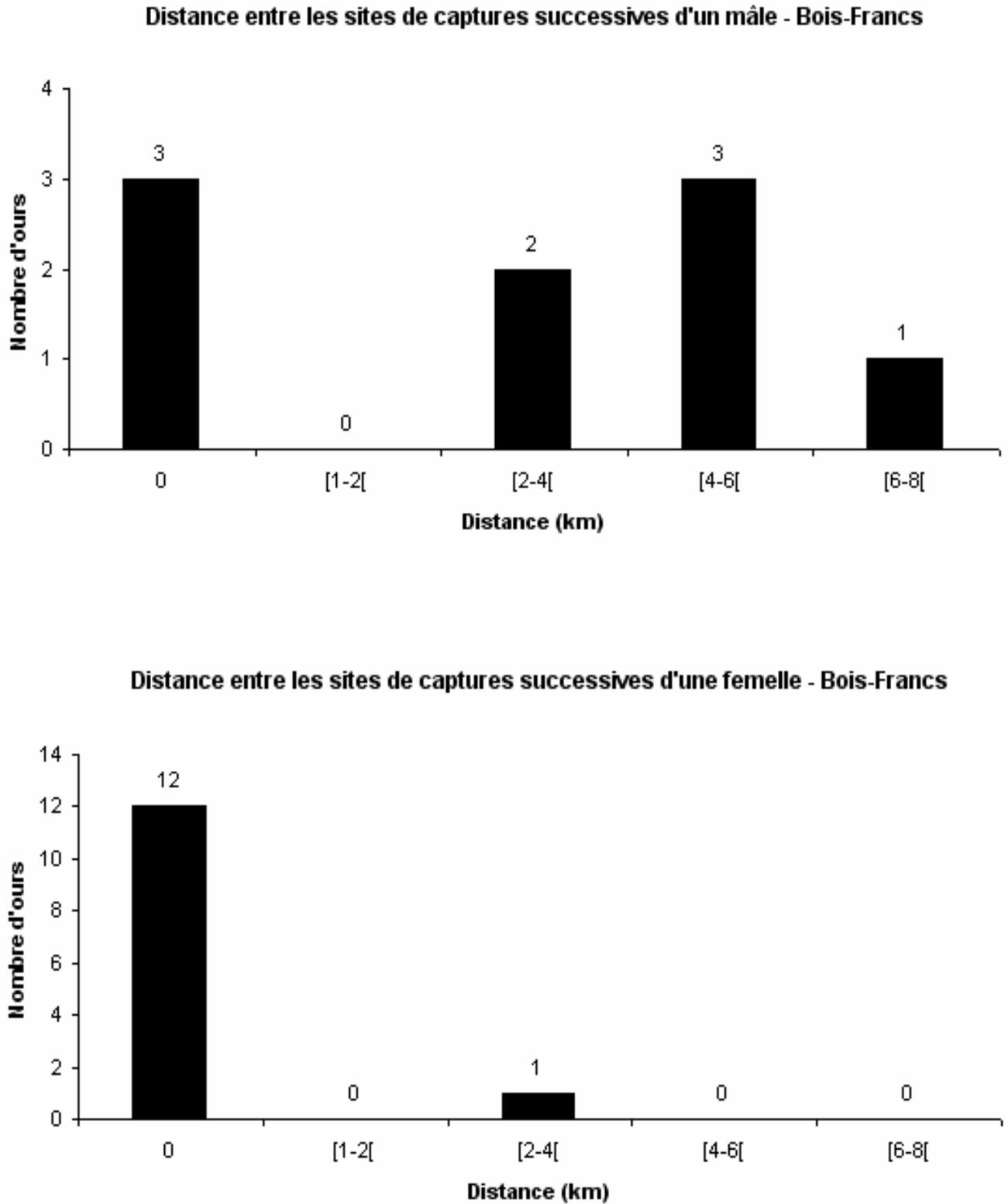


Figure 17. Distance parcourue par les individus mâles (figure du haut) et par les individus femelles (figure du bas) entre deux captures successives, dans le secteur Bois-Francis.

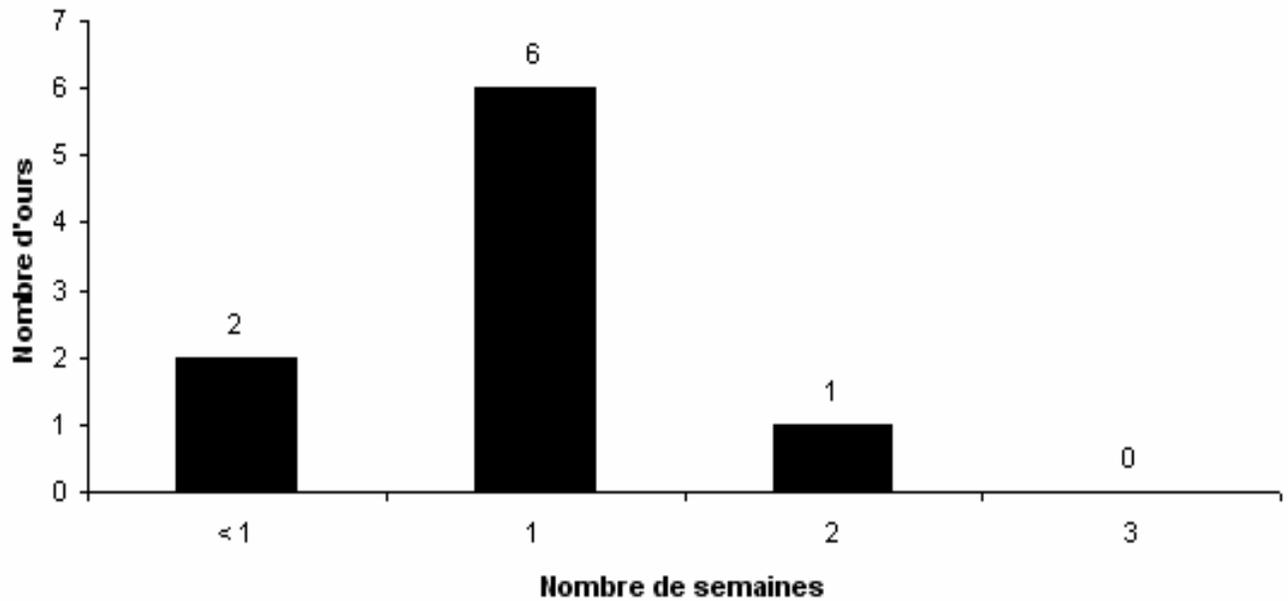
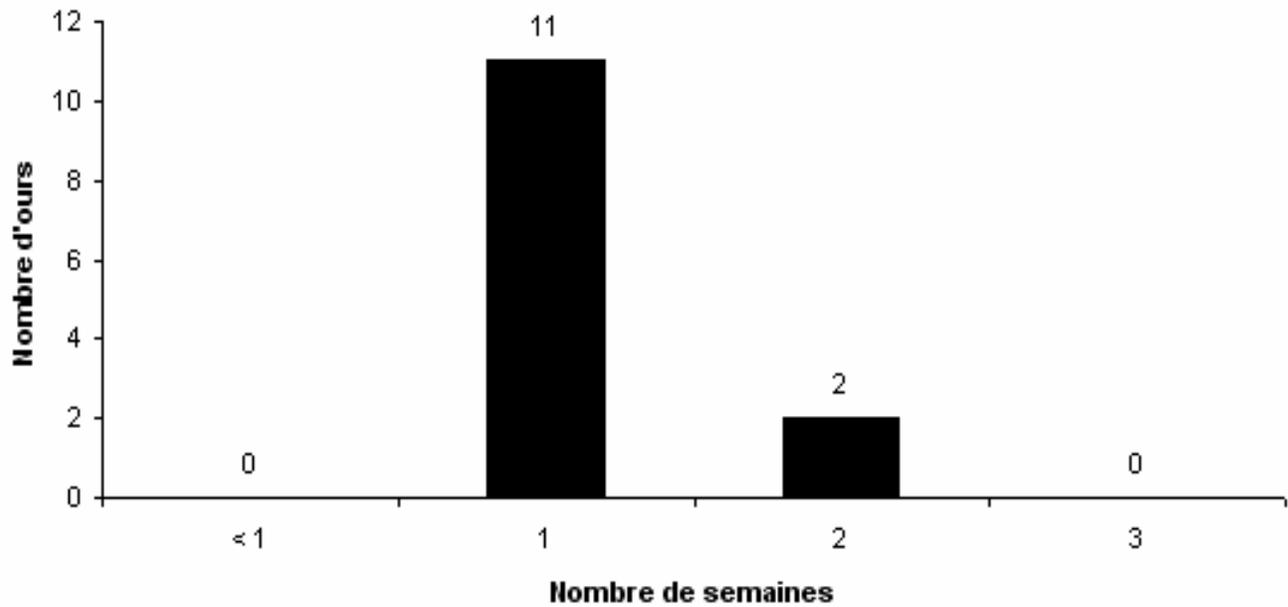
Temps écoulé entre deux captures successives d'un mâle - Bois-Francis**Temps écoulé entre deux captures successives d'une femelle - Bois-Francis**

Figure 18. Temps écoulé entre deux captures successives d'un individu mâle (figure du haut) et d'un individu femelle (figure du bas), dans le secteur Bois-Francis.

5.3.2 Évaluation de la fermeture démographique

Les résultats du test de la fermeture démographique de Stanley et Burnham (1999) suggèrent que la prémisses de la fermeture était sévèrement violée ($P = 0,02598$), avec des événements d'émigration en apparence très importants entre chaque session d'échantillonnage (figure 19). De tous les secteurs où le test de Stanley et Burnham (1999) a été appliqué avec succès, le secteur Bois-Francis représente le secteur où la fermeture du système semblait la moins respectée.

Stanley & Burnham Closure Test (Low p-value suggest population not closed):
 Chi-square statistic= 9.26375
 df= 3.
 p-value= 0.02598

Component Statistics of Stanley & Burnham Closure Test

Component	Chi-square	df	p-value
Tests for additions to population (Low p-values suggest there were additions)			
NR vs JS	0.09643	1.	0.75616
M_t vs NM	0.57257	1.	0.44924
Tests for losses from population (Low p-values suggest there were losses)			
M_t vs NR	9.16732	2.	0.01022
NM vs JS	8.69118	2.	0.01296

Subcomponent Statistics of the NR vs JS Test

(Low p-values on the j-th occasion indicates there were additions to the population between occasions j and j+1)

Occasion	Chi-square	df	p-value
2	Insufficient data for test		
3	0.09643	1.	0.75616

Subcomponent Statistics of the NM vs JS Test

(Low p-values on the j-th occasion indicates there were losses from the population between occasions j-1 and j)

Occasion	Chi-square	df	p-value
2	3.89118	1.	0.04854
3	4.80000	1.	0.02846

Figure 19. Résultats du test de la fermeture démographique de Stanley et Burnham (1999) pour le secteur Bois-Francis, obtenus à l'aide du programme CloseTest (Stanley et Richard 2005).

5.3.3 Estimation de l'abondance et de la densité d'ours noirs

L'information de capture nécessaire au programme MARK à des fins d'estimation de l'abondance de l'ours noir dans le secteur Bois-Francs est résumée dans le tableau 13. Des huit modèles de CAPTURE qui ont été recréés dans le programme MARK, seulement cinq ont été retenus dans le calcul de la moyenne pondérée (« model averaging ») de l'abondance; il était impossible d'estimer adéquatement plusieurs paramètres dans les modèles plus complexes. Conséquemment, l'estimé d'abondance issu de ces modèles complexes était très peu fiable et ne pouvait être utilisé dans le calcul de la moyenne pondérée. Les modèles retenus, ainsi que le poids relatif de chacun de ces modèles, sont présentés dans le tableau 14.

Tableau 13. Informations de capture requises par le programme MARK à des fins d'estimation de l'abondance de l'ours noir dans le secteur Bois-Francs.

BOIS-FRANCS	Session 1	Session 2	Session 3	Session 4	Total
Total des captures	13	17	20	15	65
Nouvelles captures	13	14	13	5	45
% recaptures	-	17.6	35.0	66.7	-
# ours capturés 1 → 4 fois	30	11	3	1	45

Tableau 14. Description des modèles retenus dans le calcul de la moyenne pondérée de l'abondance d'ours noirs dans le secteur Bois-Francs. Résultats obtenus à l'aide du programme MARK (White et Burnham 1999).

Modèle	Poids	Estimé	Écart-type
M(o)	0,5493	65,87	9,19
M(b)	0,1979	68,65	21,28
M(h)	0,1679	74,12	18,09
M(t)	0,0709	65,41	9,05
M(tb)	0,0141	57,75	8,72
Moyenne pondérée		67,66	13,06
Intervalle de confiance (95%)		[45,00 - 96,96]	

À la lumière des résultats du programme MARK, les modèles M(o), M(b) et M(h) constituaient les trois modèles les plus parcimonieux pour les données du secteur Bois-Francis. Tout comme dans le secteur ZEC Pontiac, le modèle qui supportait le mieux les données était le modèle nul M(o), suggérant ainsi l'absence d'une variation de la probabilité de capture entre les individus. À noter cependant un support $\approx 2,8$ fois plus élevé pour ce modèle comparativement au second. Il ne faut toutefois pas exclure la possibilité d'une variation de la probabilité de capture suite à la première capture (M(b)), ni celle d'une variation de la probabilité de capture entre les individus (M(h)). En considérant les cinq modèles retenus, le programme MARK suggère un estimé pondéré de l'abondance de $68 \pm 13,06$ individus. Il s'agit de la plus forte abondance estimée dans les six blocs à l'étude. La précision de cet estimé, calculée par le coefficient de variation (CV), est donc de $(13,06 / 68) * 100 = 19,21\%$. L'objectif d'une précision située entre 15 et 20% a donc été en apparence atteint (Goudreault *et al.* 2005). Cependant, tel que discuté plus loin dans le rapport (section 7.3.2), l'exactitude et la précision de cet estimé d'abondance doivent être interprétées avec prudence étant donné le biais potentiellement très important affectant ces deux paramètres.

La première méthode d'estimation de la densité d'ours noirs ($\hat{N} / 500 \text{ km}^2$) conférait un estimé de 1,36 ours / 10 km^2 . En considérant quatre des cinq modèles retenus dans l'estimation d'abondance (le modèle M(tb) ne pouvait être utilisé), le programme DENSITY 3.3 (Efford *et al.* 2004) estimait quant à lui la densité à 2,15 ours / 10 km^2 ($\pm 1,13$ ours). Le tableau 15 présente les résultats du programme DENSITY 3.3, qui doivent être interprétés encore une fois avec prudence.

Tableau 15. Description des modèles retenus dans le calcul de la moyenne pondérée de la densité d'ours noirs, secteur Bois-Francis. La densité est exprimée comme étant le nombre d'ours / 10 km^2 . Les résultats étaient obtenus à l'aide du programme DENSITY 3.3 (Efford *et al.* 2004).

Modèle	Poids	Estimé	Écart-type
M(o)	0,5493	2,15	0,49
M(b)	0,1979	2,18	3,46
M(h)	0,1679	2,28	0,82
M(t)	0,0709	2,13	0,53
Moyenne pondérée		2,15	1,13

5.4 Analyse du bloc C : LadySmith

Type d'habitat : Agroforestier avec forte déprédation

Niveau d'exploitation/mortalité de l'ours noir : Fort

5.4.1 Données de capture

Le bloc C est celui dans lequel le nombre total de stations visitées par les ours était le plus élevé parmi les secteurs où la présence humaine est davantage marquée (41, tableau 16). Le nombre de stations visitées à chaque session d'échantillonnage se situait généralement autour de dix et atteignait un maximum de 14 lors de la deuxième session. Le succès moyen de capture était de 36,6% ($\pm 9,4$), soit un peu plus d'une station sur trois.

La répartition spatiale des captures présentait des contrastes importants avec celle des lieux de mortalités enregistrés entre 2003 et 2005 dans ce secteur (figure 20). L'inventaire suggérait une distribution uniforme des captures (29) au sud des routes 301 et 366, deux routes qui ensemble traversent le secteur LadySmith d'est en ouest. Seulement 12 mentions de capture avaient été faites au nord de ces routes. À l'inverse, en 2003-2004, les mortalités étaient surtout distribuées uniformément au nord des routes 301 et 366, à l'exception de cas isolés le long du chemin de Greer Mount (centre), près du lac Green (sud-ouest) et dans le secteur sud-est de la grille. En 2005, les mortalités étaient distribuées uniformément au sud des routes 301 et 366 (tout comme l'inventaire), mais il y avait aussi des mortalités massives à des endroits précis de la grille tels le lac Ruthledge (sud-est) et le lac Leslie (nord-ouest). Lors de l'inventaire, aucune capture n'avait été notée près du lac Ruthledge et seulement deux captures étaient situées à proximité du lac Leslie. Ces résultats suggèrent d'abord que l'ours était moins présent en 2005 dans les régions où des mortalités avaient été notées en 2003-2004. De plus, le fait que la répartition spatiale de l'ours noir varie non seulement entre les années, mais également à l'intérieur même d'une année (2005), suggère que l'ours effectue des déplacements importants à l'intérieur du secteur LadySmith.

Onze stations (n°2, 6, 11A, 11B, 11C, 12, 14, 15E, 16, 17 et 20) n'ont pas reçu la visite d'un ours au cours du projet, dont huit au nord des routes 301 et 366. Fait intéressant, le raton laveur était très présent dans le secteur LadySmith, avec plus de 42 mentions au cours de l'inventaire.

Tableau 16. Informations relatives à la capture de l'ours noir dans le bloc C (LadySmith) pour chacune des quatre semaines d'échantillonnage.

Sessions d'échantillonnage	# stations avec poils	# stations avec génotype(s)	# individus différents	# mâles différents	# femelles différentes	Taux de recapture (%)
11/14 juillet (A)	9	6	5	3	2	–
18/21 juillet (B)	14	12	13	8	5	30.8
25/28 juillet (C)	8	7	6	2	4	33.3
1/4 août (D)	10	8	7	5	2	57.1
Total	41	33	21*	13**	8**	–

* Nombre d'individus différents ayant été identifiés au cours des quatre semaines d'échantillonnage.

** Nombre total de mâles et de femelles uniques ayant été identifiés au cours de la durée du projet.

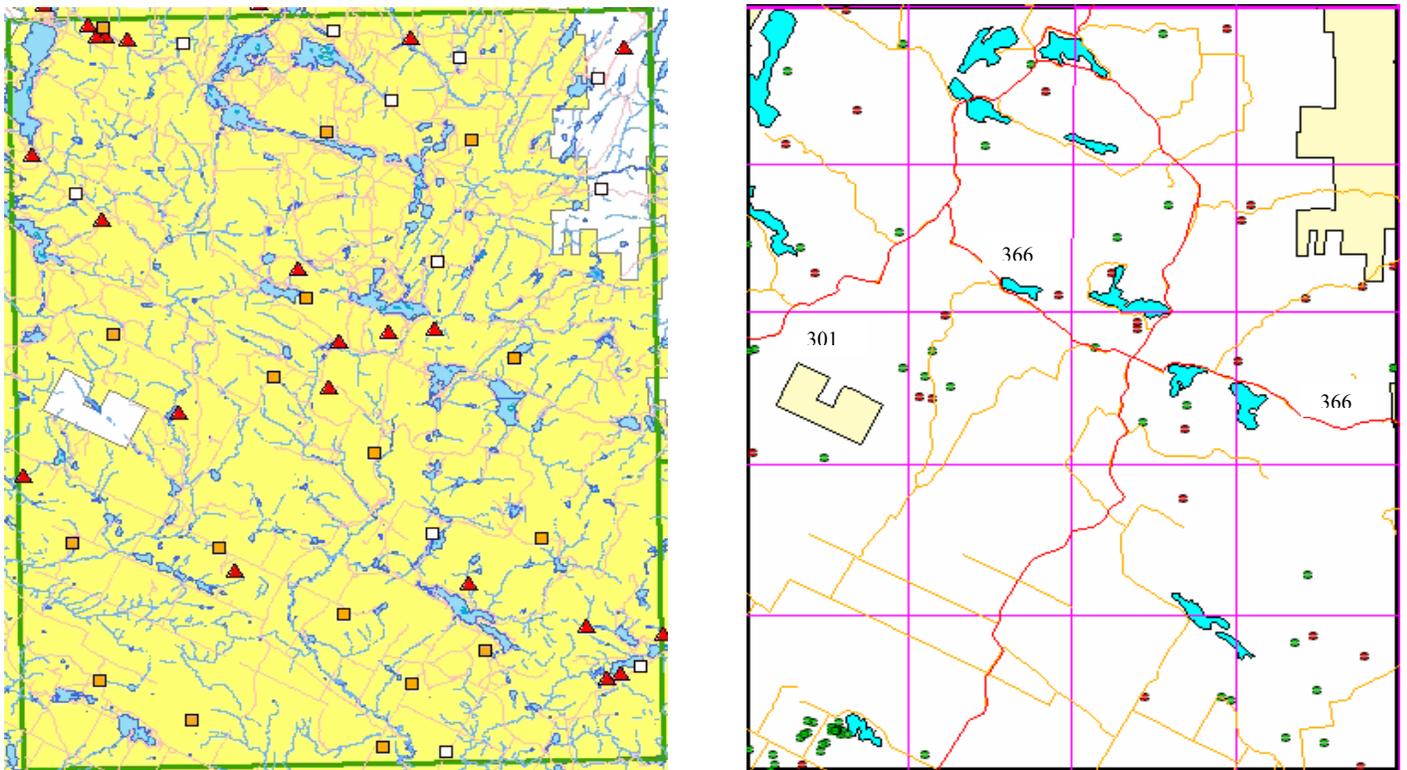


Figure 20. Comparaison de la répartition spatiale des captures lors de l'inventaire 2005 (gauche) avec celle des lieux de mortalités de l'ours noir enregistrés en 2003-2004 (droite), dans le secteur LadySmith. La majorité du secteur est située sur des terres privées. Dans la figure de gauche, les stations visitées par un ours à au moins une reprise lors de l'inventaire sont notées par un carré orange, alors que les lieux de mortalités en 2005 sont désignés par un triangle rouge. Dans la figure de droite, les cercles verts et rouges font respectivement référence aux années 2003 et 2004. Cartes réalisées par Jean-René Moreau.

L'analyse génétique avait permis d'identifier au moins un génotype à 80,5% des stations visitées par les ours (tableau 16). Cette proportion, nettement inférieure à celle des blocs situés en milieu forestier inoccupé, est probablement attribuable à la présence fréquente de poils de raton laveur dans les échantillons de poils d'ours. Bien que tout ait été mis en œuvre afin de ne pas utiliser les poils de raton laveur, il se peut qu'il y ait eu confusion entre les poils des deux espèces au moment de l'extraction d'ADN. Cela aurait potentiellement affecté négativement l'étape d'amplification des poils d'ours, de sorte que les génotypes étaient plus difficiles à obtenir. Le phénomène des ours multiples ne semble pas avoir joué un rôle important dans le secteur LadySmith, car seulement 12,1% des stations avaient reçu la visite de plus d'un ours. Il s'agit du taux d'ours multiples le plus faible parmi les six secteurs échantillonnés. Cela appuie l'hypothèse voulant que les poils de raton laveur soient responsables de la proportion réduite des stations dans lesquelles un génotype a été identifié clairement.

Le nombre d'individus uniques identifiés au terme de l'étude (21) confère un taux d'unicité de 63,6%. Le nombre total de recaptures était seulement de 14, résultant en un taux moyen de recapture (40,4%) plus faible que celui observé dans le secteur LadySmith relativement aux autres secteurs. Les mâles semblaient légèrement plus nombreux que les femelles dans la grille au moment de l'échantillonnage, tel qu'indiqué par les treize mâles et les huit femelles qui ont été identifiés. Avec Namur, il s'agit du seul bloc d'étude où le sexe ratio global était à l'avantage des mâles (1,63 mâle : 1 femelle). Le sexe ratio variait très peu dans le temps. Lorsque les recaptures sont examinées en considérant le sexe des individus, il est possible de constater que les mâles et les femelles ont engendré respectivement six et huit recaptures. Toutefois, il est important de préciser que six des huit recaptures de femelles ont été engendrées par le même individu (#61; annexe 6). Ainsi, seulement trois des huit femelles identifiées dans le secteur LadySmith (37,5%) ont été recapturées à au moins une reprise, toutes à une même station d'échantillonnage qu'une capture antérieure. De la même façon, quatre des 13 mâles identifiés (30,8%) ont été recapturés à au moins une reprise, dont trois à une même station d'échantillonnage qu'une capture antérieure. D'un point de vue global, les recaptures effectuées dans le secteur LadySmith l'ont été à une même station que la capture précédente dans 57,1% des cas, généralement (85,7%) à l'intérieur d'une semaine d'intervalle (figures 21 et 22). Quatre recaptures (28,6%) ont été effectuées la même semaine que la capture précédente (à des stations différentes), huit (57,1%) l'ont été à une semaine d'intervalle alors que deux recaptures (14,3%) ont été notées à deux semaines d'intervalle.

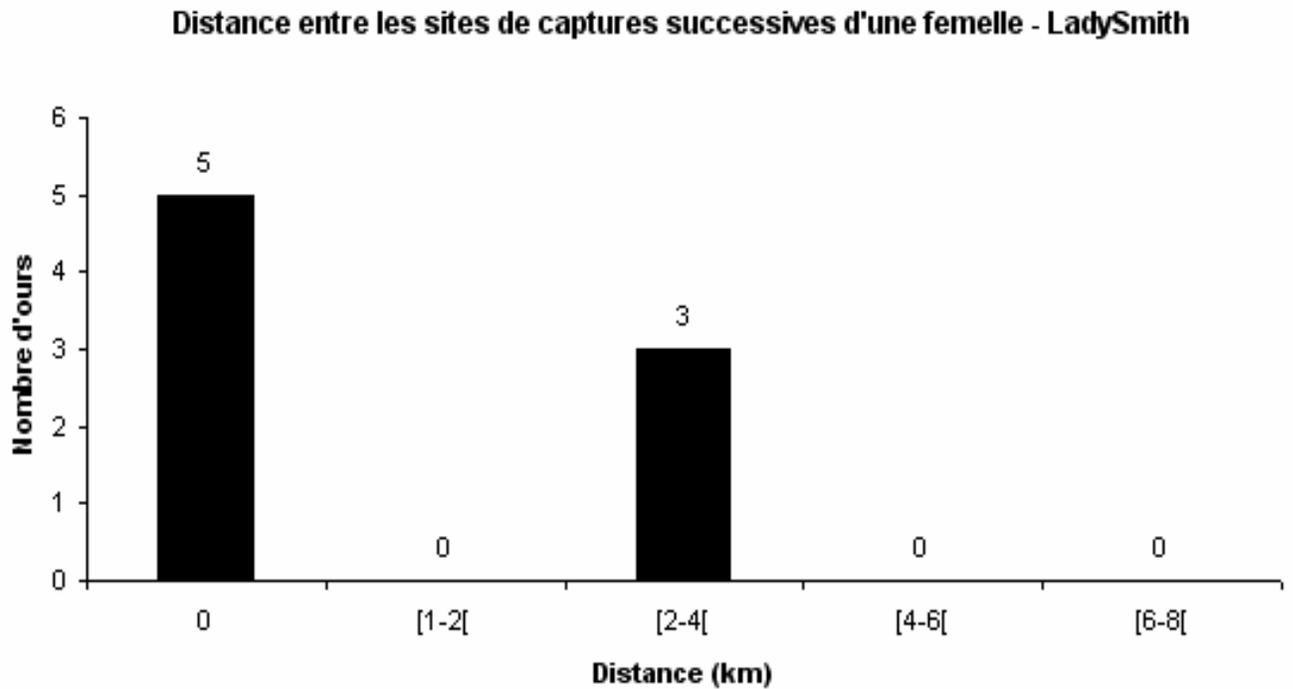
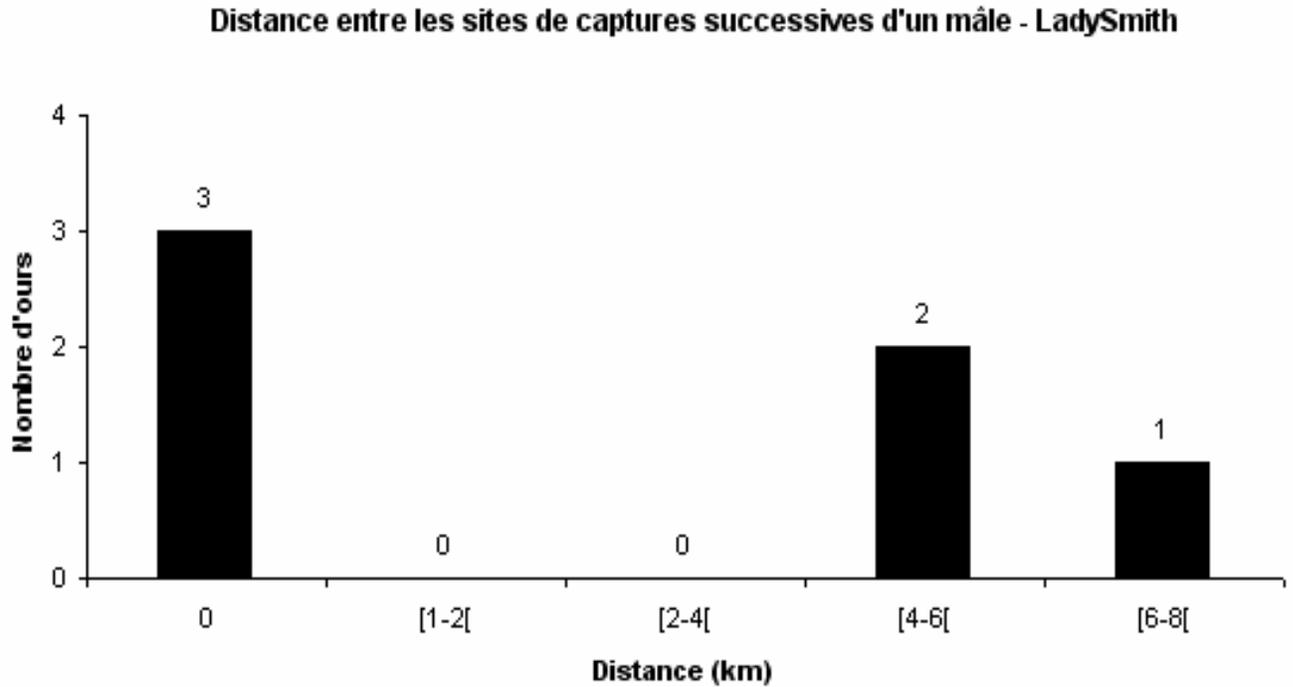


Figure 21. Distance parcourue par les individus mâles (figure du haut) et par les individus femelles (figure du bas) entre deux captures successives, dans le secteur LadySmith.

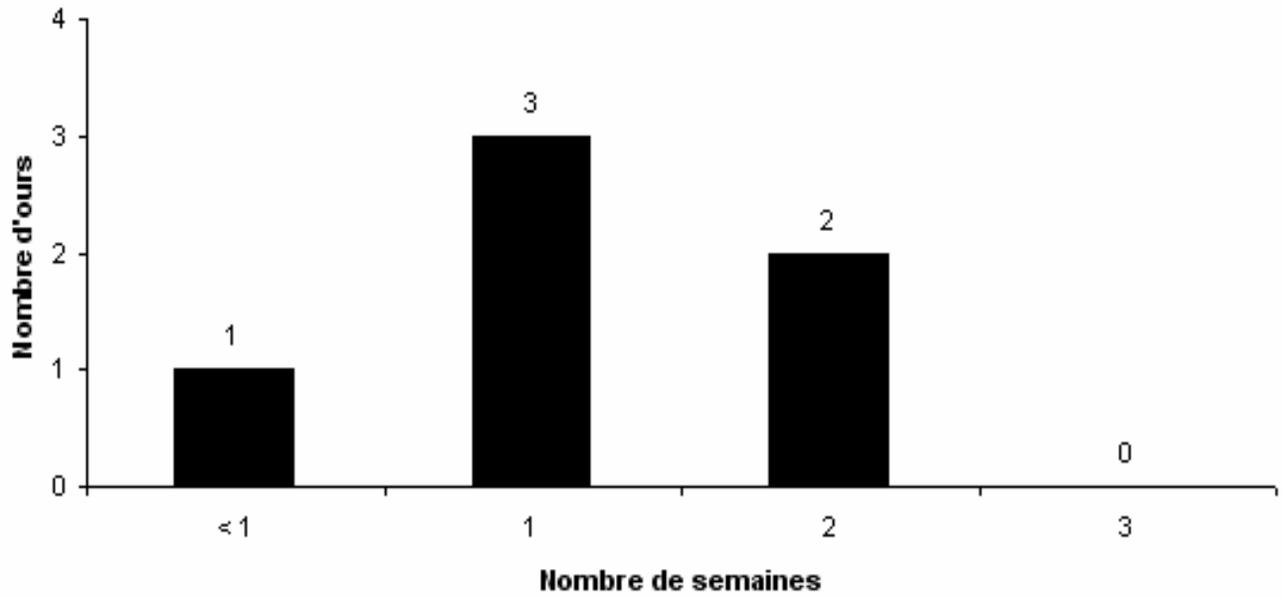
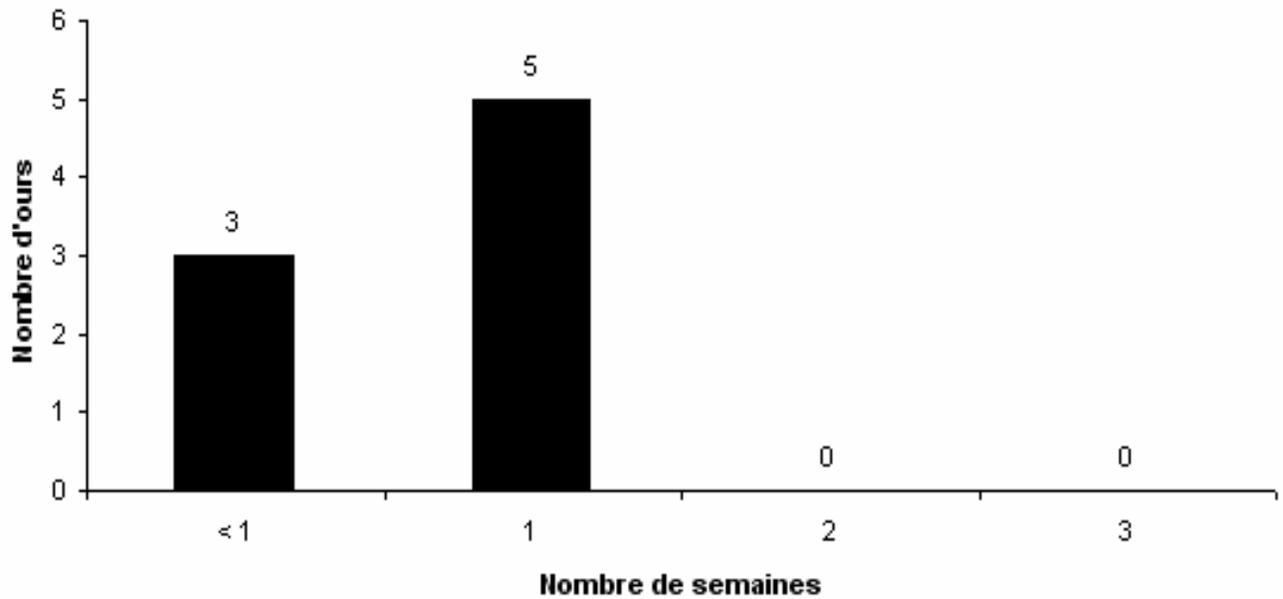
Temps écoulé entre deux captures successives d'un mâle - LadySmith**Temps écoulé entre deux captures successives d'une femelle - LadySmith**

Figure 22. Temps écoulé entre deux captures successives d'un individu mâle (figure du haut) et d'un individu femelle (figure du bas), dans le secteur LadySmith.

5.4.2 Évaluation de la fermeture démographique

Les résultats du test de la fermeture démographique de Stanley et Burnham (1999) suggèrent a priori que la prémisse de la fermeture était relativement bien respectée ($P = 0,54820$, figure 23). Cependant, lorsque les composantes du test sont examinées de plus près, il est possible de constater que le test n'a pu être effectué adéquatement étant donné une taille d'échantillons trop faible; il est donc très risqué d'inférer sur le degré de fermeture du secteur sur la base du programme CloseTest.

Stanley & Burnham Closure Test (Low p-value suggest population not closed):
 Chi-square statistic= 1.20222
 df= 2.
 p-value= 0.54820

Component Statistics of Stanley & Burnham Closure Test

Component	Chi-square	df	p-value
Tests for additions to population (Low p-values suggest there were additions)			
NR vs JS	0.00000	0.	1.00000
M_t vs NM	-1.00000	0.	1.00000
Tests for losses from population (Low p-values suggest there were losses)			
M_t vs NR	1.20222	2.	0.54820
NM vs JS	0.00000	0.	1.00000

Subcomponent Statistics of the NR vs JS Test

(Low p-values on the j-th occasion indicates there were additions to the population between occasions j and j+1)

Occasion	Chi-square	df	p-value
2	Insufficient data for test		
3	Insufficient data for test		

Subcomponent Statistics of the NM vs JS Test

(Low p-values on the j-th occasion indicates there were losses from the population between occasions j-1 and j)

Occasion	Chi-square	df	p-value
2	Insufficient data for test		
3	Insufficient data for test		

Figure 23. Résultats du test de la fermeture démographique de Stanley et Burnham (1999) pour le secteur LadySmith, obtenus à l'aide du programme CloseTest (Stanley et Richard 2005). Le test n'a pu être effectué adéquatement étant donné une taille d'échantillons trop faible.

5.4.3 Estimation de l'abondance et de la densité d'ours noirs

L'information de capture nécessaire au programme MARK à des fins d'estimation de l'abondance de l'ours noir dans le secteur LadySmith est résumée dans le tableau 17. Des huit modèles de CAPTURE qui ont été recréés dans le programme MARK, seulement cinq ont été retenus dans le calcul de la moyenne pondérée (« model averaging ») de l'abondance; il était impossible d'estimer adéquatement bon nombre de paramètres dans les modèles plus complexes. Pour cette raison, l'estimé issu de ces modèles n'a pas été utilisé dans le calcul de la moyenne pondérée. Les modèles retenus, ainsi que le poids relatif de chacun de ces modèles, sont présentés dans le tableau 18.

Tableau 17. Informations de capture requises par le programme MARK à des fins d'estimation de l'abondance de l'ours noir dans le secteur LadySmith.

LADYSMITH	Session 1	Session 2	Session 3	Session 4	Total
Total des captures	5	13	6	7	31
Nouvelles captures	5	9	4	3	21
% recaptures	-	30.8	33.3	57.1	-
# ours capturés 1 → 4 fois	14	5	1	1	21

Tableau 18. Description des modèles retenus dans le calcul de la moyenne pondérée de l'abondance d'ours noirs dans le secteur LadySmith. Résultats obtenus à l'aide du programme MARK (White et Burnham 1999).

Modèle	Poids	Estimé	Écart-type
M(o)	0,2962	29,00	5,48
M(t)	0,2885	27,61	4,87
M(tb)	0,1791	28,89	7,72
M(h)	0,1348	33,29	9,80
M(b)	0,1015	29,89	11,64
Moyenne pondérée		29,25	6,91
Intervalle de confiance (95%)		[21,00 - 43,94]	

Le modèle M(o) constituait une fois de plus le modèle le plus parcimonieux parmi les cinq modèles retenus. Toutefois, le modèle M(t) supportait presque aussi bien les données, ce qui suggère une potentielle variation de la probabilité de capture dans le temps. Enfin, les modèles M(tb), M(h) et M(b) avaient tous un poids relatif plus faible, mais non négligeable, suggérant respectivement une potentielle variation de la probabilité de capture suite à la première capture et dans le temps (M(tb)), une potentielle variation de la probabilité de capture entre les individus (M(h)) et une potentielle variation de la probabilité de capture suite à la première capture seulement (M(b)). Sur la base de ces cinq modèles, le programme MARK propose un estimé pondéré de l'abondance de $30 \pm 6,91$ individus. Il s'agit de l'estimé d'abondance le plus élevé parmi les trois secteurs caractérisés par une présence humaine davantage marquée. La précision de cet estimé, calculée par le coefficient de variation (CV), est de 23,03%. Il s'agit d'un taux de précision légèrement inférieur à celui espéré (15-20%, Goudreault *et al.* 2005). Toutefois, tel que discuté plus loin dans le rapport (section 7.3.2), l'exactitude et la précision de cet estimé d'abondance doivent être interprétées avec prudence étant donné le biais potentiellement très important affectant ces deux paramètres.

La première méthode d'estimation de la densité d'ours noirs ($\hat{N} / 500 \text{ km}^2$) conférait un estimé de 0,60 ours / 10 km^2 . Le programme DENSITY 3.3 (Efford *et al.* 2004) n'a pu être utilisé adéquatement étant donné un manque d'échantillons dans ce secteur.

5.5 Analyse du bloc D : Cawood

Type d'habitat : Forestier avec villégiature

Niveau d'exploitation/mortalité de l'ours noir : Fort

5.5.1 Données de capture

Le nombre total de stations visitées dans le bloc D était très faible, soit 15 pour la durée complète de l'étude (tableau 19). Sur une base hebdomadaire, il n'a jamais dépassé 5. Ces résultats de capture sont très étonnants étant donné le nombre élevé de mortalités enregistrées au cours des trois dernières années dans ce secteur, ce qui laissait présager une abondance considérable d'ours noirs. Le succès moyen de capture était de 13,4% ($\pm 5,4$), soit un peu plus d'une station sur huit.

La répartition spatiale des captures suggérait une présence d'ours plus abondante au centre de la grille et dans sa partie nord-est. Aucune capture n'avait été signalée dans la partie nord-ouest ainsi que dans l'extrémité sud de la grille (figure 24). Ces résultats contrastent fortement avec ceux des lieux de mortalités enregistrés au cours des trois dernières années, alors qu'une très forte concentration de mortalités d'ours noir avait été signalée dans la partie nord-ouest. En 2005 par exemple, plus de la moitié des mortalités étaient localisées près des lacs Copeland et O'Brien, un secteur utilisé par les clients de la pourvoirie Aimé Beaugard. Tout comme dans l'inventaire 2005 toutefois, quelques mortalités avaient été notées dans les parcelles du centre et aucune à l'extrémité sud de la grille. Pris globalement, ces résultats suggèrent que la partie nord-ouest de la grille est propice à certains moments de l'année à de fortes densités d'ours. Également, le fait que la répartition spatiale de l'ours noir lors de l'inventaire différait sensiblement de celle des lieux de mortalités en 2005 suggère que l'ours effectue des déplacements relativement importants à l'intérieur du secteur Cawood au cours d'une année.

Seulement neuf stations (n°3, 4, 8, 9, 12, 14, 16A, 16D et 18) ont reçu la visite d'un ours au cours du projet, dont cinq à plus d'une reprise. Le raton laveur était très présent dans le secteur Cawood, avec plus de 60 mentions au cours de la durée du projet. Cet effectif a toutefois diminué au fil des semaines (18, 22, 13 et 7), ce qui suggère que le raton laveur était de moins en moins enclin à visiter une station dont il connaissait la difficulté à obtenir l'appât.

Tableau 19. Informations relatives à la capture de l'ours noir dans le bloc D (Cawood) pour chacune des quatre semaines d'échantillonnage.

Sessions d'échantillonnage	# stations avec poils	# stations avec génotype(s)	# individus différents	# mâles différents	# femelles différentes	Taux de recapture (%)
12-13 juillet (A)	5	4	4	1	3	–
19-20 juillet (B)	3	2	2	0	2	0.0
26-27 juillet (C)	5	5	6	2	4	50.0
2-3 août (D)	2	2	2	0	2	100.0
Total	15	13	9*	2**	7**	–

* Nombre d'individus différents ayant été identifiés au cours des quatre semaines d'échantillonnage.

** Nombre total de mâles et de femelles uniques ayant été identifiés au cours de la durée du projet.

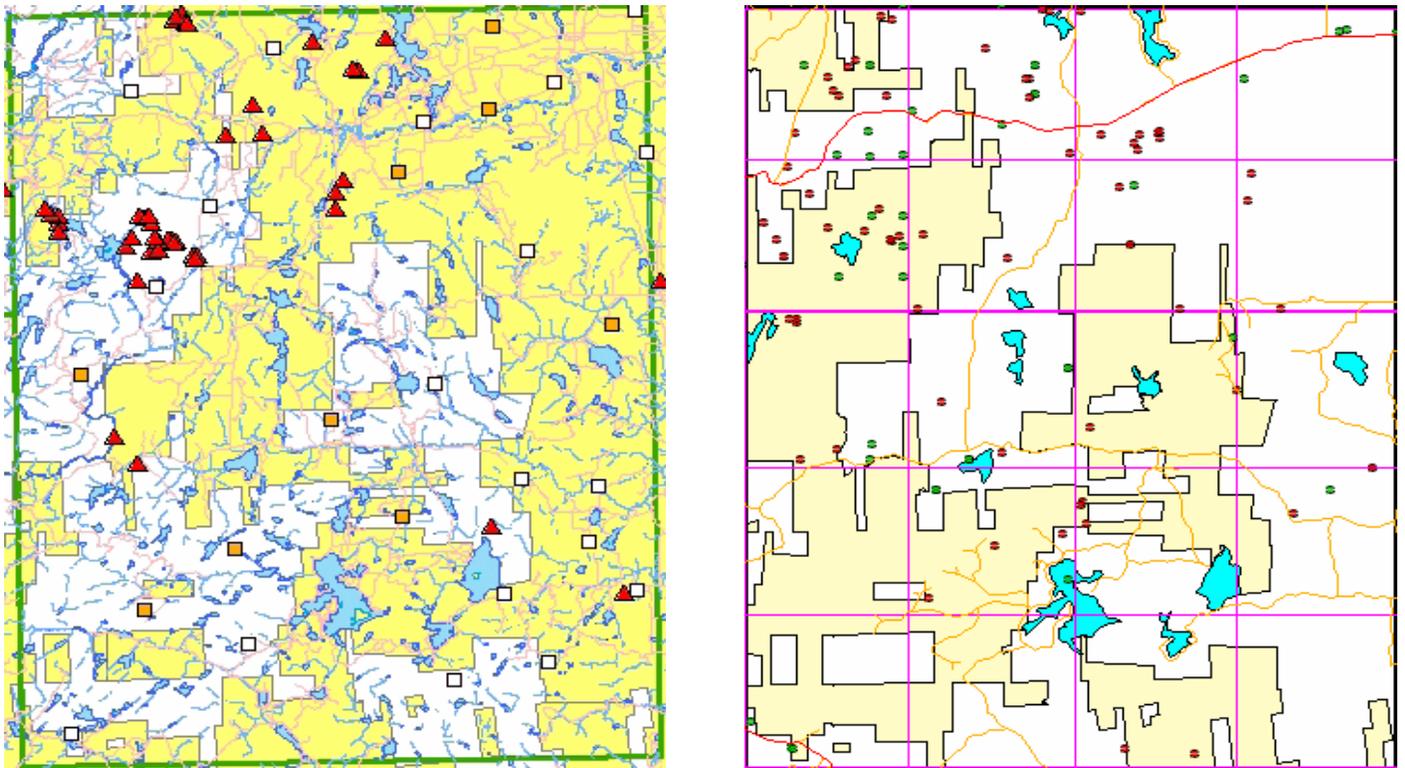


Figure 24. Comparaison de la répartition spatiale des captures lors de l'inventaire 2005 (gauche) avec celle des lieux de mortalités de l'ours noir enregistrés en 2003-2004 (droite), dans le secteur Cawood. La majorité du secteur est située sur des terres privées. Dans la figure de gauche, les stations visitées par un ours à au moins une reprise lors de l'inventaire sont notées par un carré orange, alors que les lieux de mortalités en 2005 sont désignés par un triangle rouge. Dans la figure de droite, les cercles verts et rouges font respectivement référence aux années 2003 et 2004. Cartes réalisées par Jean-René Moreau.

L'analyse génétique avait permis d'identifier au moins un génotype à 86,7% des stations visitées par les ours (tableau 19). Cette proportion est inférieure à celle des blocs situés en milieu forestier inoccupé et tout comme dans le cas de LadySmith, le raton laveur en est probablement la cause. Il faut toutefois préciser que la faible taille d'échantillons récoltés rend difficile l'interprétation des données de ce secteur. Le phénomène des ours multiples semblait assez important car près du tiers des stations (30,8%) avait reçu la visite de plus d'un ours.

Le nombre d'individus uniques identifiés au terme de l'étude (neuf) confère un taux d'unicité de 69,2%. Le nombre total de recaptures était seulement de cinq, ce qui pourrait expliquer le faible taux moyen de recapture (50,0%) observé dans le secteur Cawood. Contrairement au secteur LadySmith, les femelles semblaient légèrement plus nombreuses que les mâles dans la grille au moment de l'échantillonnage, tel qu'indiqué par les sept femelles et les deux mâles qui ont été identifiés. Le sexe ratio des captures variait très peu dans le temps. Les femelles ont engendré quatre recaptures, comparativement à une seule pour les mâles. Plus précisément, trois des sept femelles identifiées dans le secteur Cawood (42,9%) ont été recapturées à au moins une reprise, toutes à une même station d'échantillonnage qu'une capture antérieure. Un seul des deux mâles (50,0%) a été recapturé, également à la même station d'échantillonnage. Par conséquent, toutes les recaptures du secteur Cawood (100%) ont été effectuées à la même station que la capture précédente, généralement (60,0%) à l'intérieur d'une semaine d'intervalle (figures 25 et 26). Aucune recapture n'a été effectuée au cours de la même semaine que la capture précédente (à des stations différentes), trois (60,0%) l'ont été à une semaine d'intervalle alors que deux recaptures (40,0%) ont été notées à deux semaines d'intervalle.

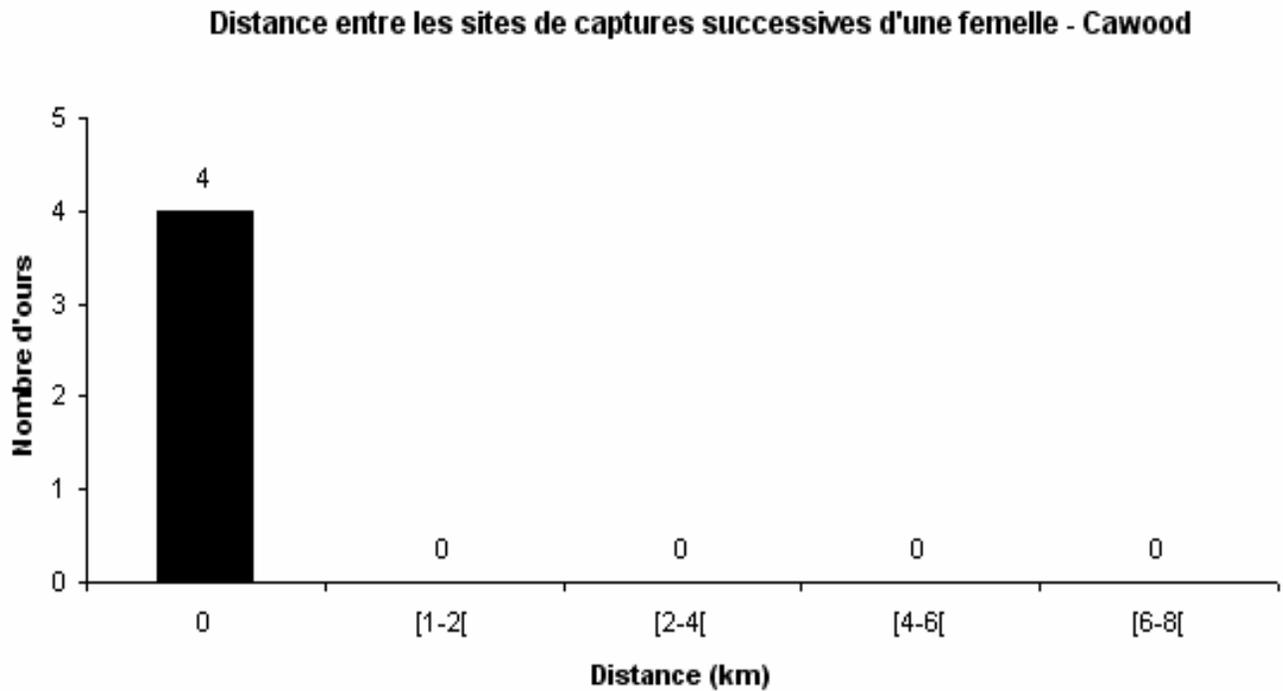
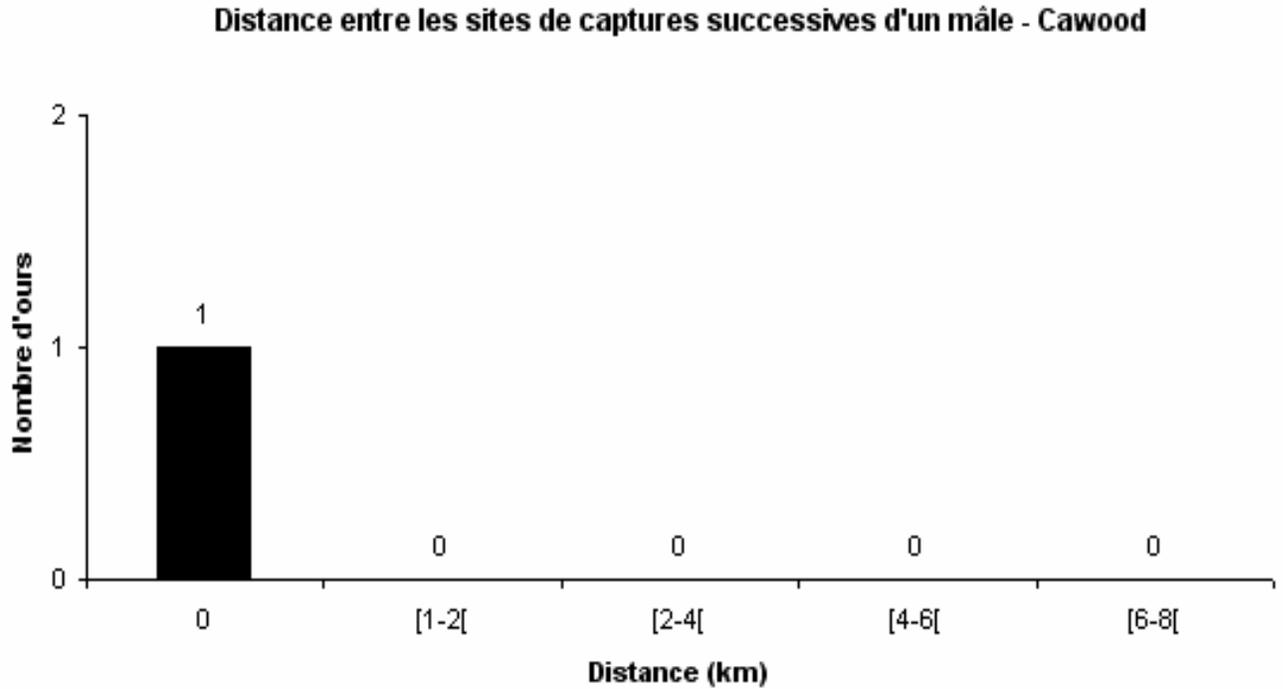


Figure 25. Distance parcourue par les individus mâles (figure du haut) et par les individus femelles (figure du bas) entre deux captures successives, dans le secteur Cawood.

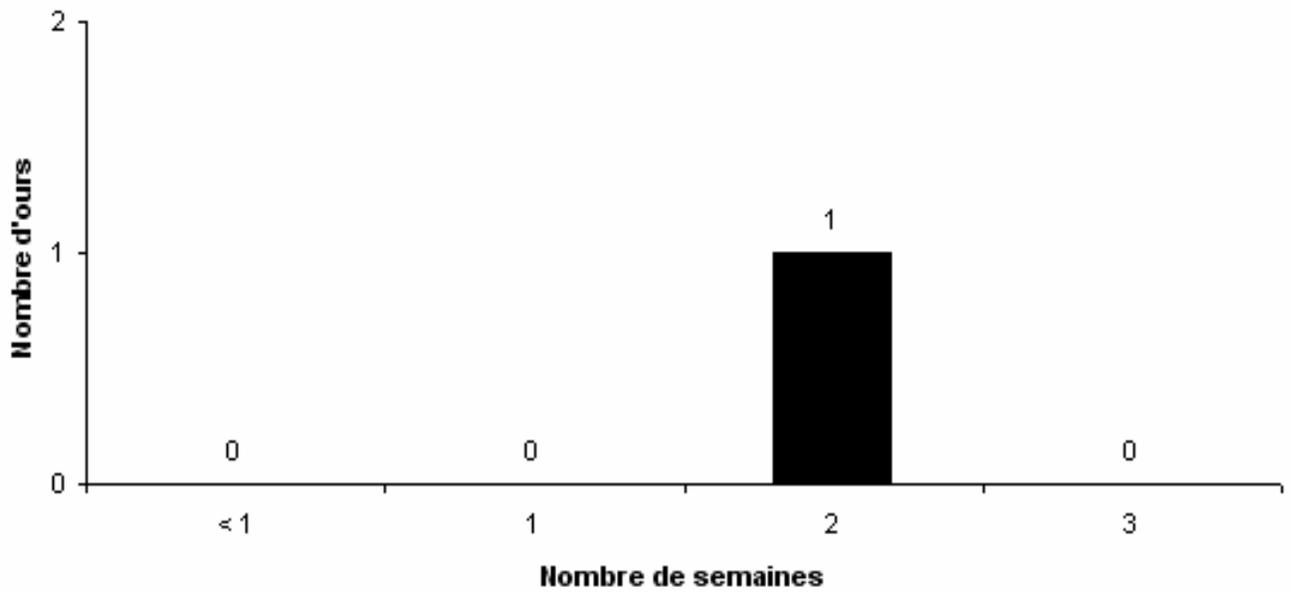
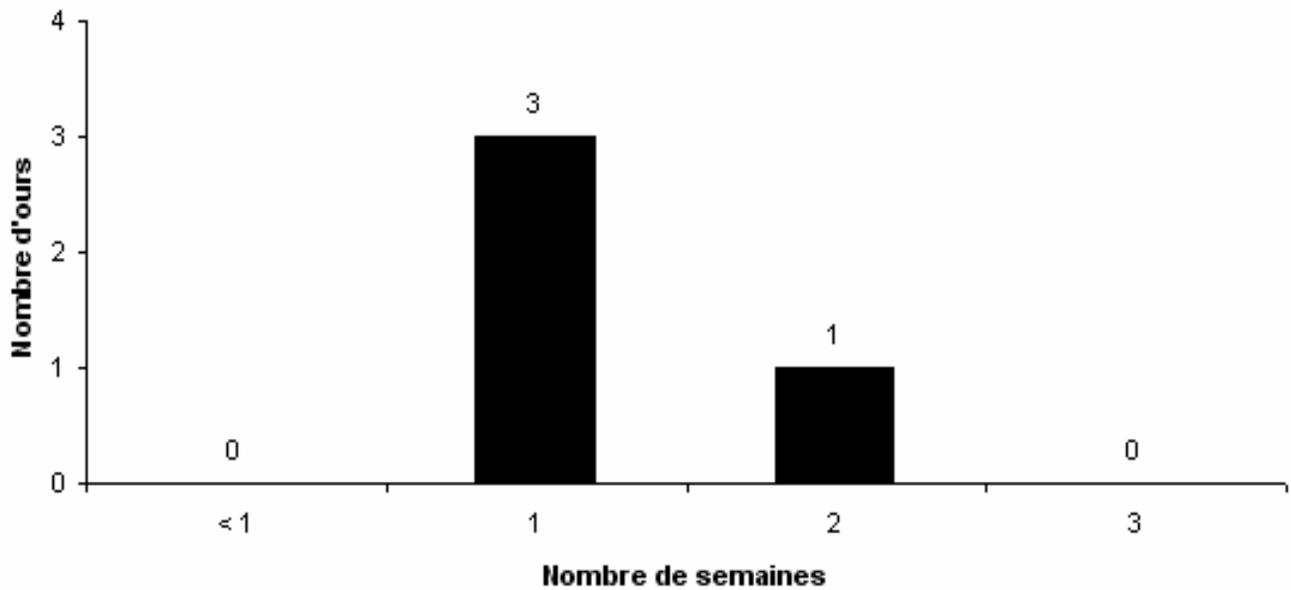
Temps écoulé entre deux captures successives d'un mâle - Cawood**Temps écoulé entre deux captures successives d'une femelle - Cawood**

Figure 26. Temps écoulé entre deux captures successives d'un individu mâle (figure du haut) et d'un individu femelle (figure du bas), dans le secteur Cawood.

5.5.2 Évaluation de la fermeture démographique

Tout comme dans le cas du secteur LadySmith, les résultats du test de la fermeture démographique de Stanley et Burnham (1999) ne peuvent pas être interprétés adéquatement étant donné une taille d'échantillons récoltés beaucoup trop faible. Cela se traduit par la mention « Insufficient data for test » dans les composantes du test (figure 27). Par conséquent, il est impossible d'inférer sur le degré de fermeture du bloc d'étude sur la base du programme CloseTest.

Stanley & Burnham Closure Test (Low p-value suggest population not closed):
 Chi-square statistic= 3.05357
 df= 2.
 p-value= 0.21723

Component Statistics of Stanley & Burnham Closure Test

Component	Chi-square	df	p-value
Tests for additions to population (Low p-values suggest there were additions)			
NR vs JS	0.00000	0.	1.00000
M_t vs NM	-1.00000	0.	1.00000
Tests for losses from population (Low p-values suggest there were losses)			
M_t vs NR	3.05357	2.	0.21723
NM vs JS	0.00000	0.	1.00000

Subcomponent Statistics of the NR vs JS Test (Low p-values on the j-th occasion indicates there were additions to the population between occasions j and j+1)

Occasion	Chi-square	df	p-value
2	Insufficient data for test		
3	Insufficient data for test		

Subcomponent Statistics of the NM vs JS Test (Low p-values on the j-th occasion indicates there were losses from the population between occasions j-1 and j)

Occasion	Chi-square	df	p-value
2	Insufficient data for test		
3	Insufficient data for test		

Figure 27. Résultats du test de la fermeture démographique de Stanley et Burnham (1999) pour le secteur Cawood, obtenus à l'aide du programme CloseTest (Stanley et Richard 2005). Le test n'a pu être effectué adéquatement étant donné une taille d'échantillons trop faible.

5.5.3 Estimation de l'abondance et de la densité d'ours noirs

L'information de capture nécessaire au programme MARK à des fins d'estimation de l'abondance de l'ours noir dans le secteur Cawood est résumée dans le tableau 20. Des huit modèles de CAPTURE qui ont été recréés dans le programme MARK, seulement deux ont été retenus dans le calcul de la moyenne pondérée (« model averaging ») de l'abondance; il était impossible d'estimer adéquatement la majorité des paramètres dans les modèles plus complexes. Conséquemment, les estimés obtenus par ces modèles complexes étaient très peu fiables et ne pouvaient être utilisés dans le calcul de la moyenne pondérée. Les modèles retenus, ainsi que le poids relatif de chacun de ces modèles, sont présentés dans le tableau 21.

Tableau 20. Informations de capture requises par le programme MARK à des fins d'estimation de l'abondance de l'ours noir dans le secteur Cawood.

CAWOOD	Session 1	Session 2	Session 3	Session 4	Total
Total des captures	4	2	6	2	14
Nouvelles captures	4	2	3	0	9
% recaptures	-	0	50	100	-
# ours capturés 1 → 4 fois	5	3	1	0	9

Tableau 21. Description des modèles retenus dans le calcul de la moyenne pondérée de l'abondance d'ours noirs dans le secteur Cawood. Résultats obtenus à l'aide du programme MARK (White et Burnham 1999).

Modèle	Poids	Estimé	Écart-type
M(o)	0,8122	10,92	2,60
M(t)	0,1878	10,22	2,11
Moyenne pondérée		10,78	2,51
Intervalle de confiance (95%)		[9,00 - 15,75]	

Le fait que seulement deux modèles très simples aient pu être ajustés adéquatement aux données est le reflet direct du manque d'échantillons dans le secteur Cawood. Cela se traduit également par un poids relatif très élevé du modèle M(o), soit le modèle le plus simple. Par conséquent, il est permis de douter plus de l'estimé d'abondance qui a été obtenu à l'aide de ces deux modèles; le biais est très important. La seule affirmation certaine, en supposant une fermeture totale du bloc d'étude au cours de la durée du projet (très discutable), est l'existence d'un minimum de neuf individus dans ce secteur. Quoiqu'il en soit, le programme MARK suggère un estimé pondéré de l'abondance de $11 \pm 2,51$ individus. La précision de cet estimé, calculée par le coefficient de variation (CV), est donc de $(2,51 / 11) * 100 = 22,82\%$. Il s'agit d'un taux de précision légèrement inférieur à celui espéré (15-20%, Goudreault *et al.* 2005). Cependant, tel que discuté plus loin dans le rapport (section 7.3.2), l'exactitude et la précision de cet estimé d'abondance doivent être interprétées avec prudence étant donné le biais très important affectant ces deux paramètres.

La première méthode d'estimation de la densité d'ours noirs ($N / 500 \text{ km}^2$) conférait un estimé de 0,22 ours / 10 km^2 . Tout comme dans le secteur LadySmith, le programme DENSITY 3.3 (Efford *et al.* 2004) n'a pu être utilisé adéquatement étant donné une taille d'échantillons trop restreinte dans ce secteur.

5.6 Analyse du bloc E : Réserve faunique Papineau-Labelle

Type d'habitat : Forestier inoccupé

Niveau d'exploitation/mortalité de l'ours noir : Faible

5.6.1 Données de capture

Le nombre total de stations visitées par les ours dans le bloc E était relativement élevé (55, tableau 22), ce qui le situe au troisième rang parmi les six blocs d'étude. Il est très surprenant que davantage d'échantillons n'aient pas été récoltés dans ce secteur étant donné la densité d'ours supposément importante (5,5 ours / 10 km² au milieu des années 1980, Jolicoeur 2004). Le nombre de stations visitées a graduellement augmenté au cours des trois premières sessions d'échantillonnage jusqu'à 17 stations, et puis a chuté abruptement à 12 stations lors de la dernière session. Le succès moyen de capture était de 49,1% ($\pm 9,8$), soit l'équivalent d'une station sur deux.

La répartition spatiale des captures n'était pas uniforme à l'intérieur de la grille, avec une fréquence plus élevée de captures dans la moitié sud par rapport à la moitié nord (figure 28). Cette répartition spatiale des captures ressemblait en partie à celle des lieux de mortalités enregistrés entre les années 2003 et 2005 dans ce secteur, en ce sens où plusieurs captures/mortalités avaient été notées dans la partie sud-ouest. Cependant, certaines mortalités avaient également été mentionnées dans la partie nord-est, zone dépourvue de toute capture dans la présente étude. Cela suggère une présence minimale d'ours dans cette partie de la grille au moment de l'inventaire, mais une présence plus importante d'ours dans le même secteur à d'autres moments de l'année.

Globalement, neuf stations (n°5A, 5D, 5E, 7, 8A, 11, 15, 16 et 17) n'ont pas reçu la visite d'un ours au cours du projet. Trois de ces stations étaient situées dans la partie nord-est du bloc d'étude. Enfin, tout comme les blocs A et B situés en milieu forestier inoccupé, le raton laveur était plutôt rare dans ce secteur comme en témoignent les cinq mentions qui y ont été faites.

Tableau 22. Informations relatives à la capture de l'ours noir dans le bloc E (Papineau-Labelle) pour chacune des quatre semaines d'échantillonnage.

Sessions d'échantillonnage	# stations avec poils	# stations avec génotype(s)	# individus différents	# mâles différents	# femelles différentes	Taux de recapture (%)
11-12 juillet (A)	11	9	10	5	5	–
18-19 juillet (B)	15	14	14	5	9	21.4
25-26 juillet (C)	17	17	18	6	12	55.6
1-2 août (D)	12	10	9	6	3	77.8
Total	55	50	31*	14**	17**	–

* Nombre d'individus différents ayant été identifiés au cours des quatre semaines d'échantillonnage.

** Nombre total de mâles et de femelles uniques ayant été identifiés au cours de la durée du projet.

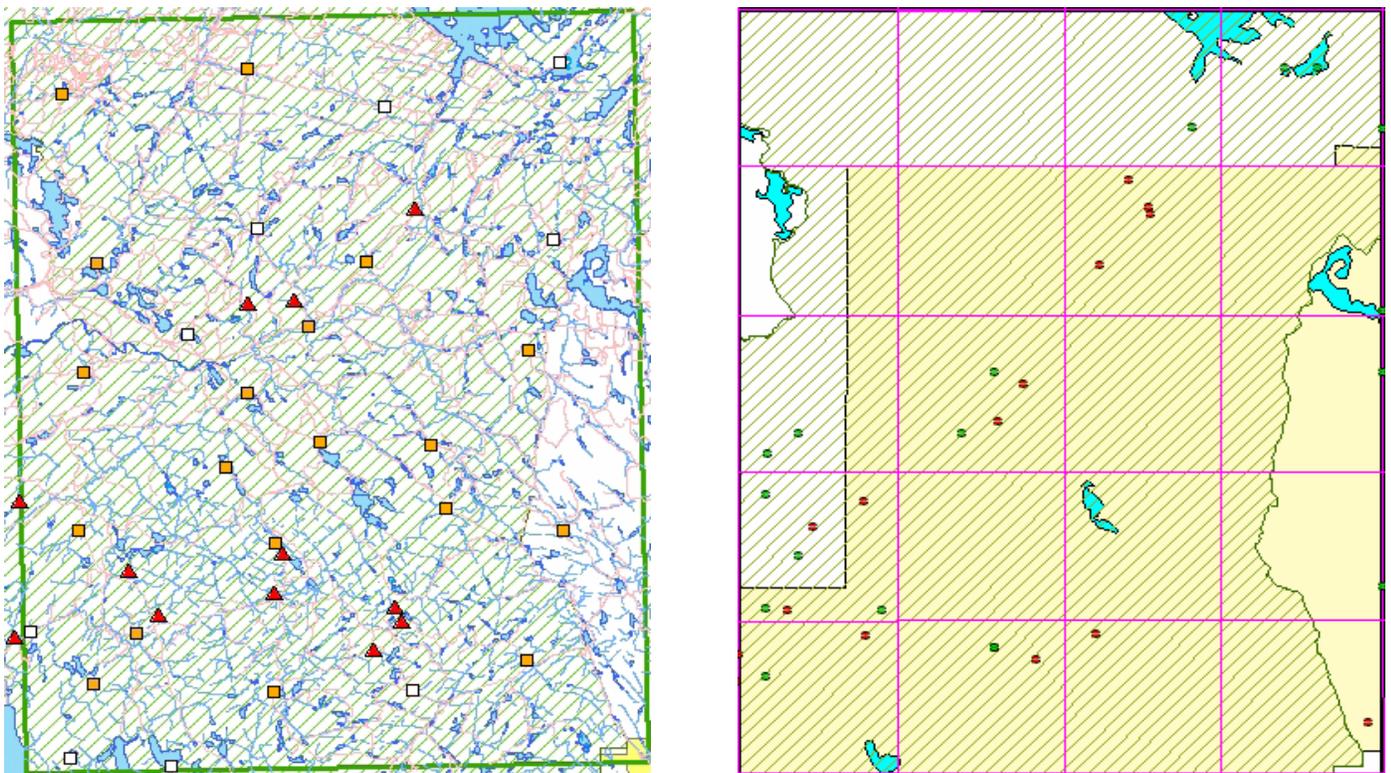


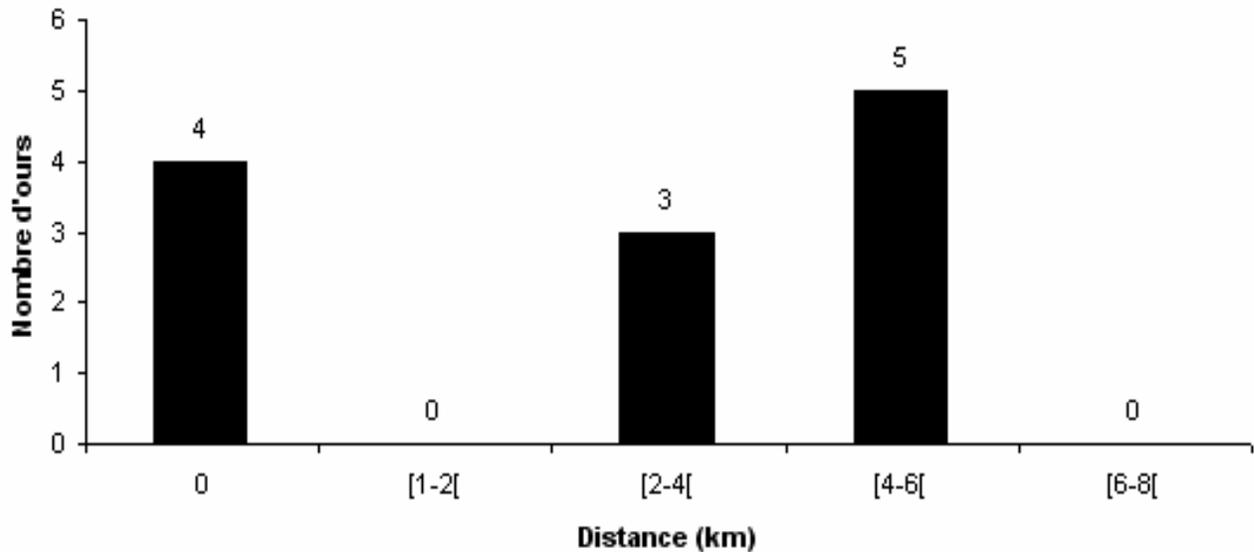
Figure 28. Comparaison de la répartition spatiale des captures lors de l'inventaire 2005 (gauche) avec celle des lieux de mortalités de l'ours noir enregistrés en 2003-2004 (droite), dans le secteur Papineau-Labelle. La majorité du secteur est située sur des terres publiques. Dans la figure de gauche, les stations visitées par un ours à au moins une reprise lors de l'inventaire sont notées par un carré orange, alors que les lieux de mortalités en 2005 sont désignés par un triangle rouge. Dans la figure de droite, les cercles verts et rouges font respectivement référence aux années 2003 et 2004. Cartes réalisées par Jean-René Moreau.

L'analyse génétique avait permis d'identifier au moins un génotype à 90,9% des stations visitées par les ours (tableau 22) et cette proportion aurait probablement été supérieure si l'on considère qu'au minimum près du tiers des stations (32,0%) avaient reçu la visite de plus d'un ours. Il s'agit du taux d'ours multiples le plus élevé en milieu forestier inoccupé (ZEC Pontiac : 18,2%; Bois-Francis : 23,8%). Ce résultat, combiné au fait que la répartition spatiale des individus était non uniforme, laisse croire que certaines régions de la réserve faunique sont davantage propices à de fortes densités d'ours alors que d'autres régions le sont beaucoup moins. Il serait intéressant de vérifier cette hypothèse dans un futur inventaire.

Le taux d'unicité était de 62,0%, soit 31 individus distincts pour 50 génotypes identifiés. Le nombre total de recaptures (24) était similaire à celui de Bois-Francis (22), mais s'éloignait considérablement de celui de la ZEC Pontiac (37). Pourtant, tous ces secteurs présentent des caractéristiques physiques similaires et un niveau d'exploitation comparable. Ces différences apparaissent étonnantes. Le taux moyen de recapture était de 51,6% et atteignait une valeur très élevée de 77,8% lors de la dernière session (tableau 22). Cela signifie que près de quatre individus sur cinq ayant été capturés lors de la quatrième session avaient déjà été capturés antérieurement.

Autre élément intéressant, le sexe ratio global ne comportait pratiquement aucun biais, tel qu'indiqué par les 14 mâles et les 17 femelles qui ont été identifiés. Il s'agit du sexe ratio s'approchant le plus de celui du secteur Bois-Francis (1 : 1). Il a toutefois subi quelques fluctuations au cours de l'inventaire (tableau 22), étant en faveur des femelles au milieu de l'étude (semaines 2 et 3) et à l'avantage des mâles au terme de l'étude. Il y a eu douze recaptures notées pour chacun des deux sexes. Plus précisément, neuf des 17 femelles identifiées (52,9%) ont été recapturées à au moins une reprise, dont huit à une même station d'échantillonnage qu'une capture antérieure. Sept des 14 mâles identifiés (50,0%) ont été recapturés à au moins une reprise, dont cinq à une même station d'échantillonnage qu'une capture antérieure. Parmi tous les blocs échantillonnés, il s'agit de la différence la moins prononcée entre les mâles et les femelles. D'un point de vue global, les recaptures effectuées dans le secteur Papineau-Labelle l'ont été à une même station que la capture précédente dans 62,5% des cas, généralement (83,3%) à l'intérieur d'une semaine d'intervalle (figures 29 et 30). Quatre recaptures (16,7%) ont été effectuées la même semaine que la capture précédente (à des stations différentes), 16 (66,7%) l'ont été à une semaine d'intervalle alors que quatre recaptures (16,7%) ont été notées à deux ou trois semaines d'intervalle.

**Distance entre les sites de captures successives d'un mâle -
réserve faunique Papineau-Labelle**



**Distance entre les sites de captures successives d'une femelle -
réserve faunique Papineau-Labelle**

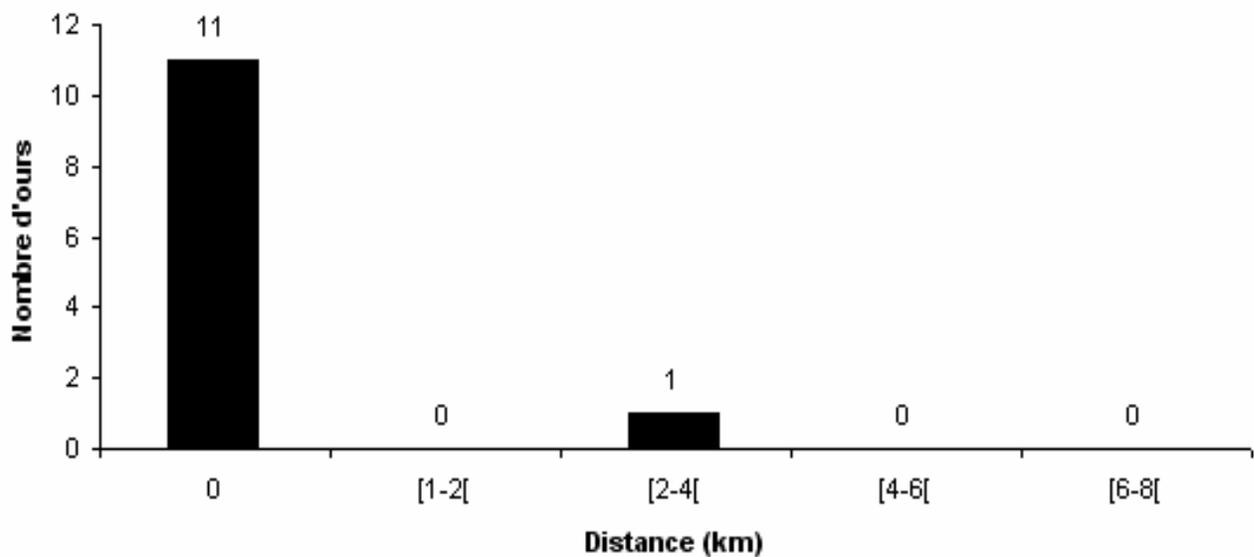
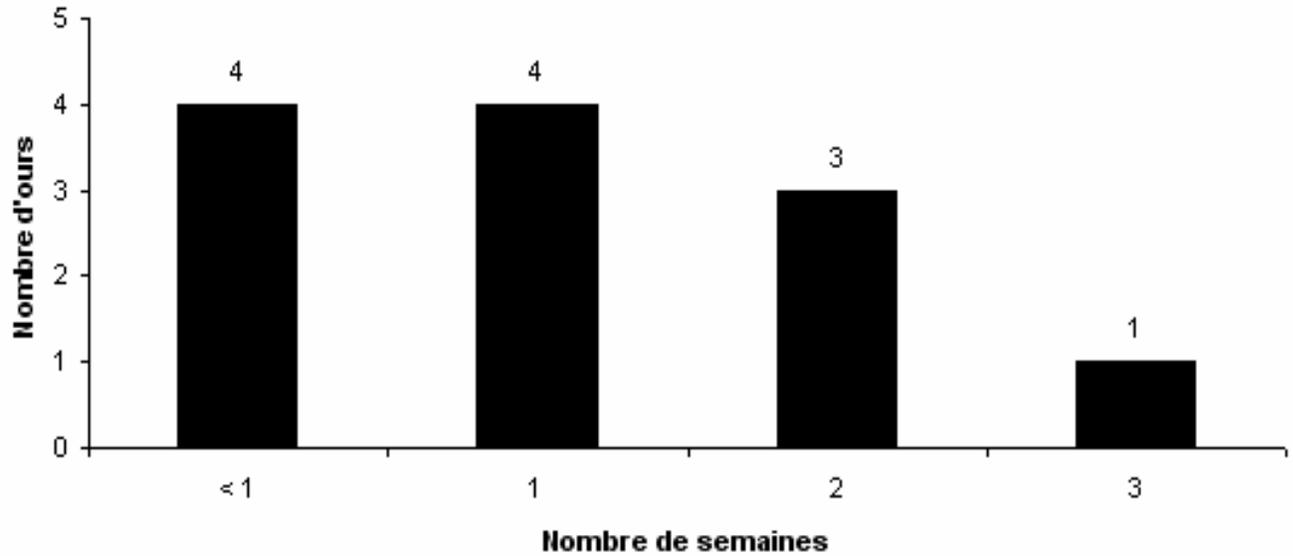


Figure 29. Distance parcourue par les individus mâles (figure du haut) et par les individus femelles (figure du bas) entre deux captures successives, dans la réserve faunique Papineau-Labelle.

**Temps écoulé entre deux captures successives d'un mâle -
réserve faunique Papineau-Labelle**



**Temps écoulé entre deux captures successives d'une femelle -
réserve faunique Papineau-Labelle**

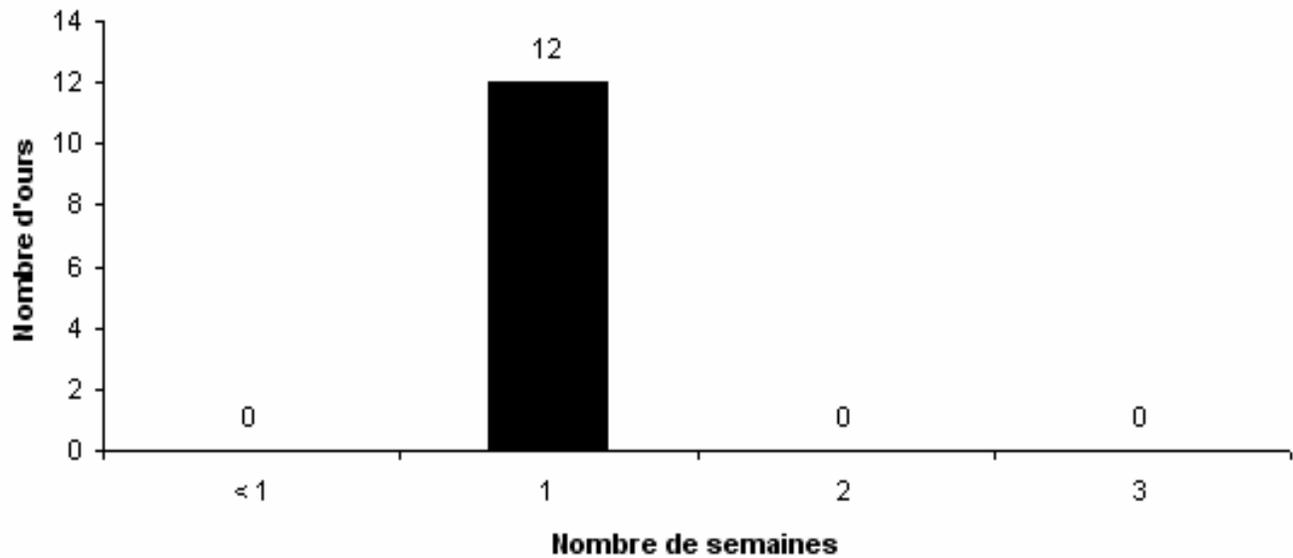


Figure 30. Temps écoulé entre deux captures successives d'un individu mâle (figure du haut) et d'un individu femelle (figure du bas), dans la réserve faunique Papineau-Labelle.

5.6.2 Évaluation de la fermeture démographique

Les résultats du test de la fermeture démographique de Stanley et Burnham (1999) suggèrent que la prémisses de la fermeture était violée de façon modérée ($P = 0,21488$), avec des événements d'émigration en apparence importants ($P = 0,02613$) entre les sessions d'échantillonnage 1 et 2 (figure 31). Le degré de fermeture du secteur Papineau-Labelle se situerait, suivant ce test, entre celui de la ZEC Pontiac et de Bois-Francs.

Stanley & Burnham Closure Test (Low p-value suggest population not closed):
 Chi-square statistic= 5.79635
 df= 4.
 p-value= 0.21488

Component Statistics of Stanley & Burnham Closure Test

Component	Chi-square	df	p-value
Tests for additions to population (Low p-values suggest there were additions)			
NR vs JS	0.12578	2.	0.93904
M_t vs NM	0.75413	2.	0.68587
Tests for losses from population (Low p-values suggest there were losses)			
M_t vs NR	5.67057	2.	0.05870
NM vs JS	5.04222	2.	0.08037

Subcomponent Statistics of the NR vs JS Test (Low p-values on the j-th occasion indicates there were additions to the population between occasions j and j+1)

Occasion	Chi-square	df	p-value
2	0.09433	1.	0.75874
3	0.03145	1.	0.85923

Subcomponent Statistics of the NM vs JS Test (Low p-values on the j-th occasion indicates there were losses from the population between occasions j-1 and j)

Occasion	Chi-square	df	p-value
2	4.94712	1.	0.02613
3	0.09511	1.	0.75778

Figure 31. Résultats du test de la fermeture démographique de Stanley et Burnham (1999) pour la réserve faunique Papineau-Labelle, obtenus à l'aide du programme CloseTest (Stanley et Richard 2005).

5.6.3 Estimation de l'abondance et de la densité d'ours noirs

L'information de capture nécessaire au programme MARK à des fins d'estimation de l'abondance de l'ours noir dans le secteur Papineau-Labelle est résumée dans le tableau 23. Des huit modèles de CAPTURE qui ont été recréés dans le programme MARK, seulement quatre ont été retenus dans le calcul de la moyenne pondérée (« model averaging ») de l'abondance; il était impossible d'estimer adéquatement la plupart des paramètres dans les modèles plus complexes. Pour cette raison, l'estimé issu de ces modèles n'a pas été utilisé dans le calcul de la moyenne pondérée. Les modèles retenus, ainsi que le poids relatif de chacun de ces modèles, sont présentés dans le tableau 24.

Tableau 23. Informations de capture requises par le programme MARK à des fins d'estimation de l'abondance de l'ours noir dans le secteur Papineau-Labelle.

PAPINEAU-LABELLE	Session 1	Session 2	Session 3	Session 4	Total
Total des captures	10	14	18	9	51
Nouvelles captures	10	11	8	2	31
% recaptures	-	21.4	55.6	77.8	-
# ours capturés 1 → 4 fois	15	12	4	0	31

Tableau 24. Description des modèles retenus dans le calcul de la moyenne pondérée de l'abondance d'ours noirs dans le secteur Papineau-Labelle. Résultats obtenus à l'aide du programme MARK (White et Burnham 1999).

Modèle	Poids	Estimé	Écart-type
M(o)	0,4391	38,00	4,30
M(t)	0,3572	37,25	4,02
M(b)	0,1540	37,58	6,71
M(tb)	0,0497	35,06	4,77
Moyenne pondérée		37,52	4,60
Intervalle de confiance (95%)		[31,00 - 46,80]	

Le modèle M(o) constituait une fois de plus le modèle le plus parcimonieux parmi les quatre modèles retenus. Toutefois, le modèle M(t) supportait presque aussi bien les données, ce qui suggère une potentielle variation de la probabilité de capture dans le temps. Enfin, le modèle M(b) avait un poids beaucoup plus faible, mais non négligeable, suggérant ainsi une potentielle variation de la probabilité de capture suite à la première capture. Sur la base des quatre modèles retenus, le programme MARK propose un estimé pondéré de l'abondance de $38 \pm 4,60$ individus. Il s'agit de l'estimé d'abondance le plus faible parmi les trois secteurs situés en milieu forestier inoccupé. Cela est d'autant plus surprenant qu'une forte densité d'ours avait été pressentie dans ce secteur. Sa précision est toutefois la meilleure, comme en témoigne le coefficient de variation (CV) égale à 12,11%. Il s'agit du taux de précision le plus élevé parmi les six blocs à l'étude et il rencontre aisément l'objectif visé entre 15-20% (Goudreault *et al.* 2005). Cependant, tel que discuté plus loin dans le rapport (section 7.3.2), l'exactitude et la précision de cet estimé d'abondance doivent être interprétées avec prudence étant donné le biais potentiellement très important affectant ces deux paramètres.

La première méthode d'estimation de la densité d'ours noirs ($\hat{N} / 500 \text{ km}^2$) conférait un estimé de 0,76 ours / 10 km^2 . En considérant trois des quatre modèles retenus dans l'estimation d'abondance (le modèle M(tb) ne pouvait être utilisé), le programme DENSITY 3.3 (Efford *et al.* 2004) estimait quant à lui la densité à 1,02 ours / 10 km^2 ($\pm 0,33$ ours). Le tableau 25 présente les résultats du programme DENSITY 3.3, qui doivent être interprétés encore une fois avec prudence.

Tableau 25. Description des modèles retenus dans le calcul de la moyenne pondérée de la densité d'ours noirs, secteur Papineau-Labelle. La densité est exprimée comme étant le nombre d'ours / 10 km^2 . Les résultats étaient obtenus à l'aide du programme DENSITY 3.3 (Efford *et al.* 2004).

Modèle	Poids	Estimé	Écart-type
M(o)	0,4391	1,09	0,27
M(t)	0,3572	1,07	0,27
M(b)	0,1540	1,06	0,73
Moyenne pondérée		1,02	0,33

5.7 Analyse du bloc F : Namur

Type d'habitat : Forestier avec villégiature

Niveau d'exploitation/mortalité de l'ours noir : Faible

5.7.1 Données de capture

Les données de capture du bloc F ressemblent beaucoup à celles du bloc D (Cawood). Tout d'abord, le nombre total de stations visitées par les ours était très faible, soit 15 pour la durée complète de l'étude et atteignait un maximum de cinq sur une base hebdomadaire (tableau 26). Ces faibles effectifs de capture sont moins étonnants que dans le cas de Cawood, car le nombre de mortalités enregistrées entre 2003 et 2005 était également très faible. Cela suggérait donc a priori une abondance d'ours plutôt restreinte dans ce secteur. Le succès moyen de capture était de 13,4% ($\pm 6,8$), soit un peu plus d'une station sur huit.

La répartition spatiale des captures suggérait une présence d'ours quasi exclusive dans la partie nord de la grille, plus précisément au nord des routes 323 et 364. Une seule capture d'ours avait été notée dans la partie sud de la grille, près du chemin de Boileau. Il est tout de même surprenant qu'aucun ours n'ait été capturé dans les parcelles du centre de la grille. Cette répartition spatiale des captures différait de celle des lieux de mortalités enregistrés en 2003-2004 dans le secteur Namur (figure 32). L'année 2005 ne favorisait pas de comparaison étant donné que seulement quatre mortalités y avaient été notées. Les mortalités en 2003-2004 avaient essentiellement été rapportées dans la partie sud du bloc d'étude, avec une absence quasi complète dans les parcelles situées au nord. Tout comme dans les autres secteurs avec présence humaine marquée (blocs C et D), ces résultats suggèrent que les déplacements des ours peuvent être importants à l'intérieur du secteur Namur sur une base annuelle. Il est toutefois pertinent de préciser que cette suggestion est basée sur un nombre plutôt restreint de données.

Seulement dix stations (n°1, 5A, 5D, 9, 13A, 13B, 13C, 16, 17 et 18) ont reçu la visite d'un ours au cours du projet, dont trois à plus d'une reprise. Fait intéressant à noter, la présence du raton laveur était marquée dans le secteur Namur, avec plus de 25 stations visitées au cours de la durée du projet.

Tableau 26. Informations relatives à la capture de l'ours noir dans le bloc F (Namur) pour chacune des quatre semaines d'échantillonnage.

Sessions d'échantillonnage	# stations avec poils	# stations avec génotype(s)	# individus différents	# mâles différents	# femelles différentes	Taux de recapture (%)
13-14 juillet (A)	1	1	1	1	0	-
20-21 juillet (B)	5	5	4	2	2	0.0
27-28 juillet (C)	4	3	3	3	0	33.3
3-4 août (D)	5	4	4	3	1	25.0
Total	15	13	10*	7**	3**	-

* Nombre d'individus différents ayant été identifiés au cours des quatre semaines d'échantillonnage.

** Nombre total de mâles et de femelles uniques ayant été identifiés au cours de la durée du projet.

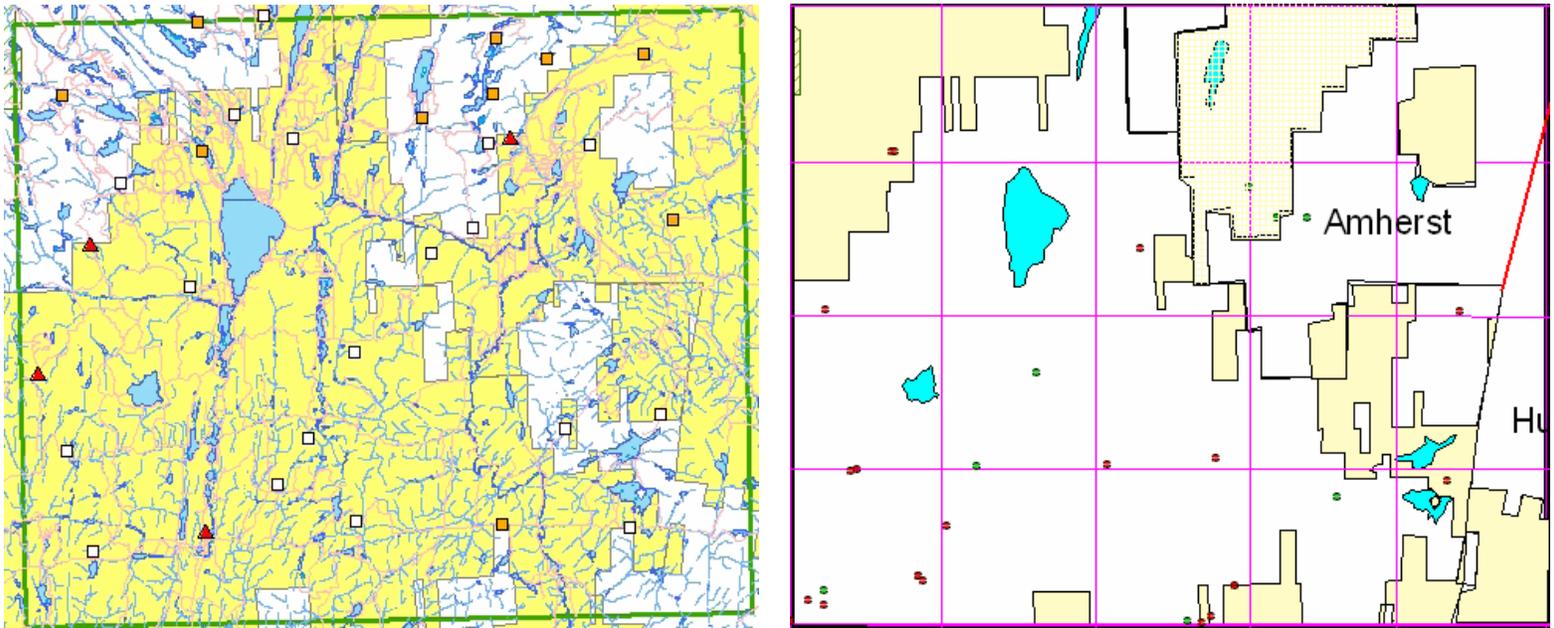


Figure 32. Comparaison de la répartition spatiale des captures lors de l'inventaire 2005 (gauche) avec celle des lieux de mortalités de l'ours noir enregistrés en 2003-2004 (droite), dans le secteur Namur. La majorité du secteur est située sur des terres privées. Dans la figure de gauche, les stations visitées par un ours à au moins une reprise lors de l'inventaire sont notées par un carré orange, alors que les lieux de mortalités en 2005 sont désignés par un triangle rouge. Dans la figure de droite, les cercles verts et rouges font respectivement référence aux années 2003 et 2004. Cartes réalisées par Jean-René Moreau.

L'analyse génétique avait permis d'identifier au moins un génotype à 86,7% des stations visitées par les ours (tableau 26). Cette proportion est inférieure à celle des blocs situés en milieu forestier inoccupé et tout comme dans les autres secteurs avec présence humaine marquée, le raton laveur en est potentiellement la cause principale. Il faut toutefois préciser que le phénomène des ours multiples semblait très important dans ce secteur, car neuf des treize stations (69,2%) avec génotype(s) connu(s) avaient été caractérisées initialement « ours multiples ».

Le nombre d'individus uniques identifiés au terme de l'étude (dix) confère un taux d'unicité de 76,9%. Le nombre total de recaptures était seulement de trois et elles ont toutes été effectuées par le même individu mâle (#81; annexe 6). Cela explique le faible taux moyen de recapture (19,4%) observé dans le secteur Namur. Il s'agit du plus faible taux enregistré dans les six blocs d'étude. Tout comme dans le secteur de LadySmith, les mâles semblaient légèrement plus nombreux que les femelles dans la grille au moment de l'inventaire, tel qu'indiqué par les sept mâles et les trois femelles qui ont été identifiés. Le sexe ratio des captures variait très peu dans le temps. D'un point de vue global, un seul mâle (14,3%) a été recapturé comparativement à aucune femelle (0%). Les trois recaptures du mâle #81 étaient partagées entre les stations 13A et 13C, séparées par une distance égale à 1,90 km (figure 33). Toutes ces recaptures étaient réalisées à l'intérieur d'une semaine d'intervalle (figure 34). Le faible nombre de recaptures dans le secteur Namur s'explique potentiellement par le fait que les captures d'ours étaient localisées à des stations situées à proximité des limites de la grille. Il n'est donc pas impossible que plusieurs ours aient quitté les limites de la grille au cours de l'étude et n'y soient jamais revenus par la suite, rendant leur recapture très peu probable.

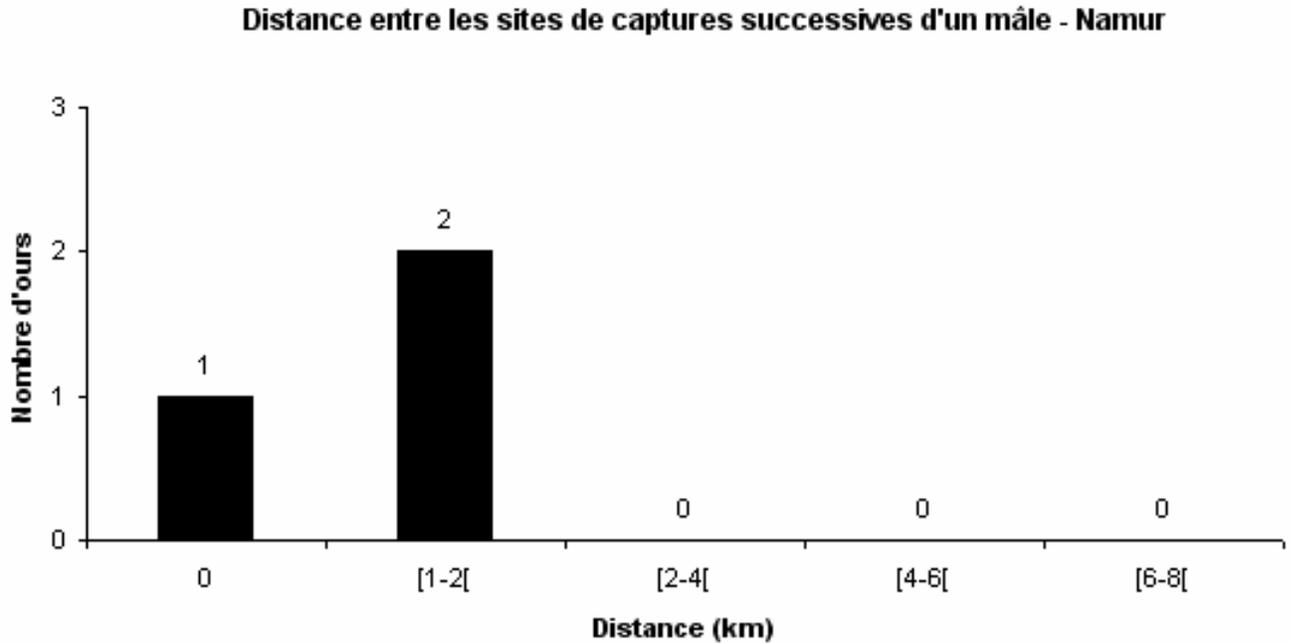


Figure 33. Distance parcourue par les individus mâles entre deux captures successives dans le secteur Namur. Aucune recapture de femelle n'a été notée dans ce secteur.

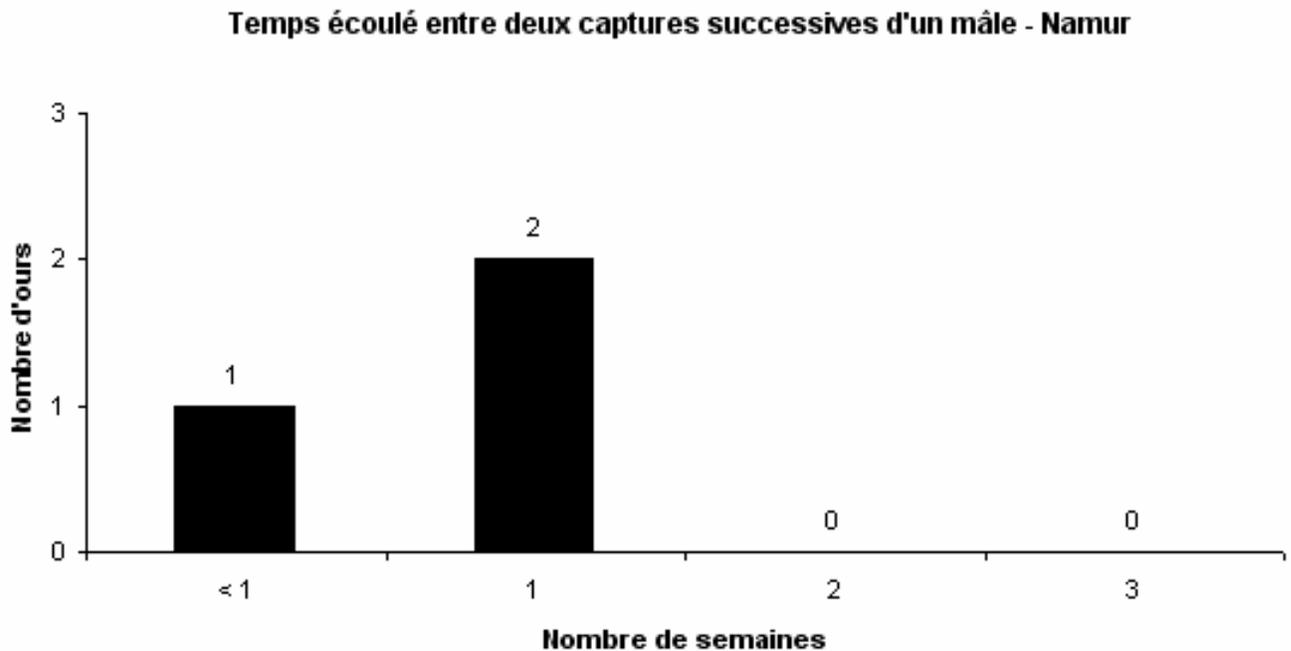


Figure 34. Temps écoulé entre deux captures successives d'un individu mâle dans le secteur Namur. Aucune recapture de femelle n'a été notée dans ce secteur.

5.7.2 Évaluation de la fermeture démographique

Tout comme dans les secteurs LadySmith et Cawood, les résultats du test de la fermeture démographique de Stanley et Burnham (1999) ne peuvent pas être interprétés adéquatement étant donné une taille d'échantillons récoltés beaucoup trop faible. Cela se traduit par la mention « Insufficient data for test » dans les composantes détaillées du test (figure 35). Il est donc impossible d'inférer sur le degré de fermeture du bloc d'étude sur la base du programme CloseTest.

Stanley & Burnham Closure Test (Low p-value suggest population not closed):
 Chi-square statistic= 1.26762
 df= 2.
 p-value= 0.53057

Component Statistics of Stanley & Burnham Closure Test

Component	Chi-square	df	p-value
Tests for additions to population (Low p-values suggest there were additions)			
NR vs JS	0.00000	0.	1.00000
M_t vs NM	-1.00000	0.	1.00000
Tests for losses from population (Low p-values suggest there were losses)			
M_t vs NR	1.26762	2.	0.53057
NM vs JS	0.00000	0.	1.00000

Subcomponent Statistics of the NR vs JS Test

(Low p-values on the j-th occasion indicates there were additions to the population between occasions j and j+1)

Occasion	Chi-square	df	p-value
2	Insufficient data for test		
3	Insufficient data for test		

Subcomponent Statistics of the NM vs JS Test

(Low p-values on the j-th occasion indicates there were losses from the population between occasions j-1 and j)

Occasion	Chi-square	df	p-value
2	Insufficient data for test		
3	Insufficient data for test		

Figure 35. Résultats du test de la fermeture démographique de Stanley et Burnham (1999) pour le secteur Namur, obtenus à l'aide du programme CloseTest (Stanley et Richard 2005). Le test n'a pu être effectué adéquatement étant donné une taille d'échantillons trop faible.

5.7.3 Estimation de l'abondance et de la densité d'ours noirs

L'information de capture nécessaire au programme MARK à des fins d'estimation de l'abondance de l'ours noir dans le secteur Namur est résumée dans le tableau 27. Tout comme dans le secteur Cawood, seulement deux modèles ont été retenus dans le calcul de la moyenne pondérée (« model averaging ») de l'abondance; il était impossible d'estimer adéquatement la majorité des paramètres dans les modèles plus complexes. Conséquemment, les estimés obtenus par ces modèles complexes étaient très peu fiables et ne pouvaient être utilisés dans le calcul de la moyenne pondérée. Les modèles retenus, ainsi que le poids relatif de chacun de ces modèles, sont présentés dans le tableau 28.

Tableau 27. Informations de capture requises par le programme MARK à des fins d'estimation de l'abondance de l'ours noir dans le secteur Namur.

NAMUR	Session 1	Session 2	Session 3	Session 4	Total
Total des captures	1	4	3	4	12
Nouvelles captures	1	4	2	3	10
% recaptures	-	0	33.3	25.0	-
# ours capturés 1 → 4 fois	9	0	1	0	10

Tableau 28. Description des modèles retenus dans le calcul de la moyenne pondérée de l'abondance d'ours noirs dans le secteur Namur. Résultats obtenus à l'aide du programme MARK (White et Burnham 1999).

Modèle	Poids	Estimé	Écart-type
M(o)	0,9136	22,18	12,37
M(t)	0,0864	20,99	11,40
Moyenne pondérée		22,08	12,29
Intervalle de confiance (95%)	[10,00 - 46,17]		

Ce secteur ressemble fortement à celui de Cawood en terme de taille d'échantillons et il n'est donc pas surprenant que le programme MARK recommande les deux mêmes modèles, à savoir les modèles $M(o)$ et $M(t)$. Le fait que seulement deux modèles très simples aient pu être ajustés adéquatement aux données est le reflet direct du manque d'échantillons dans le secteur Namur. Cela se traduit également par un poids relatif très élevé du modèle $M(o)$, soit le modèle le plus simple. Par conséquent, il est permis de douter plus que jamais de l'estimé d'abondance qui a été obtenu à l'aide de ces deux modèles; le biais est très important. La seule affirmation certaine, en supposant une fermeture totale du bloc d'étude au cours de la durée du projet, est l'existence d'un minimum de dix individus dans ce secteur. Toutefois, tel que mentionné précédemment, il est très peu probable que la fermeture ait été respectée.

Malgré toutes ces incertitudes, le programme MARK suggère un estimé d'abondance pondéré de $23 \pm 12,29$ individus. La précision de cet estimé, calculée par le coefficient de variation (CV), est donc de $(12,29 / 23) * 100 = 53,43\%$. Il s'agit du taux de précision le plus faible dans les six secteurs à l'étude et il n'atteint clairement pas l'objectif espéré (15-20%, Goudreault *et al.* 2005). Cependant, tel que discuté plus loin dans le rapport (section 7.3.2), l'exactitude et la précision de cet estimé d'abondance doivent être interprétées avec prudence étant donné le biais très important affectant ces deux paramètres.

La première méthode d'estimation de la densité d'ours noirs ($N / 500 \text{ km}^2$) conférait un estimé de $0,44 \text{ ours} / 10 \text{ km}^2$. Tout comme dans les deux autres secteurs avec présence humaine marquée (LadySmith et Cawood), le programme DENSITY 3.3 n'a pas été en mesure d'estimer adéquatement la densité d'ours dans ce bloc d'étude étant donné une taille d'échantillons nettement insuffisante.

5.8 Extrapolation des estimés d'abondance à l'ensemble de la zone 10

Afin de permettre l'évaluation de l'estimé d'abondance d'ours noirs à l'intérieur de la zone 10, quatre principales strates ont été définies : #1A (terres publiques dans l'arrière-pays), #1B (secteur de chasse restreinte ou interdite), #2 (secteur agroforestier) et #3 (secteur forestier et villégiature). Ces strates couvrent respectivement une superficie de 8223,5 km², 2170,3 km², 2707,5 km² et 8628,0 km². Il est à noter que le territoire de la ville de Gatineau a été exclu de la stratification (128,9 km²). La figure 36 permet de visualiser l'étendue de chaque strate dans la zone 10.

Lorsque possible, les estimés de densité utilisés dans le processus d'extrapolation étaient ceux issus du programme DENSITY 3.3 (Efford *et al.* 2004). La section 7.2.3 explique cette préférence. Premièrement, la moyenne des estimés de densité des blocs d'étude A et B (1,70 ours / 10 km²) suggère une population d'ours de 1398 individus dans la strate #1A. Bien que la moitié du bloc D présentait des caractéristiques de la strate #1A, ce bloc a été entièrement assigné à la strate #3 afin de faciliter l'extrapolation. Les résultats de capture semblent davantage lier le bloc D (Cawood) au bloc F (Namur), qu'aux blocs A et B. Deuxièmement, l'estimé de densité du bloc E (1,02 ours / 10 km²) suggère une abondance de 222 individus dans la strate #1B. Troisièmement, l'estimé de densité du bloc C (0,60 ours / 10 km²) suggère un nombre de 163 individus dans la strate #2. Enfin, la moyenne des estimés de densité des blocs D et F (0,34 ours / 10 km²) fournit un estimé de 294 ours pour la strate #3. En additionnant les estimés obtenus par extrapolation pour chacune des quatre strates, l'abondance totale de la population d'ours noirs de la zone 10 serait de 2077 individus, avec une densité globale de 0,96 ours / 10 km². La section 7.2.4 discute de ce résultat et des risques liés à l'utilisation d'une méthode d'extrapolation.

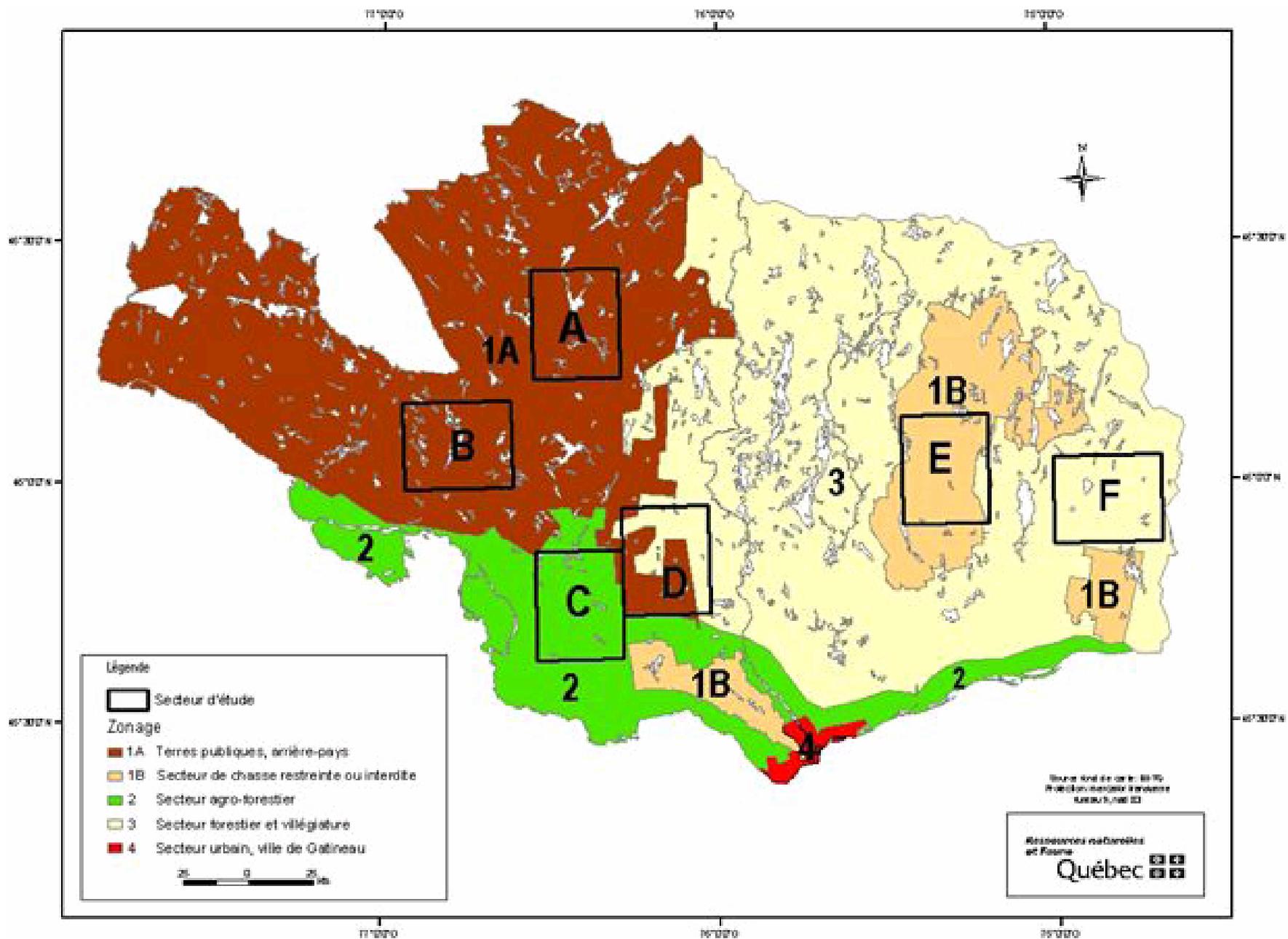


Figure 36 : Étendue géographique de chacune des quatre strates (#1A, #1B, #2 et #3) définies pour estimer globalement l'abondance d'ours noirs de la zone 10. Les blocs d'étude sont également représentés. Carte réalisée par Jean-René Moreau.

5.9 Déplacements des individus

L'analyse de la variance testant simultanément les effets du sexe et du bloc d'étude sur les distances de déplacements des individus était significative ($F_{[10, 104]} = 2,39$; $P = 0,0141$). Il était donc justifié d'examiner par la suite les facteurs de l'ANOVA sur une base individuelle. Il n'y avait aucune interaction significative entre le sexe et le bloc d'étude ($F_{[4, 104]} = 1,22$; $P = 0,3086$), ni un effet particulier du bloc d'étude ($F_{[5, 104]} = 0,64$; $P = 0,6721$). Par contre, le sexe de l'animal avait une influence significative sur la distance des déplacements des individus : les mâles ($2,47 \pm 2,47$ km, $n = 38$) se déplaçaient davantage que les femelles ($0,90 \pm 1,78$ km, $n = 67$; $F_{[1, 104]} = 6,10$; $P = 0,0153$). Ainsi, 76,1% des captures successives d'une même femelle avaient lieu à la même station, comparativement à 42,1% chez les mâles (figure 37). De la même façon, 34,2% des captures successives d'un mâle étaient notées à une distance supérieure à 4 km par rapport à la station précédente, soit la distance théorique séparant deux stations d'échantillonnage (Goudreault *et al.* 2005). Chez les femelles, cette proportion n'était que de 6,0%. Il est intéressant de noter que ces résultats de déplacements sont à l'opposé de ceux issus de l'étude de l'ours noir en Abitibi-Témiscamingue à l'été 2001, alors que c'était les femelles qui se déplaçaient davantage que les mâles (Courtois *et al.* 2004). Cette différence est mieux comprise lorsque le cycle annuel de l'ours noir est considéré. Les femelles, au printemps et au début de l'été, exploitent généralement une zone dont la superficie est relativement restreinte (dite « région noyau ») en comparaison avec celle exploitée à la fin de l'été (août) et au début de l'automne (septembre et octobre), période durant laquelle les femelles font des excursions en dehors de leur zone de forte activité dans le but de maximiser l'acquisition d'importantes réserves adipeuses (Pelton 2003). Ces mouvements restreints lors des saisons hâtives seront désignés dans la suite du rapport par l'expression « comportement de sédentarité ». L'inventaire en Abitibi-Témiscamingue avait été réalisé entre le 30 juillet et le 14 septembre 2001, ce qui explique possiblement les déplacements plus importants des femelles enregistrés dans cette étude. Enfin, il est important de mentionner que la période d'échantillonnage de la présente étude chevauchait vraisemblablement la saison de reproduction de l'ours noir (généralement fin-juin et juillet, Pelton 2003). Au cours de cette période mouvementée, les déplacements des mâles s'intensifient (Schenk et Kovacs 1995, Obbard) et cela pourrait avoir contribué à accentuer davantage l'écart entre les distances de déplacements des mâles et ceux des femelles.

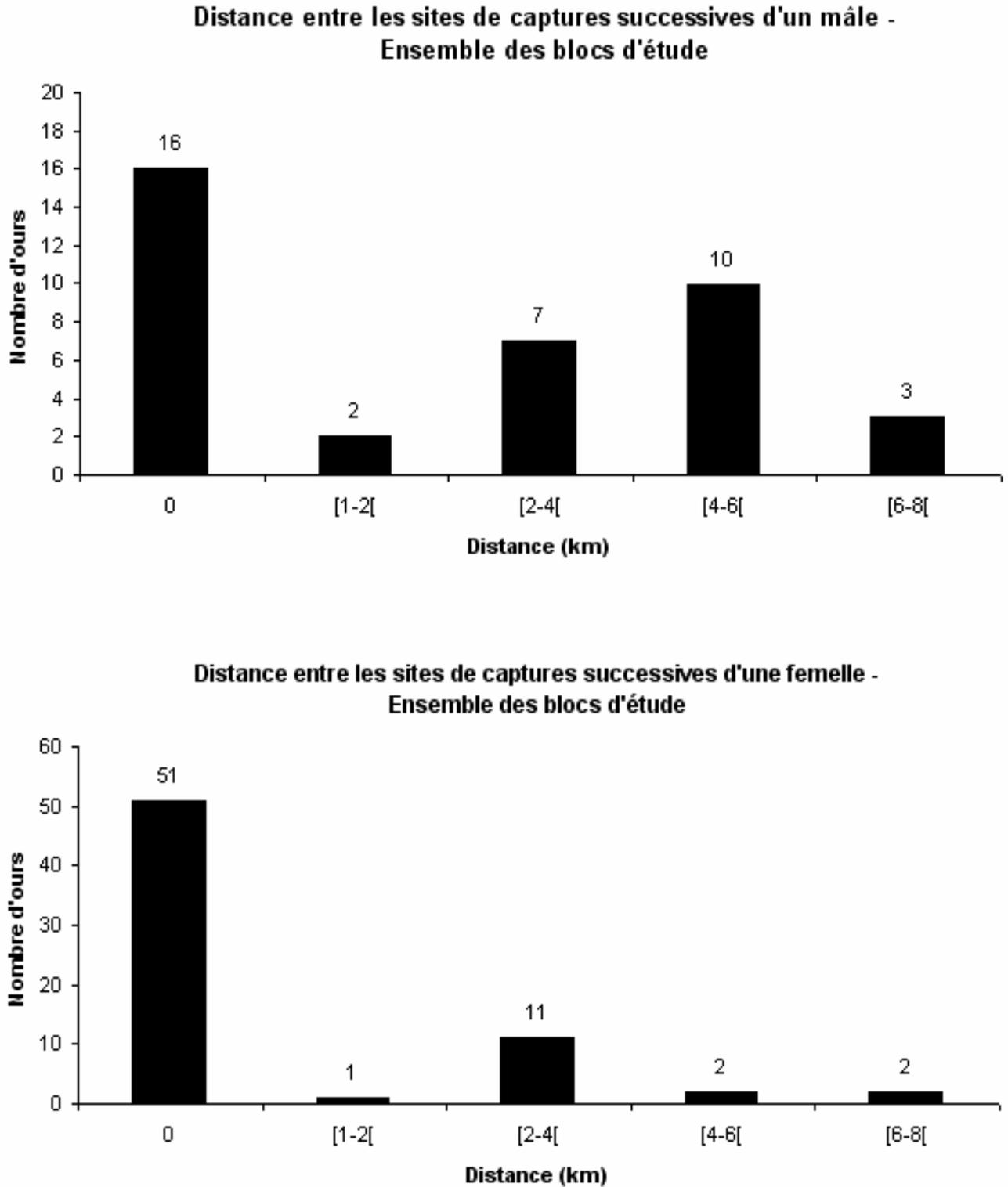


Figure 37. Distance parcourue par les individus mâles (figure du haut) et par les individus femelles (figure du bas) entre deux captures successives, dans les six blocs d'étude.

Toutefois, l'ANOVA réalisée à partir des facteurs « sexe » et « bloc d'étude » sur le temps écoulé entre deux captures successives d'un même individu ne révèle aucune différence significative entre les mâles et les femelles (mâles = 7,79 jours \pm 4,07, $n = 38$; femelles = 7,75 jours \pm 3,43, $n = 67$; $F_{[10, 104]} = 1,09$; $P = 0,3747$). Chez les mâles, 28,9% des recaptures ont eu lieu la même semaine que la capture précédente (stations différentes), 50,0% l'ont été à une semaine d'intervalle, 18,4% à deux semaines d'intervalle et seulement 2,6% à trois semaines d'intervalle (figure 38). Chez les femelles, ces proportions sont respectivement égales à 13,4%, 73,1%, 10,4% et 3,0%.

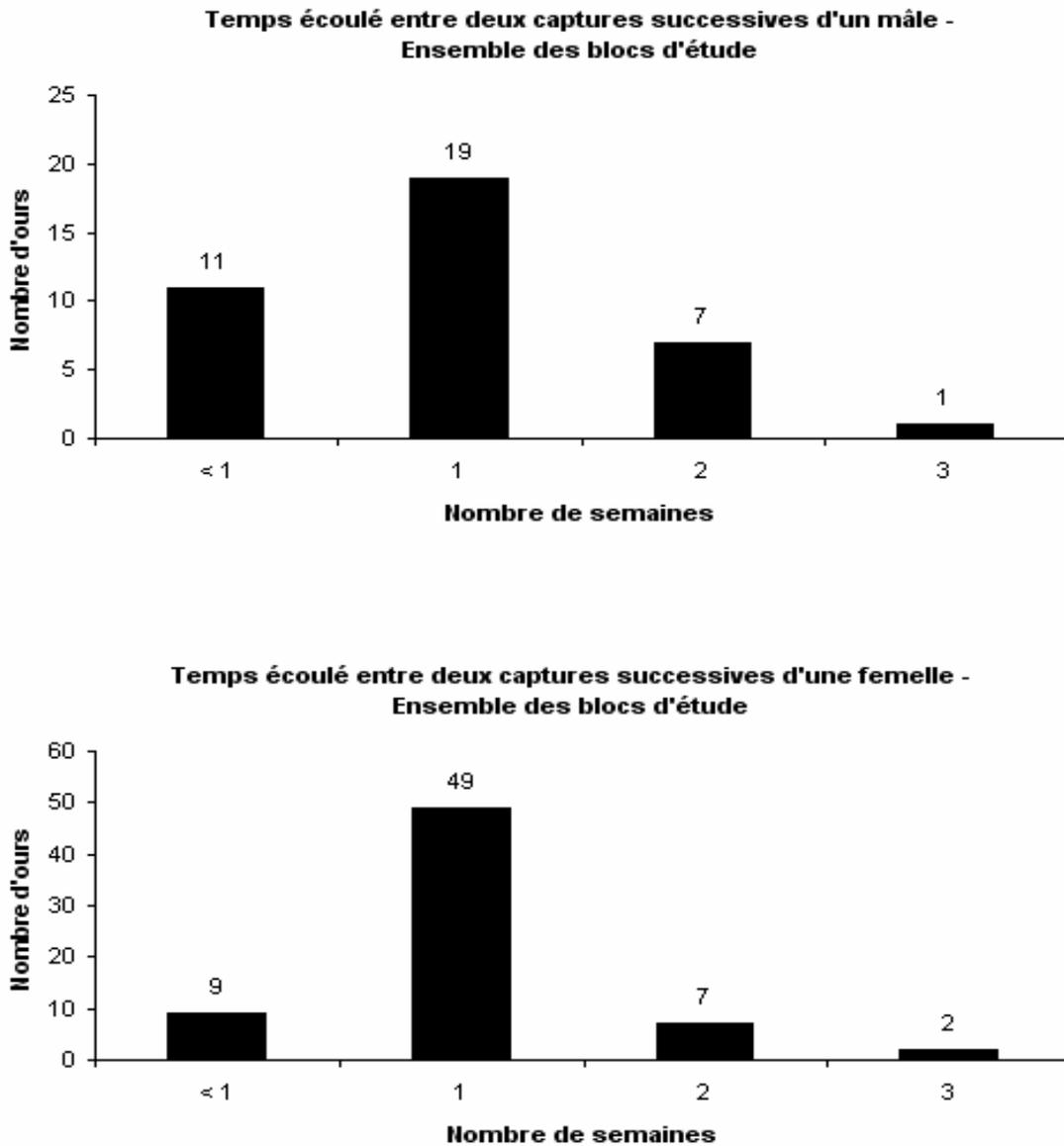


Figure 38. Temps écoulé entre deux captures successives d'un individu mâle (figure du haut) et d'un individu femelle (figure du bas), dans les six blocs d'étude.

Tout comme il a été noté dans l'inventaire de l'ours noir en Abitibi-Témiscamingue (Courtois *et al.* 2004), plusieurs ours peuvent fréquenter une station donnée au fil du temps (figure 39). Dans le présent inventaire, 55 des 99 stations (55,6%) pour lesquelles au moins un génotype était disponible avaient été visitées par ≥ 2 ours différents au cours de l'étude. Plus précisément, la moyenne d'ours par station (≥ 1 ours) était de $1,84 \pm 0,94$ ours ($n = 99$). Il est à noter que la moyenne réelle est potentiellement supérieure étant donné le phénomène des ours multiples qui n'a pu être détecté dans tous les cas possibles. Ces résultats sont similaires à ceux de l'inventaire précédent et ne sont pas surprenants si l'on considère le fait que le domaine vital d'un mâle incorpore celui de plusieurs femelles (Rogers 1987). Il est tout de même intéressant de noter que 23 stations avaient été visitées par au moins deux femelles distinctes au cours de l'étude, suggérant ainsi un chevauchement des domaines vitaux de certaines femelles. Enfin, malgré la proximité géographique de certains secteurs (ex. LadySmith et Cawood), aucun ours n'a été capturé dans deux blocs d'étude distincts.

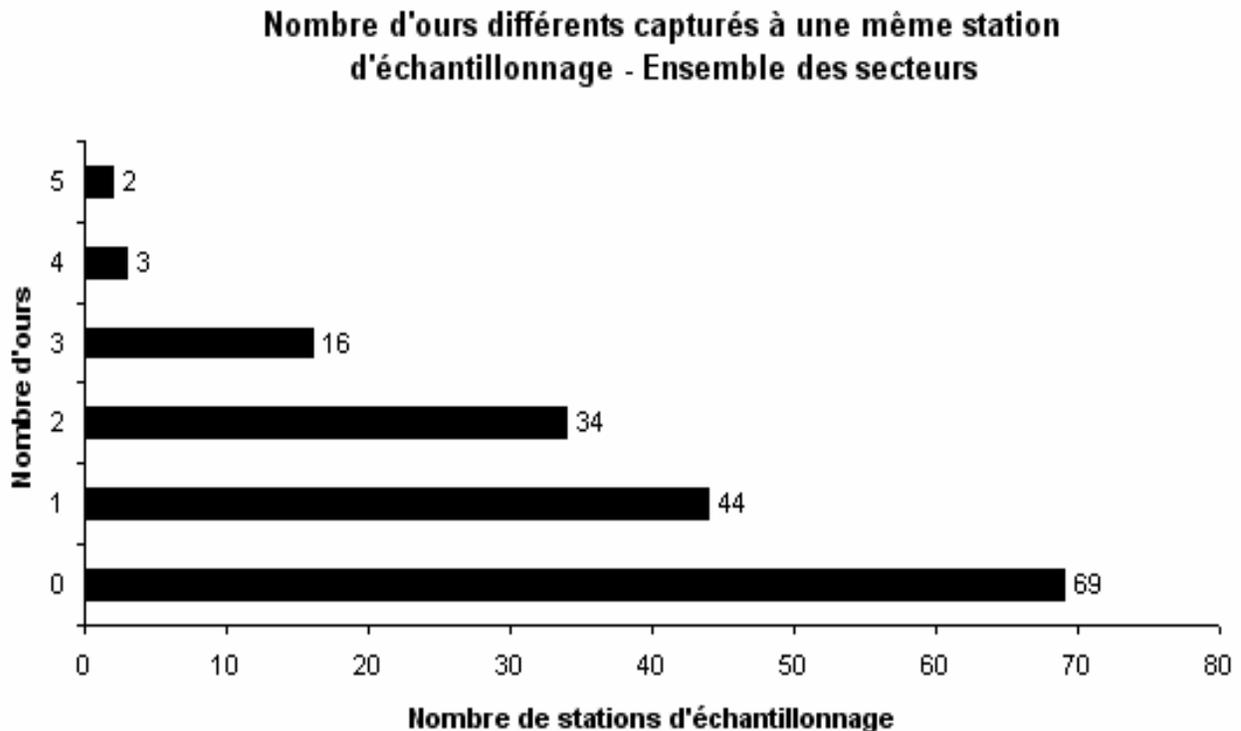


Figure 39. Nombre d'ours différents capturés à une même station d'échantillonnage, dans les six blocs d'étude et pour la durée complète de l'inventaire.

5.10 Fermeture démographique des blocs d'étude : second regard

À l'exception de la ZEC Pontiac, les deux autres secteurs pour lesquels le test de Stanley et Burnham (1999) a pu être évalué adéquatement (Bois-Francis et Papineau-Labelle) semblaient présenter une violation plutôt importante de la fermeture démographique. Ce test n'avait toutefois pu être évalué pour les trois secteurs situés en zone habitée (LadySmith, Cawood et Namur) étant donné une taille d'échantillons limitante. Dans le but de fournir un second regard sur l'évaluation de la fermeture démographique des grilles, il avait été proposé de réaliser une analyse de variance testant l'effet du sexe sur le nombre de captures d'un individu au cours des quatre sessions d'échantillonnage (section 4.4.12). Pour ce faire, les individus des six blocs d'étude ont été regroupés dans la même analyse, sans distinction quant à l'origine du bloc d'étude.

Une différence significative a été notée dans le nombre de captures d'un mâle ($1,40 \pm 0,67$, $n = 68$) comparativement à celui d'une femelle ($1,70 \pm 0,81$, $n = 83$; $F_{[1, 150]} = 6,05$; $P = 0,0150$). Cette analyse révèle donc que les femelles étaient capturées à un nombre de reprises significativement plus élevé que celui des mâles (tableau 29). Ce résultat serait très surprenant sous une prémisses de fermeture des grilles car il a été démontré chez les ours que le taux de rencontre des stations était plus élevé chez les mâles (Boulanger *et al.* 2004b). Il est intéressant d'interpréter ce résultat en considérant les hypothèses de l'analyse. La première hypothèse stipulait que les femelles étaient sédentaires, c'est-à-dire que leurs déplacements étaient très limités dans l'espace. Cette hypothèse semble réaliste car 76,1% des captures successives d'une même femelle avaient lieu à une même station et elles étaient séparées par un intervalle d'une semaine dans 73,1% des cas (figures 37 et 38). Le cycle annuel de l'ours noir appuie également cette hypothèse. Alternativement, si les femelles n'étaient pas sédentaires et qu'une différence significative était notée dans l'analyse, cela renforcerait d'autant plus l'hypothèse voulant que les mâles et les femelles aient effectué des déplacements importants, augmentant du même coup le degré de violation de la fermeture chez les deux sexes (et non seulement chez les mâles).

La seconde hypothèse de l'analyse stipulait que les individus des deux sexes avaient à la base une probabilité de capture similaire tout au long de l'étude. Le but de cette supposition a priori était de pouvoir attribuer toute différence significative issue potentiellement de l'analyse de variance à un non respect de la fermeture chez les individus du sexe le plus mobile, et non pas à

cause que l'un des deux sexes avait une probabilité de capture plus élevée que l'autre. Cette hypothèse est évidemment discutable mais impossible à tester avec certitude car les paramètres des modèles n'ont pu être évalués indépendamment pour chacun des deux sexes. Si tel avait été le cas, il aurait été possible d'obtenir notamment les estimés de probabilité de capture/recapture des deux sexes et de les comparer entre eux avec des tests statistiques. En absence de ces estimés, il faut supposer que les probabilités de capture chez les deux sexes étaient similaires; cette condition semble tout de même réaliste. En effet, il est permis de penser que la probabilité de capture plus élevée des mâles en temps régulier (nombre plus élevé de stations rencontrées) était compensée en partie par le comportement de sédentarité des femelles au cours de l'étude. Ce comportement augmentait sans contredit la probabilité de capture des femelles, du moins pour celles dont une station était installée dans le domaine vital. Il est toutefois très peu probable que cette probabilité de capture accrue des femelles ait dépassé celle des mâles, étant donné les déplacements importants de ces derniers. Par conséquent, si les deux hypothèses de l'analyse de variance étaient respectées, toute différence significative observée entre les mâles et les femelles ne peut être expliquée que par des événements d'immigration/émigration importants chez les mâles. Autrement dit, seuls les déplacements importants des mâles pourraient expliquer leur nombre moyen de captures significativement plus faible. Il est donc plausible que la prémisse de fermeture démographique était violée (par les mâles du moins), suffisamment pour influencer de manière significative le nombre de captures d'un individu mâle. En somme, la population d'ours noirs de la zone 10 ne respectait vraisemblablement pas la prémisse de fermeture, selon cette analyse de variance, et les mâles en seraient vraisemblablement la cause première.

À la lumière des résultats du test de la fermeture démographique de Stanley et Burnham (1999), des données de déplacements et de l'analyse de variance, les divers indices recueillis suggèrent que, de façon générale, la fermeture des grilles était relativement bien respectée chez les femelles, mais sévèrement violée chez les mâles.

Tableau 29. Nombre de fois où un individu a été capturé au cours de l'inventaire. Les captures multiples d'un individu lors d'une même session d'échantillonnage représentaient une seule capture. Les effectifs sont présentés pour les individus des deux sexes séparément et également lorsque combinés.

Nombre de captures	Nombre de mâles (%)	Nombre de femelles (%)	Nombre total (%)
1	47 (69,1%)	41 (49,4%)	88 (58,3%)
2	16 (23,5%)	28 (33,7%)	44 (29,1%)
3	4 (5,9%)	12 (14,5%)	16 (10,6%)
4	1 (1,5%)	2 (2,4%)	3 (2,0%)

5.11 Analyse des parcelles avec cinq stations

L'analyse des parcelles avec cinq stations confirme que la taille des parcelles était suffisamment grande puisque seulement neuf recaptures de femelles (13,4%) ont été notées au cours d'une même session d'échantillonnage (figure 38). De plus, seulement quatre femelles sur 83 étaient à l'origine de ces neuf recaptures, témoignant ainsi de la variation dans les déplacements pouvant exister chez les individus d'un même sexe. Il s'agit toutefois d'une proportion minimale de femelles (4,8%). À titre informatif, la distance euclidienne moyenne séparant les neuf captures successives de femelles était de 3,73 km ($\pm 1,81$), avec un minimum à 1,56 km et un maximum à 7,77 km.

L'analyse démontre également que des individus différents étaient généralement capturés à des stations adjacentes sur une base hebdomadaire et que pour plusieurs stations, les individus capturés n'étaient pas les mêmes au fil du temps (tableau 30). Toutefois, le taux de retour des femelles à une même station où elles avaient été précédemment capturées (52,6%) était plus élevé que celui des mâles (28,6%), ce qui supporte l'hypothèse de sédentarité des femelles. Les mâles n'étaient généralement pas recapturés (71,4% des cas), ce qui suggère des déplacements importants.

Cette analyse révèle également un élément fort important dont il faudra tenir compte lors de la planification des futurs plans d'échantillonnage. Le fait que des femelles différentes aient été généralement capturées à des stations adjacentes au cours d'une même session d'échantillonnage, combiné à la sédentarité de plusieurs femelles au moment de l'étude (section 5.9), suggère qu'un nombre potentiellement élevé de femelles n'avaient théoriquement aucune chance d'être capturées dans les parcelles munies d'une seule station d'échantillonnage. Autrement dit, la majorité des femelles mises en évidence dans les parcelles munies de cinq stations n'auraient probablement jamais été capturées si une seule station avait été utilisée dans la parcelle. Par exemple, dans la parcelle n°15 de la ZEC Pontiac, les femelles #140, #142, #143, #144 et #145 n'auraient fort probablement jamais été capturées si seule la station n°15C avait été installée dans cette parcelle. Cela est d'autant plus vrai que la majorité des femelles semblaient occuper une superficie restreinte au moment de l'inventaire (figure 37). Précisément, le fait d'avoir utilisé cinq stations par parcelle a permis d'identifier en moyenne 2,65 individus par semaine, par parcelle. Ce constat est fort important puisqu'il suggère que l'intensité d'échantillonnage était inadéquate dans le présent inventaire; une taille de parcelle plus petite et/ou un nombre accru de stations par parcelle auraient dû être idéalement employés. Cela mène directement à la recommandation que l'intensité de capture soit accrue lors des prochains inventaires, afin de maximiser la probabilité de capture du plus grand nombre de femelles possible et ainsi réduire l'hétérogénéité. Cette question, de même que son impact potentiel sur les estimés d'abondance, est abordée de nouveau dans la section 7.3.2.

Tableau 30. Données de capture enregistrées à l'intérieur des parcelles contenant cinq stations d'échantillonnage, au cours des quatre semaines de l'inventaire. Les blocs considérés sont la ZEC Pontiac (ZP), Papineau-Labelle (PL) et Bois-Francs (BF). Le numéro précédant celui de chacune des stations fait référence au numéro d'identification de l'individu, présenté dans l'annexe 6.

Bloc / n° parcelle	Se A	Se B	Se C	Se D
ZP / 02	# 119 (♀): 02A # 120 (♀): 02E		# 119 (♀): 02A	# 119 (♀): 02A, 02B, 02D # 120 (♀): 02E
ZP / 15	# 137 (♂): 15A et 15C # 140 (♀): 15B # 143 (♀): 15D	# 137 (♂): 15A et 15C # 141 (♀): 15B # 144 (♀): 15E	# 138 (♂): 15A # 141 (♀): 15C # 142 (♀): 15B # 144 (♀): 15E	# 139 (♂): 15A # 140 (♀): 15B # 141 (♀): 15B # 143 (♀): 15D # 145 (♀): 15E
PL / 05		# 93 (♀): 05B # 94 (♀): 05C # 95 (♂): 05C	# 93 (♀): 05B # 94 (♀): 05C	# 93 (♀): 05B # 96 (♂): 05C
PL / 08	# 101 (♀): 08D	# 98 (♂): 08B # 99 (♂): 08C # 101 (♀): 08D	# 100 (♀): 08C # 101 (♀): 08D # 102 (♀): 08D # 103 (♂): 08E	# 99 (♂): 08C
BF / 18	# 30 (♀): 18A # 33 (♂): 18B # 36 (♂): 18C # 41 (♀): 18E	# 31 (♀): 18A # 33 (♂): 18B # 37 (♀): 18C # 39 (♀): 18D # 41 (♀): 18E	# 32 (♂): 18A # 34 (♂): 18B # 38 (♂): 18C # 40 (♂): 18D # 41 (♀): 18E	# 35 (♀): 18B # 37 (♀): 18E # 38 (♂): 18C

6. STATISTIQUES GÉNÉTIQUES

Les analyses génétiques ont été effectuées à partir des 151 génotypes uniques (ours différents) qui ont été présentés lors du rapport préliminaire en avril 2006 (Roy et Bernatchez 2006). Ces génotypes correspondaient au fichier complet des génotypes. Les recaptures des individus n'étaient pas considérées dans les statistiques génétiques de la présente section afin de ne pas introduire un biais dû à la réplicabilité. Le programme IDENTITY 1.0 (Wagner et Sefc 1999) avait permis l'obtention des paramètres suivants, pour chacun des locus : le nombre d'allèles, la composition allélique (nom des allèles), les fréquences alléliques, les degrés d'hétérozygotie observée et attendue (H_E et H_O , respectivement) et la probabilité d'identité (P_{ID}). Tous ces paramètres fournissaient une idée générale du polymorphisme des marqueurs et donc de leur capacité à attribuer une étiquette moléculaire unique aux individus. Plus le polymorphisme d'un marqueur était élevé, meilleure était cette capacité. La probabilité d'identité, définie comme étant la probabilité que deux individus non apparentés aient le même génotype par hasard, était calculée selon Paetkau *et al.* (1995). Bien que moins conservatrice que la probabilité d'identité frère-soeur, elle confirmait néanmoins le très grand pouvoir de résolution des marqueurs utilisés. La probabilité d'identité multi-locus correspondait au produit des probabilités d'identité individuelles. Les statistiques génétiques de chaque marqueur sont présentées au tableau 31.

Les marqueurs génétiques ont été amplifiés avec succès chez presque tous les individus (annexe 6). Le nombre d'allèles par locus variait entre 9 et 20 ($11,6 \pm 3,41$, $n = 10$). Les valeurs d'hétérozygotie attendue (H_E) étaient très élevées et oscillaient entre 0,7441 et 0,9208 ($0,8376 \pm 0,05$, $n = 10$). Elles ressemblaient fortement aux valeurs d'hétérozygotie observée (H_O), ce qui est en accord avec une reproduction aléatoire (panmixie) au sein de la population d'ours noirs dans la zone 10. Enfin, les probabilités d'identité individuelles variaient entre 0,0208 et 0,1667, alors que la probabilité d'identité appliquée à l'ensemble des marqueurs était de $5,1610 \times 10^{-12}$. Clairement, les dix marqueurs employés dans la présente étude minimisaient le risque de confondre deux individus au cours de l'analyse CMR (effet d'ombrage négligeable). Par conséquent, il ne faisait nul doute que les dix marqueurs sélectionnés possédaient un très haut pouvoir d'assignation d'étiquette moléculaire unique à chaque individu et devraient être utilisés lors des prochains inventaires.

Tableau 31. Statistiques reliées aux 10 marqueurs microsatellites employés pour établir le profil génétique des 151 ours identifiés au cours des quatre semaines d'échantillonnage, lors de l'inventaire de l'ours noir en Outaouais (zone 10). Les individus des six blocs d'étude étaient considérés. (N ours = nombre d'ours analysés par locus; N allèles = nombre d'allèles différents identifiés par locus; H_E : hétérozygotie attendue; H_O = hétérozygotie observée et P_{ID} = probabilité d'identité frère-sœur).

MARQUEURS GENETIQUES																			
G10H		G1D		MU09		MU15		G10L		MU50		G10P		MU23		MU10		G10M	
Allèle	Fréquence	Allèle	Fréquence	Allèle	Fréquence	Allèle	Fréquence	Allèle	Fréquence	Allèle	Fréquence	Allèle	Fréquence	Allèle	Fréquence	Allèle	Fréquence	Allèle	Fréquence
230	0.0300	174	0.0298	187	0.0066	126	0.0133	127	0.0033	111	0.0795	163	0.0066	153	0.1821	116	0.0596	192	0.1149
232	0.0633	176	0.0232	191	0.0133	128	0.0298	133	0.1233	117	0.0894	165	0.0364	155	0.0795	120	0.0099	194	0.0338
234	0.0400	178	0.4040	193	0.0199	130	0.3378	135	0.1033	119	0.1788	169	0.0364	157	0.1457	124	0.0464	196	0.1182
236	0.0533	180	0.1060	195	0.0397	132	0.1788	137	0.1167	121	0.0099	171	0.0464	161	0.0861	126	0.1159	198	0.2737
238	0.1000	182	0.0497	197	0.2417	134	0.1391	141	0.0067	123	0.1623	173	0.0927	163	0.0530	128	0.1887	200	0.1926
240	0.1867	184	0.0298	201	0.0828	136	0.0563	145	0.0033	125	0.0265	175	0.0364	165	0.0662	130	0.2086	202	0.1216
242	0.0167	186	0.2649	203	0.2947	138	0.1258	147	0.0500	129	0.0166	177	0.2649	167	0.0695	132	0.0894	204	0.1216
244	0.0567	188	0.0795	205	0.1159	140	0.0497	149	0.0467	131	0.2219	179	0.3212	169	0.2152	134	0.0960	206	0.0169
246	0.0167	190	0.0133	207	0.1556	142	0.0695	151	0.2433	133	0.0894	181	0.0662	171	0.0861	136	0.1060	208	0.0068
248	0.0433			209	0.0298			153	0.1000	135	0.0894	183	0.0828	173	0.0066	138	0.0795		
250	0.0433							155	0.0867	137	0.0066	185	0.0099	175	0.0099				
252	0.0633							157	0.0600	139	0.0199								
254	0.0733							159	0.0500	141	0.0099								
256	0.0267							165	0.0067										
258	0.0300																		
260	0.0533																		
262	0.0167																		
264	0.0467																		
266	0.0333																		
270	0.0067																		
N ours	150	151		151		151		150		151		151		151		151		148	
N allèles	20	9		10		9		14		13		11		11		10		9	
H_E	0.9208	0.7441		0.8071		0.8072		0.8729		0.8606		0.8006		0.8660		0.8669		0.8298	
H_O	0.9333	0.7219		0.7815		0.8079		0.8333		0.8609		0.7947		0.8477		0.8808		0.8514	
P_{ID}	0.0208	0.1667		0.1135		0.1045		0.0520		0.0646		0.1120		0.0602		0.0599		0.0925	

7. DISCUSSION

Cette section met en lumière les éléments les plus importants de la présente étude et suggère également des hypothèses qui mériteraient, selon nous, d'être testées lors des prochains inventaires de l'ours noir au Québec à l'aide de marqueurs génétiques.

7.1 Comparaison des données de capture entre les blocs d'étude

L'information de capture récoltée à l'intérieur de chaque bloc d'étude est résumée dans le tableau 32 sous forme d'histoires de capture. Ces histoires de capture sont regroupées en deux grandes catégories selon le nombre de capture (1 ou > 1) enregistré au cours des quatre sessions d'échantillonnage, dans le but de distinguer les individus capturés une seule fois de ceux ayant été recapturés à au moins une reprise. Cette distinction est importante puisqu'elle est généralement liée à la précision des estimés d'abondance obtenus. Le tableau 33 résume les principaux résultats de capture des six blocs d'étude, à partir desquels les observations pertinentes ont été notées.

Tableau 32. Effectif des différentes histoires de capture observées dans les six blocs d'étude.

Histoires de capture	ZP	BF	LD	CW	PL	NA	Total
1-0-0-0	2	9	1	2	5	1	20
0-1-0-0	3	8	7	1	2	3	24
0-0-1-0	4	8	3	2	6	2	25
0-0-0-1	6	5	3	0	2	3	19
Sous-total 1	15	30	14	5	15	9	88
1-1-0-0	3	1	2	0	1	0	7
1-0-1-0	1	1	0	1	1	0	4
1-0-0-1	2	0	0	0	1	0	3
0-1-1-0	4	2	1	1	6	0	14
0-1-0-1	0	2	1	0	1	0	4
0-0-1-1	3	5	1	1	2	0	12
1-1-1-0	1	1	0	0	1	0	3
1-1-0-1	1	0	1	0	1	0	3
1-0-1-1	2	0	0	1	0	0	3
0-1-1-1	2	2	0	0	2	1	7
1-1-1-1	1	1	1	0	0	0	3
Sous-total 2	20	15	7	4	16	1	63
TOTAL	35	45	21	9	31	10	151

Tableau 33. Description sommaire des principaux résultats de capture des six blocs d'étude. La fermeture relative fait référence au respect de la prémisses de fermeture démographique des blocs d'étude suivant le test de Stanley et Burnham 1999 (+ : fermeture fortement violée, ++ : fermeture modérément violée, +++ : fermeture légèrement violée). L'exactitude et la précision des estimés d'abondance et de densité (\hat{N} et \hat{D} respectivement) doivent être considérées avec prudence étant donné le biais potentiellement très important affectant ces deux paramètres.

Bloc d'étude	# mâles identifiés	# femelles identifiées	# mâles recapturés	# femelles recapturées	% stations > 1 ours	Fermeture relative	\hat{N} (\pm E.C.)	\hat{D} (\pm E.C.)
ZEC Pontiac	10	25	3 (30,0%)	17 (68,0%)	18,2	+++	44 (\pm 7,45)	1,25 (\pm 1,21)
Bois-Francis	22	23	5 (22,7%)	10 (43,5%)	23,8	+	68 (\pm 13,06)	2,15 (\pm 1,13)
LadySmith	13	8	4 (30,8%)	3 (37,5%)	12,1	non évaluée	30 (\pm 6,91)	non évaluée
Cawood	2	7	1 (50,0%)	3 (42,9%)	30,8	non évaluée	11 (\pm 2,51)	non évaluée
Papineau-Labelle	14	17	7 (50,0%)	9 (52,9%)	32,0	++	38 (\pm 4,60)	1,02 (\pm 0,33)
Namur	7	3	1 (14,3%)	0 (0%)	69,2	non évaluée	23 (\pm 12,29)	non évaluée

Afin de faciliter l'interprétation des données de capture, il a été jugé pertinent de regrouper les blocs d'étude en deux catégories : les secteurs dits de haute densité (ZEC Pontiac, Bois-Francis et Papineau-Labelle) et les secteurs dits de basse densité (LadySmith, Cawood et Namur). Ce regroupement se justifie par le partage de plusieurs caractéristiques similaires entre les secteurs d'une même catégorie. Essentiellement, les secteurs de haute densité se caractérisent par un habitat forestier très étendu, une présence humaine peu importante et un niveau d'exploitation de l'ours noir relativement faible. À l'inverse, les secteurs de faible densité se caractérisent par une distribution davantage clairsemée de l'habitat forestier, une présence humaine marquée et une forte exploitation de l'ours noir (à l'exception toutefois du secteur Namur). Certaines comparaisons ont été effectuées sur la base de ces deux catégories de secteurs et il est important de noter que la faible taille d'échantillons typique de tous les secteurs limite la portée des conclusions issues de ces

comparaisons. Elles inspirent néanmoins quelques hypothèses qui pourront éventuellement être testées lors des prochains inventaires.

7.1.1 Étendue du domaine vital

La première observation fait référence au pourcentage des individus de chaque sexe ayant été recapturés à au moins une reprise lors de l'inventaire. Dans les secteurs de haute densité, 15 des 46 mâles identifiés (32,6%) ont été recapturés à au moins une reprise, comparativement à 6 des 22 mâles (27,3%) identifiés dans les secteurs de basse densité; ces proportions sont donc très similaires entre elles. À l'inverse, 36 des 65 femelles (55,4%) identifiées dans les secteurs de haute densité ont été recapturées à au moins une reprise, comparativement à six des 18 femelles (33,3%) identifiées dans les secteurs de basse densité. Ces proportions semblent donc différer davantage entre elles que dans le cas des mâles. Il est étonnant d'observer une plus faible proportion des femelles recapturées dans les secteurs de basse densité étant donné une superficie moins importante de l'habitat forestier.

Cette différence entre les secteurs de haute et de basse densités est potentiellement attribuable à une taille du domaine vital des femelles plus élevée dans un habitat forestier fragmenté et caractérisé par une présence humaine marquée. Les déplacements des femelles seraient potentiellement plus importants dans ce type d'habitat, augmentant subséquemment leur probabilité de quitter la zone d'étude à un moment ou un autre de l'inventaire. Cela est d'autant plus vrai lorsque la superficie des blocs d'étude est restreinte, comme c'était le cas dans la présente étude (500 km²). Dans de telles circonstances, la probabilité de capturer plus d'une fois une même femelle est réduite, s'approchant de celle des mâles, et la proportion de femelles capturées une seule fois est accrue. Les résultats de la présente étude suggèrent que cette possibilité ne peut être écartée et semblent en accord avec les conclusions d'autres études, en particulier celle de Jones et Pelton (2003). Ces auteurs avaient noté que le domaine vital des femelles (*U. americanus*) était deux fois plus élevé, sur une base annuelle et saisonnière, dans une région de la Caroline du Nord caractérisée par une superficie restreinte de l'habitat forestier primaire et dominée par un développement humain important, en comparaison avec une région adjacente aux attributs opposés. La taille du domaine vital des femelles était déterminée à l'aide de colliers radio émetteurs et les auteurs avaient remarqué une grande variabilité interannuelle de ce paramètre. En se basant sur l'affirmation que la taille du domaine vital d'une femelle est inversement corrélée à la qualité de l'habitat (Armstrup et

Beecham 1976), les auteurs avaient conclu que la région renfermant les femelles au domaine vital le plus grand était également celle dont la productivité du milieu était la plus faible et cela expliquerait la densité d'ours moins importante de cette région.

Les mêmes auteurs avaient également noté que dans les secteurs agroforestiers avec présence humaine marquée, les mouvements des ours entre le couvert végétal forestier et les champs agricoles étaient nombreux mais de courte durée. Lorsque reliée au secteur LadySmith, cette observation est fort intéressante puisqu'elle suggère que certaines femelles pourraient faire fréquemment de courtes excursions entre la grande forêt, qui constitue le véritable habitat de l'ours noir, et le milieu agricole environnant. Ces femelles augmenteraient temporairement les dimensions de leur domaine vital pour s'aventurer en milieu agroforestier et utiliseraient alors la forêt enclavée dans le milieu agricole comme refuge lors des déplacements. Cette hypothèse est appuyée par le fait que dans la plupart des cas en Outaouais, la forêt enclavée n'est jamais située bien loin de la grande forêt (Goudreault et Toussaint 2005). Dans un contexte d'ours importuns où les déplacements des individus jouent nécessairement un rôle très important dans la compréhension de ce phénomène, il pourrait être fort intéressant d'établir un protocole expérimental permettant de tester cette hypothèse.

7.1.1.1 Cas particulier des secteurs ZEC Pontiac et Bois-Francs

Bien que des déplacements différentiels chez les femelles puissent exister entre les secteurs de haute et de basse densité, il est important de noter que les secteurs d'une même catégorie présentent parfois des contrastes importants. Le cas des secteurs ZEC Pontiac et Bois-Francs est particulièrement intéressant. Les données de capture, présentées dans la section 5, révélaient l'existence d'une différence notable (17) dans le nombre total de recaptures de femelles notées entre ces deux secteurs (ZEC Pontiac : 30; Bois-Francs : 13). Il est plutôt étonnant d'observer une telle différence étant donné la proximité géographique et surtout, le nombre de femelles marquées presque identique entre ces deux secteurs (tableau 33). Une hypothèse pouvant expliquer une telle observation réside peut-être dans un comportement de sédentarité moins présent chez les femelles du secteur Bois-Francs. Plusieurs facteurs pourraient être à l'origine de cette sédentarité moindre, tels qu'une différence de l'âge moyen des femelles impliquées ou encore un niveau d'exploitation de l'ours noir plus élevé dans le secteur Bois-Francs (plusieurs pourvoies), lequel induirait durant

un laps de temps plus ou moins bien défini des déplacements plus importants chez les femelles de ce secteur. Ce dernier facteur, mentionné préalablement dans d'autres études (Schenk *et al.* 1998), n'est pas à négliger car l'inventaire a suivi de près la fin de la saison de chasse printanière (15 mai - 10 juin 2005). Si ce facteur a réellement pu jouer un rôle déterminant, l'une des prédictions serait que les déplacements des mâles soient également affectés. Le fait que le nombre total de recaptures de mâles soit sensiblement le même entre les secteurs Bois-Francis (9) et Pontiac (7), malgré un nombre deux fois plus élevé de mâles identifiés dans le secteur Bois-Francis, constitue certes un appui à ce facteur.

Alternativement, ces déplacements en apparence moins importants dans le secteur ZEC Pontiac s'expliqueraient potentiellement par un habitat de meilleure qualité, qui ferait en sorte que les femelles n'auraient pas à occuper un vaste domaine vital pour satisfaire leurs besoins énergétiques. À ce sujet, Jolicoeur *et al.* (2004) avaient noté que le secteur Pontiac constitue un très bon habitat pour l'ours noir, car il procure aux ourses une nourriture très riche, probablement attribuable à la forte présence de tiges de chênes et de hêtres qui fournissent des fruits durs hautement énergétiques. Cette étude n'avait toutefois pas considéré le secteur Bois-Francis, rendant impossible la comparaison directe de ces deux secteurs. Toutefois, la proportion élevée de femelles en apparence sédentaires (60,0%) au moment de l'inventaire dans le secteur Pontiac, combinée à un sexe ratio nettement biaisé envers les femelles, laisse croire que cet habitat est potentiellement de meilleure qualité que celui du secteur Bois-Francis. Une caractérisation plus fine des secteurs pourrait permettre éventuellement de comparer la qualité relative de ces deux habitats.

Enfin, il se peut que les déplacements en apparence plus importants des individus dans le secteur Bois-Francis soient le résultat de la combinaison de ces deux facteurs, à savoir un niveau d'exploitation plus élevé de l'ours noir et un habitat de moins bonne qualité (critique pour les femelles). Le très haut degré de violation de la fermeture de ce bloc d'étude (tableau 33), révélé par le test démographique de Stanley et Burnham (1999), supporte manifestement l'hypothèse d'une dynamique plus importante chez les ours de ce secteur.

7.1.2 Stations avec ours multiples

Le phénomène des ours multiples détecté initialement à 60 des 264 stations (22,7%) constitue sans contredit une situation inattendue dans le cadre du présent projet. Bien que la méthodologie employée pour identifier les stations dites « ours multiples » était très conservatrice et ait pu surestimer cette proportion, il est important de noter que l'ampleur du phénomène est sous-estimée en contrepartie par le fait que ce ne sont pas tous les poils d'un même échantillon (enveloppe) qui ont été analysés. Il est par conséquent très difficile de statuer sur le nombre exact de stations visitées par deux individus (ou plus) au cours d'une même session d'échantillonnage. Néanmoins, ce phénomène est bel et bien présent et représente en quelque sorte un imprévu; il avait été suggéré qu'à la suite du passage d'un premier ours à une station, l'absence d'appât n'allait pas inciter d'autres ours à visiter la station. Cela s'est avéré évidemment faux et démontre à quel point l'ours est un animal opportuniste et curieux pour tout élément nouveau dans son domaine vital. Cette observation rejoint les propos de Pelton (2003) ainsi que de Jolicoeur *et al.* (2004).

La présence marquée du phénomène des ours multiples est potentiellement attribuable à une combinaison de plusieurs facteurs. D'abord, il est connu chez l'ours noir que le domaine vital d'un mâle chevauche celui de plusieurs femelles (7 à 15 femelles, Rogers 1987). En période de reproduction par surcroît, comme c'était le cas lors de l'inventaire, les mouvements des mâles s'accroissent afin de maximiser le nombre de femelles avec lesquelles ils s'accouplent (Schenk et Kovacs 1995). De la même façon, le chevauchement des domaines vitaux de plusieurs femelles peut avoir contribué à accroître le phénomène des ours multiples. À ce sujet, il existe des différences marquées dans la littérature concernant le degré de chevauchement des domaines vitaux des ours. Alors que certains auteurs parlent d'un chevauchement très grand, allant même jusqu'à s'étendre à la « région noyau » des femelles (Horner et Powell 1990), d'autres ont observé que ce chevauchement était relativement faible chez la majorité des femelles et davantage propice dans les zones où la nourriture est de meilleure qualité (Samson et Huot 2001). En fait, le degré de chevauchement varie selon tellement de facteurs (abondance de nourriture, densité d'ours, saison, etc) qu'il est très difficile à évaluer à un moment précis dans le temps.

Lors d'une étude de l'ours noir réalisée dans le secteur Pontiac entre 1992 et 1995, Jolicoeur *et al.* (2004) avaient noté que le domaine vital d'une femelle était chevauché en moyenne par

trois/quatre domaines vitaux d'autres femelles, laissant ainsi très peu d'espace exclusif pour chacune des femelles à l'intérieur de leur propre aire vitale. Une autre étude réalisée dans une aire protégée du nord de l'Ontario (Chapleau Crown Game Preserve, Schenk *et al.* 1998) avait également mis en relief un chevauchement important des domaines vitaux des femelles, résultat probable selon les auteurs de la densité d'ours élevée dans cette région. Enfin, le fait que certaines femelles se déplaçaient en compagnie de leur(s) ourson(s) a pu favoriser le phénomène des ours multiples (Boulanger *et al.* 2004a). Bref, en considérant l'ensemble de ces facteurs, il n'est donc pas étonnant que plusieurs stations aient reçu la visite de plus d'un ours au cours d'une même session. Fait intéressant à noter toutefois, le phénomène des ours multiples semblait prédominant dans les blocs d'étude où la répartition spatiale des captures n'était pas uniforme à l'intérieur de la grille d'échantillonnage (Papineau-Labelle, Cawood et Namur), suggérant ainsi que ces secteurs renfermaient au moment de l'étude des zones de forte densité d'ours et d'autres zones très peu exploitées par l'animal.

7.1.3 Fermeture démographique des blocs d'étude

La fermeture démographique fait référence à l'absence de phénomènes de natalité, de mortalité, d'immigration et d'émigration (Garshelis 1998). Les deux premiers phénomènes ont de toute évidence été respectés dans la présente étude, puisque les événements de natalité ont lieu au cours de l'hiver dans les tanières (Pelton 2003) et le taux annuel de mortalité naturelle de l'ours noir est très faible (Samson et Huot 2001). Toutefois, le test de Stanley et Burnham (1999) a révélé des phénomènes d'immigration et/ou d'émigration en apparence importants dans deux des trois secteurs testés avec succès (tableau 33). Il est important cependant de préciser que ce test n'est pas parfait car il rejette l'hypothèse nulle de fermeture (H_0) à une fréquence plus élevée que 5% ($\alpha = 0,05$) en présence d'hétérogénéité dans les probabilités de capture. Tel que discuté plus loin dans le rapport, cette hétérogénéité est inévitable chez les ours et cela peut avoir influencé les résultats du programme CloseTest (Stanley et Richards 2005). Boulanger *et al.* (2004a) recommandent d'interpréter les résultats de ce test avec prudence. Il se peut enfin que les faibles tailles d'échantillonnage réduisent son efficacité.

Bien qu'ils puissent être biaisés, les résultats du test de Stanley et Burnham (1999) sont néanmoins en accord avec les données de déplacement suggérant une mobilité significativement

plus élevée des mâles en comparaison avec celle des femelles (section 5.9), ainsi qu'avec les résultats de l'analyse de variance suggérant que les femelles aient été capturées significativement plus souvent que les mâles (section 5.10). Il ne faut pas oublier également qu'une méthode parcimonieuse a été employée pour calculer la distance entre deux sites de captures successives d'un individu, de sorte qu'il est possible que les déplacements des individus aient été encore plus importants que ceux présentés dans ce rapport. De plus, il est important de mentionner qu'un individu capturé une seconde fois à deux ou trois semaines d'intervalle de la capture initiale est davantage révélateur d'une fermeture élevée du bloc d'étude qu'un individu capturé au cours des deux premières sessions et non recapturé par la suite. Avec seulement quatre sessions d'échantillonnage, il n'est toutefois vraiment pas aisé d'interpréter de tels résultats. Il faut donc rester prudent dans l'interprétation des graphiques mettant en relation le nombre d'ours et le temps écoulé entre deux captures successives. Selon les divers indices recueillis, il apparaît donc que la fermeture démographique des grilles était relativement bien respectée chez les femelles, mais sévèrement violée chez les mâles, ce qui supporte la conclusion voulant que la prémisses de fermeture démographique n'était pas respectée au sein de la population globale. Cette observation rejoint celle d'une autre étude qui avait également démontré que les mâles sont plus susceptibles d'engendrer une violation de la fermeture (Boulanger et McLellan 2001).

Face à ce non-respect de la fermeture démographique, il pourrait être tentant d'avoir recours aux modèles de populations ouvertes pour estimer l'abondance. Toutefois, il est important de savoir que ces modèles ne considèrent pas l'hétérogénéité existant dans les probabilités de capture (Garshelis 1998) et démontrent généralement une moins bonne précision (Boulanger et McLellan 2001). Cela est particulièrement problématique dans le cas des ours étant donné les nombreuses sources d'hétérogénéité reconnues (voir section 7.3.2). Par conséquent, les modèles ouverts ne peuvent pas être utilisés efficacement dans la présente étude.

7.2 Estimés d'abondance et de densité

Les diverses analyses liées à la fermeture démographique des blocs d'étude recommandent toutes l'extrême prudence dans l'interprétation des estimés d'abondance et de densité; l'exactitude et la précision de ces estimés sont probablement biaisées de façon importante. Par conséquent, il est très difficile d'interpréter les estimés d'abondance obtenus à l'aide des modèles CMR, d'autant plus

que ce ne sont pas tous les modèles qui ont pu être testés avec succès. La meilleure approche est possiblement de décrire les grandes tendances et de comparer prudemment les estimés entre eux afin de mettre en lumière les éléments les plus pertinents. Lorsque possible, il peut être intéressant également de comparer les estimés de densité suggérés par le programme DENSITY 3.3 (Efford *et al.* 2004) avec ceux présentés dans le plan de gestion de l'ours noir (2006-2012) de la zone 10 (Goudreault et Toussaint 2005).

7.2.1 Tendances générales

Le constat le plus évident et le plus surprenant est sans contredit les faibles valeurs d'abondance estimées pour chacun des six blocs d'étude (tableau 33). Cela contraste fortement avec les nombreux indices qui laissaient croire à une taille de population élevée, dont les principaux ont été décrits lors de la mise en contexte de l'inventaire (section 3). Il a déjà été mentionné cependant que la fiabilité de ces indices est difficile à évaluer adéquatement car il existe à l'opposé d'autres indicateurs qui eux suggèrent que la hausse de la population d'ours noirs depuis 1996 n'est pas aussi importante qu'on pourrait le croire (Goudreault et Toussaint 2005). Parmi ces indicateurs, il y a le fait que la récolte d'ours au cours des dernières années a approché, voire dépassé les maxima historiques (figure 4). À titre d'exemple, la mortalité anthropique en 2004 dans la zone 10 était probablement comparable à celle de 2003, soit près de 1000 ours. La hausse du taux de mortalité anthropique entre 1996 et 2004 (plus de 20% par année) était d'ailleurs plus élevée que le taux de recrutement théorique de la population, ce qui a entraîné le dépassement de l'objectif de la récolte d'ours pour la zone 10 prévu au plan de gestion 1998-2002 (0,10 ours/10 km²); la densité de récolte a atteint 0,35 ours / 10 km² en considérant l'année 2004. La figure 40 illustre l'évolution de l'intensité de la récolte par la chasse et le piégeage dans les trois secteurs de la zone 10 entre 1998 et 2004. Il est possible d'y constater une progression spectaculaire de la récolte d'ours dans le secteur 10 Sud-Ouest et une progression importante dans les deux autres secteurs. Cette intensité élevée de la récolte d'ours a potentiellement diminué considérablement l'effectif global de la population.

Également, il ne faut pas oublier qu'à chaque année, entre 125 et 150 ours sont abattus à des fins de contrôle sans être enregistrés, ce qui peut faire croire faussement à une population d'ours plus élevée. La perception d'augmentation de la population d'ours est peut être due en partie à une

visibilité plus grande des ours importuns, mais il ne faut pas oublier qu'il est possible de surexploiter l'ours tout en conservant une illusion d'abondance (Goudreault et Toussaint 2005). De plus, il a été observé que l'âge moyen des individus dans la récolte depuis 1992 était en baisse marquée, atteignant même le seuil inférieur à ne pas franchir pour maintenir la population à un niveau acceptable (mâles : 3 ans, femelles : 4 ans, Jolicoeur 1997). Il est cependant difficile de dire si cette baisse est due à un niveau d'exploitation trop élevé envers les adultes ou à une forte productivité entraînant un nombre élevé de jeunes ours dans la récolte. Les faibles estimés d'abondance obtenus dans le présent inventaire soutiennent la première option, mais il faut tout de même rester très prudent dans l'interprétation de ces estimés (voir section 7.3). Néanmoins, tous les indicateurs décrits dans la présente section supportent les faibles estimés d'abondance obtenus. Un appui additionnel est certainement la faible ampleur du phénomène des ours importuns en 2005, pourtant une année impaire où la production de nourriture d'automne (glands, fânes, noisettes, etc) est généralement faible (Goudreault et Toussaint 2005).

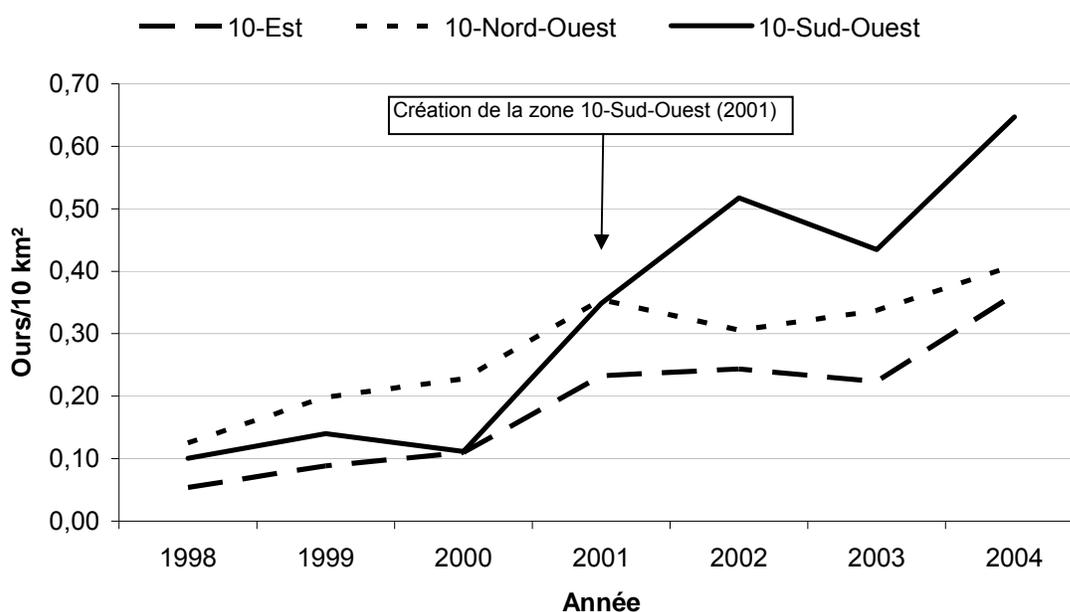


Figure 40. Intensité de la récolte d'ours noirs par la chasse et le piégeage dans les trois secteurs de la zone 10, entre 1998 et 2004. Les valeurs calculées pour le secteur 10-Est incluent la superficie de la réserve faunique Papineau-Labelle (1628 km²), alors que celles du secteur 10-Sud-Ouest ne tiennent pas compte de la superficie du Parc de la Gatineau (361 km²) (Goudreault et Toussaint 2005).

7.2.2 Comparaison des estimés d'abondance entre les blocs d'étude

En comparant les estimés d'abondance entre les six blocs d'étude, il semble évident que le nombre d'ours retrouvés en milieu forestier inoccupé (blocs A, B et E) est plus élevé qu'en milieu agroforestier (bloc C) ou forestier avec forte villégiature (blocs D et F), du moins au moment de l'inventaire. La faible quantité de captures de poils d'ours dans les blocs C, D et F supporte la même conclusion. Celle-ci n'est pas surprenante si l'on considère le fait que la forêt mature feuillue, caractéristique dominante des blocs situés en milieu forestier inoccupé, constitue l'ensemble végétal le plus productif du Québec, autant du point de vue de la diversité des espèces végétales présentes que de son dynamisme forestier (Jolicoeur *et al.* 2004). Elle représente, particulièrement au printemps et à l'automne, l'habitat offrant la plus grande biomasse de nourriture pour les ours (Jolicoeur *et al.* 2004). De plus, l'exploitation forestière présente à certains endroits dans ces blocs favorise la création de zones de succession primaire, un milieu reconnu comme étant bénéfique pour l'ours noir (Pelton 2003; Jones et Pelton 2003). Enfin, il ne faut pas oublier que les blocs A, B et E sont situés dans des secteurs où le niveau d'exploitation est faible, comparativement aux secteurs LadySmith et Cawood. Cela est en accord avec certaines observations effectuées en Ontario, qui révèlent que les densités d'ours les plus élevées se retrouvent dans les régions où la pression de chasse est peu ou pas présente (Obbard).

Toutefois, les très faibles estimés d'abondance dans les secteurs LadySmith et Cawood ont de quoi surprendre. En effet, les attentes pour ces secteurs étaient beaucoup plus élevées étant donné les nombreux cas de mortalités enregistrés annuellement (figures 20 et 24) et l'ampleur du phénomène des ours importuns signalée dans ces secteurs au cours des dernières années (figure 1). L'ours noir est d'ailleurs reconnu comme étant l'espèce d'ours (parmi les huit) qui s'adapte le mieux à la présence humaine (Pelton 2003). Dans la zone 10, il était même question d'une « importante sous-population agroforestière et périurbaine, plus familiarisée aux humains et bien adaptée à l'importante source de nourriture d'origine anthropique [...], présentant vraisemblablement une meilleure productivité et un meilleur taux de survie des sous-adultes » (Goudreault et Toussaint 2005). Selon les indices disponibles, il était admis que l'augmentation de cette population était bien réelle et ne résultait pas simplement d'une visibilité accrue des ours importuns. Les résultats du présent inventaire ne tendent pas à supporter ces conclusions. La question est en fait fort intéressante et mérite de s'y attarder.

Bien qu'il soit universellement admis que la nourriture d'origine anthropique représente un élément attractif pour l'ours, il ne faut toutefois pas oublier un facteur très important et caractéristique de ces secteurs : l'être humain. De par son comportement (modification de l'habitat, circulation routière, antipathie envers les ours, etc), l'humain peut influencer grandement la dynamique, voire le maintien d'une population d'ours à l'intérieur d'un secteur. À titre d'exemple, il a déjà été suggéré que le maintien de l'ours grizzly, dans le sud-est de la Colombie-Britannique, était étroitement lié à trois facteurs : la qualité de l'habitat (nourriture, refuge), le nombre d'humains à l'intérieur de l'habitat et le comportement de ces humains (Apps *et al.* 2004). Dans le cas présent, il est permis de penser que le comportement des humains, lié au fait que la forêt est plutôt clairsemée à l'intérieur du milieu agricole (LadySmith), influence grandement les déplacements des ours (et ultimement la survie) dans les secteurs LadySmith, Cawood et Namur, du moins d'une manière plus importante qu'on pourrait le croire. Tel que mentionné précédemment (section 7.1.1), la taille d'échantillons très faible et la courte durée de l'inventaire ne permettaient pas d'évaluer adéquatement cette question. La proportion élevée d'individus capturés une seule fois dans ces secteurs est néanmoins intrigante (tableau 32), particulièrement dans le cas du secteur LadySmith où la forêt enclavée aurait normalement dû favoriser un taux de recapture élevé. L'absence quasi complète d'individus dans le secteur Namur, malgré un habitat global de haute qualité (près du tiers des stations étaient situées dans une forêt mature feuillue), est également difficile à expliquer. Il pourrait être pertinent de se pencher éventuellement sur cette question car elle pourrait fournir des informations très utiles concernant le phénomène des ours importuns.

Alternativement, la faible abondance d'ours dans les secteurs C, D et F peut être le résultat d'un inventaire trop hâtif combiné à une forte disponibilité de nourriture dans la grande forêt environnante à l'été 2005, ce qui aurait retardé la venue massive d'individus dans les blocs d'étude. L'abondance aurait été potentiellement plus élevée à la fin de l'été et à l'automne, période durant laquelle les individus (surtout les femelles) entreprennent des excursions afin d'accroître leurs réserves adipeuses (Pelton 2003). Les cas de mortalités notés dans certains secteurs des grilles, pourtant dépourvus de capture lors de l'inventaire, supportent cette hypothèse alternative (figures 20 et 24). Enfin, il n'est pas exclu que les ours potentiellement rattachés à des sources de nourriture anthropique bien spécifiques soient moins enclins à se déplacer dans ce type de milieu.

7.2.3 Comparaison des estimés de densité avec ceux du plan de gestion (2006-2012)

Il est intéressant de comparer, lorsque possible, les estimés de densité obtenus avec le programme DENSITY 3.3 (Efford *et al.* 2004) avec ceux présentés dans le plan de gestion de l'ours noir 2006-2012 de la zone 10 (Goudreault et Toussaint 2005). Il est d'abord important de souligner que les estimés de densité fournis par ce programme diffèrent considérablement de ceux obtenus lorsque l'estimé d'abondance est appliqué à une superficie de 500 km². Bien que ces deux types d'estimés dépendent des mêmes modèles CMR d'abondance (biais équivalent), la principale raison de cette différence réside dans la méthode d'estimation : le programme DENSITY 3.3 fait intervenir la taille effective de la grille et non pas sa taille physique (500 km²). Ce concept de taille effective est abordé de nouveau dans la section 7.3.3. En présence d'un effet de bordure et d'une densité d'individus vraisemblablement variable à l'intérieur même d'une grille (White *et al.* 1982), nous croyons que la méthode d'estimation du programme DENSITY 3.3 (Efford *et al.* 2004) est potentiellement plus robuste que la seconde. Pour cette raison, elle est privilégiée dans la présente section à des fins de comparaison, malgré le fait qu'elle n'a pu être utilisée que pour la moitié des blocs d'étude (ZEC Pontiac, Bois-Francs et Papineau-Labelle). Nous tenons cependant à préciser qu'elle demeure un outil d'analyse qui mériterait d'être exploré davantage dans les futurs inventaires afin de mieux connaître ses capacités et ses limites.

7.2.3.1 ZEC Pontiac

La densité d'ours obtenue dans le secteur ZEC Pontiac (1,25 ours / 10 km²) est en accord avec celle estimée à 0,10-0,12 ours / km² lors d'une étude antérieure (Jolicoeur 2004). Il s'agit vraisemblablement de l'estimé le plus fiable du présent inventaire, non pas parce qu'il rejoint celui présenté par Jolicoeur (2004), mais bien parce que le secteur Pontiac semble être celui dont la prémisses de fermeture était la moins violée (tableau 33). L'habitat de ce secteur a déjà été qualifié comme étant un peu moins riche que celui de Papineau-Labelle, mais constitue tout de même un très bon habitat pour l'ours noir (Jolicoeur 2004). Il est cependant surprenant que l'estimé de densité ne soit pas plus élevé dans un tel habitat, si l'on considère que la densité moyenne de la zone 10, estimée par simulation d'un modèle, est de 2,5 ours / 10 km² (Goudreault et Toussaint 2005). Un biais de capture, discuté en détails dans la section 7.3.2, peut en partie expliquer ce résultat mais il est très difficile d'évaluer si les deux densités auraient été similaires en l'absence

d'un tel biais. En se basant sur une récolte annuelle moyenne de 0,26 ours / 10 km² dans les ZEC (Goudreault et Toussaint 2005) et une densité estimée à 1,25 ours / 10 km² (DENSITY 3.3, Efford *et al.* 2004), le taux actuel d'exploitation de l'ours noir dans les territoires des zecs (20,8%) est élevé comparativement au taux d'exploitation rationnel des populations d'ours suggéré pour le bloc sud du Québec (10-12%, Faune et Parcs 1999). Par conséquent, la prudence est de mise et contrairement à ce qui a été proposé (Goudreault et Toussaint 2005), nous ne recommandons pas de libéraliser davantage les modalités d'exploitation de ce secteur tant et aussi longtemps qu'un estimé d'abondance plus fiable ait été obtenu dans un futur inventaire.

7.2.3.2 Bois-Francs

Contrairement à nos attentes, l'estimé de la densité d'ours dans le secteur Bois-Francs était le plus élevé parmi les six blocs d'étude (2,15 ours / 10 km², tableau 33). Ce résultat était difficilement prévisible puisque plusieurs pourvoyeurs opèrent dans la partie accessible de ce secteur, ce qui diminue forcément l'abondance d'ours. De plus, il avait été suggéré que les ours de ce secteur n'ont probablement pas une productivité aussi forte que ceux fréquentant les zones agricoles et périurbaines, n'ayant pas accès à de riches sources de nourriture d'origine anthropique (Goudreault et Toussaint 2005). L'estimé de densité élevé ne supporte pas cette hypothèse et remet une fois de plus en doute l'importance relative des divers facteurs impliqués dans ce qui semble être un compromis « qualité de l'habitat / présence de l'être humain » (section 7.2.2). Quoiqu'il en soit, il est important de se rappeler que la fermeture démographique du bloc d'étude était vraisemblablement fortement violée, rendant difficile la pleine interprétation de cet estimé. En se basant sur une récolte annuelle moyenne de 0,87 ours / 10 km² dans les PADE (Goudreault et Toussaint 2005) et une densité estimée à 2,15 ours / 10 km² (DENSITY 3.3, Efford *et al.* 2004), le taux actuel d'exploitation de l'ours noir dans les territoires avec pourvoiries (40,5%) est très élevé comparativement au taux d'exploitation rationnel des populations d'ours suggéré pour le bloc sud du Québec (10-12%, Faune et Parcs 1999). Par conséquent, la prudence est de mise et il n'est pas justifié de libéraliser davantage les modalités d'exploitation de ce secteur, tant et aussi longtemps qu'un estimé d'abondance plus fiable ait été obtenu dans un futur inventaire. Cette recommandation rejoint les propos de Goudreault et Toussaint (2005).

7.2.3.3 Réserve faunique Papineau-Labelle

La faible densité d'ours estimée dans la réserve faunique Papineau-Labelle (1,02 ours / 10 km²) contraste fortement avec celle évaluée à 5,5 ours / 10 km² au milieu des années 1980 à l'aide de la méthode des traceurs radioactifs (Jolicoeur 2004). Il est important de préciser que cette dernière densité agit actuellement à titre de densité de référence dans la réserve (Goudreault et Toussaint 2005). Ce contraste est d'autant plus surprenant que le territoire de Papineau-Labelle avait déjà été qualifié de « représentatif du meilleur habitat à ours au Québec » (Jolicoeur 2004) et que la récolte annuelle moyenne y est très faible (0,17 ours / 10 km², Goudreault et Toussaint 2005). Le faible estimé de densité obtenu suggère donc une taille de population dans la réserve nettement inférieure à celle attendue initialement. Il faut tout de même rester prudent face à cet estimé. Outre le biais négatif de capture qui sera abordé en détails dans la section 7.3.2, il est possible que la grille choisie n'était pas entièrement représentative de la densité d'ours réellement présente dans la réserve, tel que suggéré par une répartition inégale des captures à l'intérieur de la grille (figure 28). Cette répartition inégale suggère des zones de forte densité d'ours et d'autres zones beaucoup moins propices à sa présence. De plus, l'environnement dans lequel la majorité des stations (23/28) étaient localisées n'était pas de type forestier feuillu, ce qui a pu diminuer potentiellement le succès de capture des individus. Les secteurs Pontiac (11/28) et Bois-Francs (15/28) étaient quant à eux situés le plus souvent dans ce type d'environnement. Enfin, une observation relevée lors du découpage des poils amène à penser que ce secteur est potentiellement riche en jeunes ours; une proportion élevée d'échantillons provenant de ce secteur semblait contenir, selon nous, des poils appartenant à de jeunes individus. Plusieurs études réalisées chez les ours (ex. Boulanger *et al.* 2004a) soulignent la probabilité de capture réduite des oursons lorsqu'un montage expérimental similaire au nôtre est employé. Il est évidemment impossible de valider notre observation étant donné l'utilisation d'une méthode non invasive.

Malgré tous les facteurs ayant pu contribuer à sous-estimer la taille de cette population, nous pensons qu'il serait très étonnant que la densité d'ours présente à l'intérieur de la réserve faunique Papineau-Labelle se situe près de 5,5 ours / 10 km². En se basant sur une récolte annuelle moyenne de 0,17 ours / 10 km² dans la réserve (Goudreault et Toussaint 2005) et une densité estimée à 1,02 ours / 10 km² (DENSITY 3.3, Efford *et al.* 2004), le taux actuel d'exploitation de l'ours noir dans la réserve (16,7%) est légèrement supérieur au taux d'exploitation rationnel des populations d'ours

suggéré pour le bloc sud du Québec (10-12%, Faune et Parcs 1999). Par conséquent, nous recommandons vivement de ne pas augmenter le niveau actuel de prélèvement (envisagé selon Goudreault et Toussaint 2005) tant et aussi longtemps qu'un estimé d'abondance plus fiable ait été obtenu dans un futur inventaire.

7.2.4 Extrapolation des estimés d'abondance (densité) à la zone 10

L'abondance totale de la zone 10 obtenue par extrapolation (2077 ours) diffère considérablement des estimés de 4396 ours (2003) et 4780 ours (2004) obtenus à l'aide d'un modèle de simulation dans le logiciel Riskman 1.9 (Goudreault et Toussaint 2005). En fait, elle ne représente même pas 50% de l'un ou l'autre de ces deux estimés. Bien que la valeur obtenue dans la présente étude soit vraisemblablement biaisée négativement (section 7.3), il est tout de même intéressant de porter un regard critique sur la méthode d'extrapolation utilisée pour obtenir cette valeur.

Certains auteurs mettent en garde contre le fait d'extrapoler des estimés d'abondance (densité) évalués sur certaines zones échantillonnées à une région de plus grande superficie. D'abord, les critères de définition des strates demeurent subjectifs et ce, même si les strates ont été établies par des experts d'après le potentiel d'un habitat à contenir des ours en termes de végétation, climat et autres éléments physiographiques (Apps *et al.* 2004). Les critères retenus ne représentent en fait qu'un échantillon des différents facteurs affectant la biologie et la distribution de l'ours. Plusieurs de ces facteurs demeurent inconnus à l'heure actuelle par l'être humain et/ou difficilement quantifiables à des fins de stratification. Deuxièmement, Jolicoeur (2004) mentionnait trois éléments importants à vérifier avant de procéder à une extrapolation des estimés de densité : 1) se préparer méticuleusement à partir de cartes thématiques récentes; 2) sélectionner quelques territoires pouvant servir d'aires d'étude à l'intérieur d'une même strate; et 3) effectuer des reconnaissances sur le terrain au cours de l'année précédant l'inventaire, afin de s'assurer qu'ils soient bien conformes aux attentes. Elle soulignait l'importance également de répéter la même étude sur une période de quelques années afin de réduire les aléas associés à la méthode d'extrapolation.

Basés sur les résultats du présent inventaire, nous aimerions ajouter à cette liste le fait qu'il existait une grande variabilité dans la répartition spatiale des individus à l'intérieur de quatre des six blocs échantillonnés, suggérant ainsi des densités d'ours variables à l'intérieur même d'une grille. Par conséquent, il devient très risqué de vouloir obtenir un estimé global de densité pour chacune des grilles, car le biais est probablement très important. Extrapoler cet estimé à une plus grande échelle spatiale confère un biais encore plus important, sans oublier sa précision qui ne peut être évaluée. Également, il est très difficile d'évaluer avec précision la taille réelle (ou effective) de la zone échantillonnée. Dans le cas présent, la taille physique des parcelles était de 500 km², mais il est très probable que l'estimé d'abondance s'applique à une taille effective fort différente. C'est pour cette raison que nous avons utilisé le programme DENSITY 3.3 (Efford *et al.* 2004). Enfin, cette approche d'extrapolation par stratification devient limitante dès que l'une des grilles échantillonnées ne peut fournir un estimé de densité adéquat (cas de la présente étude).

7.3 Sources de biais des estimés d'abondance: causes, conséquences et solutions

Cette section traite des principales causes, conséquences et solutions des différentes sources de biais pouvant affecter les estimés d'abondance (densité) des blocs d'étude. Elle requiert l'introduction d'un grand nombre de notions théoriques, que nous avons tenté de résumer autant que possible en des termes simples et précis. Le but premier de cette section est de présenter les aspects les plus importants à tenir compte lors de la planification d'un plan d'échantillonnage, en lien avec les forces et les faiblesses de l'inventaire 2005. Le but ultime est de fournir les outils nécessaires à l'élaboration d'un plan d'échantillonnage adéquat pour les futurs inventaires de l'ours noir au Québec.

7.3.1 Sélection de modèle

On distingue généralement deux grandes classes de modèles CMR traditionnels pour populations fermées, sur la base du nombre de paramètres à estimer : les modèles simples (M_o , M_t , M_b et M_h) et les modèles complexes (M_{tb} , M_{th} , M_{bh} et M_{tbh}). Les trois indices pouvant être affectés à un modèle représentent les trois paramètres susceptibles d'affecter la probabilité de capture : le temps (t), la réponse comportementale suite à la première capture (b) et l'hétérogénéité (h). Le modèle incorporant ces trois paramètres, M_{tbh} , est dit le modèle le plus général car la probabilité de

capture peut être modélisée suivant ces trois facteurs. Dans tout modèle, il existe un compromis entre l'exactitude et la précision de l'estimé obtenu (\hat{N}). Ainsi, les modèles simples confèrent généralement un estimé moins exact mais plus précis, alors que les modèles complexes engendrent un estimé plus exact mais moins précis (Otis *et al.* 1978). Ce compromis s'explique par le fait que plus la variation de la probabilité de capture retrouvée dans un jeu de données est incorporée à l'intérieur d'un nombre croissant de paramètres, plus l'estimé gagne en exactitude (i.e. s'approche de la réalité) mais il perd en revanche en précision étant donné l'incertitude affectant chacun des paramètres nouvellement admis dans le modèle. Il est important de noter que l'exactitude et la précision de l'estimé d'abondance sont étroitement liées à celles des paramètres du modèle : lorsque l'un (ou plusieurs) de ces paramètres ne peut être évalué adéquatement, l'estimé d'abondance s'en trouve nécessairement affecté. Ce dernier scénario est le plus souvent causé par une faible taille d'échantillons et/ou des taux de capture/recapture insuffisants.

Le processus de sélection de modèle développé dans le programme MARK (White et Burnham 1999) tient compte du compromis exactitude/précision de l'estimé d'abondance (\hat{N}). Brièvement, les valeurs de l'AIC_c (Akaike Information Criterion, Burnham et Anderson 2002) de chacun des modèles traduisent ce compromis : $AIC_c = -(\text{vraisemblance du modèle}) + (\text{pénalité due au nombre de paramètres dans le modèle, } K)$. Le modèle dont la valeur de l'AIC_c est la plus petite représente donc le modèle le plus parcimonieux, c'est-à-dire le modèle optimisant le compromis exactitude/précision. Avec un nombre croissant de paramètres dans le modèle, on peut donc s'attendre généralement à une vraisemblance plus élevée mais également à une pénalité accrue. Cependant, ce n'est pas toujours le cas. Lorsque deux modèles confèrent la même vraisemblance mais diffèrent par le nombre de paramètres, on dit alors que le modèle contenant le moins de paramètres est mieux supporté par les données car sa précision est meilleure. Cela permet d'en apprendre également davantage sur la pertinence des trois facteurs influençant la probabilité de capture. Par exemple, si les modèles M_{th} et M_h confèrent une vraisemblance similaire, cela implique que le facteur temporel n'a pas joué un rôle important dans la variation de la probabilité de capture. La valeur de l'AIC_c du modèle M_h est alors plus petite car sa précision est meilleure (moins de paramètres à estimer). La pertinence de chacun des trois facteurs (t, b et h) peut donc être évaluée en comparant les huit modèles entre eux. La figure 41 présente les liens entre les modèles CMR.

L'efficacité de cette procédure de sélection de modèle est maximisée lorsque les huit modèles CMR sont évalués adéquatement dans le programme MARK. Il s'agit d'un élément fort important, lequel a fait défaut dans le présent inventaire. En considérant les six blocs d'étude, le maximum de modèles ayant pu être évalués adéquatement est seulement de cinq; les modèles plus complexes (M_{tb} , M_{th} , M_{bh} , M_{tbb} et même souvent M_h) ont été exclus de l'analyse étant donné le nombre élevé de paramètres dont l'estimé ne faisait aucun sens (valeur très près de zéro et/ou écart-type exagérément élevé). Par conséquent, l'estimé d'abondance (\hat{N}) issu de ces modèles n'était aucunement fiable et ne pouvait être employé dans le calcul de la moyenne pondérée de l'abondance (« model averaging »). Le principal facteur responsable de l'exclusion des modèles complexes se résume essentiellement au manque d'échantillons récoltés dans chacun des six blocs d'étude (Boulanger et McLellan 2001). La quantité d'informations disponibles au programme MARK pour estimer adéquatement chacun des paramètres est alors très faible, de sorte que seuls les modèles aux paramètres les plus souvent constants (M_o , M_t , M_b et M_h) peuvent être évalués correctement. Dit autrement, le fait d'ajouter un nombre croissant de paramètres dans les modèles n'a pas augmenté leur vraisemblance étant donné l'incapacité d'estimer bon nombre des paramètres. C'est pourquoi les seuls modèles retenus dans le calcul de la moyenne pondérée de l'abondance sont les plus simples. À titre informatif, le nombre de paramètres estimables dans un modèle CMR est approximativement égal au dixième du nombre d'individus uniques (M) identifiés dans la grille d'échantillonnage (Boulanger et McLellan 2001).

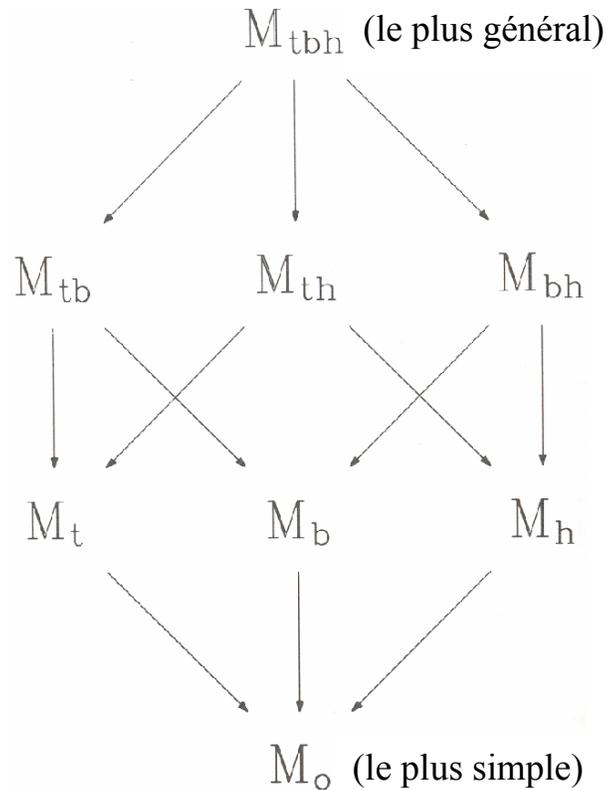


Figure 41. Liens existant entre les huit modèles CMR traditionnels pour populations fermées. La complexité des modèles diminue du haut vers le bas de la figure, pour finalement atteindre le modèle le plus simple (M_o) (White *et al.* 1982).

7.3.2 Hétérogénéité de la probabilité de capture

L'incapacité d'évaluer adéquatement les modèles plus complexes et leur exclusion subséquente entraînent des conséquences néfastes dans le processus d'estimation de l'abondance. En effet, il a déjà été noté qu'en présence d'hétérogénéité dans les probabilités de capture, la plupart des estimateurs des modèles simples (M_o , M_t et M_b) fournissent des estimés dont l'exactitude et la précision sont biaisées négativement. Non seulement l'estimé d'abondance est-il peu représentatif de la taille réelle de la population (i.e. sous-estimation de N), mais en plus sa précision en apparence élevée peut laisser croire faussement à un estimé fiable. Cette observation a été faite à plusieurs reprises dans la littérature scientifique (White *et al.* 1982, Boulanger *et al.* 2002, 2004a, 2004b). Dans une telle situation, la prudence est de mise dans l'interprétation des estimés d'abondance, d'autant plus si ces estimés doivent être employés à des fins de gestion (Boulanger *et*

al. 2004b). À la lumière des six estimés d'abondance du présent inventaire, nous sommes persuadés que ce type de biais a affecté négativement les résultats obtenus. Sa réelle ampleur demeure toutefois très difficile à évaluer car son mode d'influence (sous-estimation) vient à l'encontre de celui causé par une violation de la prémisse de fermeture géographique (surestimation, section 7.3.3). Les prochains paragraphes traitent des différentes sources potentielles d'hétérogénéité dans les probabilités de capture du présent inventaire.

Plusieurs indices laissent croire que l'hétérogénéité (probabilité de capture différentielle entre les individus) était présente sous plusieurs formes dans l'inventaire. Tel que noté par Boulanger *et al.* (2004b), il est permis de penser que la probabilité de capture des ours était influencée par le sexe, l'âge et la taille du domaine vital des individus. Concernant ce dernier élément, l'analyse des parcelles avec cinq stations révélait la capture de femelles différentes à des stations adjacentes au cours d'une même session d'échantillonnage (section 5.11). Il avait alors été suggéré qu'un nombre potentiellement élevé de femelles n'avaient théoriquement aucune chance d'être capturées au cours de l'inventaire, étant donné le comportement de sédentarité qui semblait s'appliquer à la majorité d'entre elles. Il s'agit donc d'une autre forme d'hétérogénéité qui, selon nous, a contribué de façon majeure à accroître les différences de probabilité de capture entre les individus. Pour cette raison, il est intéressant de se pencher sur cette question.

Un estimé de $45 \pm 6,1 \text{ km}^2$ avait été suggéré comme représentatif de la taille du domaine vital moyen des femelles adultes en Outaouais, obtenu à l'aide de la méthode du polygone convexe minimum (Jolicoeur *et al.* 2004). Cette valeur a été utilisée dans le présent inventaire afin de déterminer la taille optimale des parcelles (25 km^2), dont le but était de maximiser la probabilité de capture des individus. Il est cependant important de noter que cet estimé avait été déterminé à partir de seulement 31 femelles adultes (secteurs La Vérendrye et Pontiac) et que les données spatiales ont été récoltées sur une période variant de 14 à 16 mois consécutifs. Les auteurs avaient également évoqué la possibilité d'une surestimation causée par un nombre moyen assez faible de repérages télémétriques. Il s'agit donc d'une superficie annuelle du domaine vital, potentiellement surestimée. Puisque la taille du domaine vital d'une femelle fluctue de manière importante dans le temps (plus élevée à l'automne), il est probable que la superficie réellement exploitée par les femelles au moment de l'inventaire était nettement inférieure à 45 km^2 . Plusieurs éléments appuient cette affirmation. D'abord, les données de déplacement (section 5.9) et l'analyse des parcelles avec cinq

stations (section 5.11) suggèrent l'existence d'un domaine vital très restreint chez la majorité des femelles au moment de l'inventaire. Cette sédentarité a potentiellement été accrue par les températures élevées et le peu de précipitations enregistrées au cours de la durée complète de l'inventaire. Les ours sont moins actifs lorsque les températures se situent au-dessus de 25°C (Pelton 2003). Il a déjà été noté également que les déplacements des femelles accompagnées d'ours sont généralement limités (Boulanger *et al.* 2004b). De plus, le phénomène des ours importuns ayant été peu problématique en 2005 (Donald Jean, comm. pers.), il est permis de penser que la nourriture était abondante en milieu forestier. En général, plus la nourriture est abondante et plus le domaine vital des individus est de petite taille (Schoener 1983). Les densités d'ours supposément élevées de certains blocs d'étude ($\geq 2,5$ ours / 10 km², Goudreault et Toussaint 2005) peuvent également favoriser un domaine vital de petite taille (Pelton 2003). Enfin, une étude menée en Ontario révélait que la taille du domaine vital moyen annuel de 33 femelles adultes était de $14,3 \pm 4,2$ km² (Schenk *et al.* 1998). Cette valeur semble se rapprocher davantage de celle prévalant au moment de l'inventaire. Tous ces éléments regroupés suggèrent donc que la superficie réellement exploitée par les femelles de l'Outaouais au cours du projet était inférieure à 45 km².

La conséquence première de cette forme particulière d'hétérogénéité est que plusieurs femelles à l'intérieur d'une même parcelle avaient probablement très peu de chance d'être capturées au cours des quatre semaines d'échantillonnage, contrairement à la femelle dont le domaine vital chevauchait la station (figure 42). Ce biais serait vraisemblablement plus important dans les secteurs de haute densité d'ours et a déjà été rapporté dans certaines études (Boulanger *et al.* 2002, Boulanger *et al.* 2004b). Une source importante d'hétérogénéité est alors créée et elle devient problématique puisque les modèles tenant compte de l'hétérogénéité n'ont pas pu être évalués adéquatement. L'impact engendré sur l'estimé d'abondance issu des modèles simples est considérable puisque la forme typique d'un estimateur d'abondance est la suivante (Lukacs et Burnham 2005) :

$$\hat{N} = \frac{M}{\hat{p}^*}$$

où \hat{N} est l'estimé d'abondance, M est le nombre total d'individus marqués et \hat{p}^* est l'estimé de la probabilité qu'un animal soit capturé au moins une fois. Le fait de capturer plusieurs

fois le même individu (i.e. la femelle dont la station était située dans le domaine vital) biaise positivement la valeur de \hat{D}^* , alors que l'impossibilité de marquer de nouveaux individus (i.e. les femelles n'ayant pas accès à la station) biaise négativement la valeur de M . Ces deux biais contribuent ainsi à sous-estimer doublement l'abondance. Afin d'éliminer cette source d'hétérogénéité, il est généralement recommandé de changer la localisation de la station à chaque session d'échantillonnage (White *et al.* 1982, Boulanger *et al.* 2002). Devant les contraintes logistiques posées par une telle action, nous croyons que ce problème peut être minimisé en augmentant l'intensité d'échantillonnage, par exemple en diminuant la taille des parcelles et/ou en augmentant le nombre de stations par parcelle.

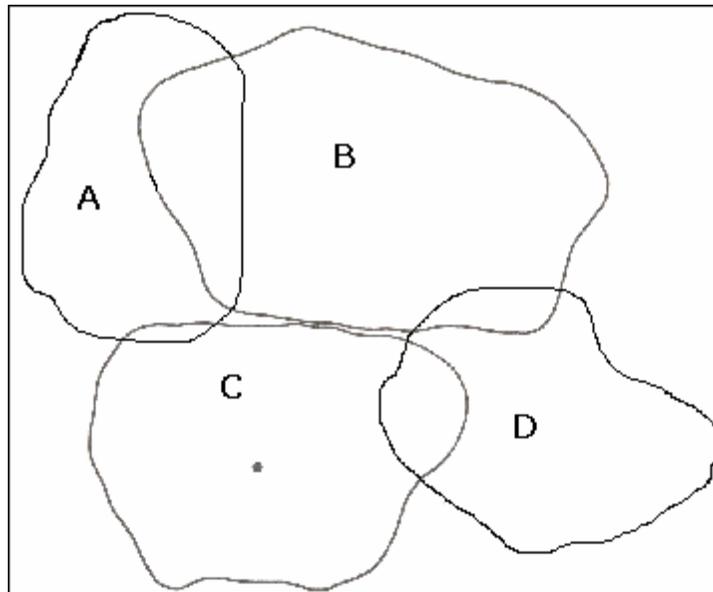


Figure 42. Représentation fictive d'une parcelle dans laquelle la taille du domaine vital de quatre femelles (A, B, C et D) est représentée. Le point situé dans le domaine vital de la femelle C représente l'unique station d'échantillonnage de la parcelle. Le domaine vital restreint des femelles A, B et D les empêche d'accéder à la station, de sorte que leur probabilité de capture est nulle. Une source d'hétérogénéité est alors directement introduite dans la probabilité de capture des individus.

Finalement, il est pertinent de noter que le phénomène des ours multiples créait à lui seul une certaine forme d'hétérogénéité : les ours ayant visité une station mais dont le génotype n'a pu être identifié étaient traités de la même façon qu'un ours n'ayant pas été capturé. Il est impossible

d'évaluer l'impact d'un tel phénomène sur l'estimé d'abondance. Enfin, il existe probablement d'autres facteurs d'hétérogénéité qui ne peuvent pas être identifiés précisément mais qui ont néanmoins eu un impact sur les estimés d'abondance (Boullanger *et al.* 2002).

En résumé, ces résultats démontrent qu'il était essentiel d'évaluer adéquatement les modèles avec hétérogénéité dans MARK, ce qui n'a pu être fait étant donné les raisons expliquées précédemment. Ces modèles auraient certainement fourni des estimés plus fiables en termes d'exactitude et également de précision. De la même façon, en absence d'outils efficaces de sélection d'un modèle dans le programme CAPTURE (White *et al.* 1982), il aurait été injustifié de tester un modèle d'hétérogénéité plutôt qu'un autre. Par curiosité toutefois, ces modèles ont été testés, dont le modèle M_h de Chao qui a été conçu dans le but de fournir un estimé robuste lorsque la probabilité de capture de plusieurs individus est quasi nulle (Chao 1989). Le gain en exactitude était très souvent négligeable et la précision des estimés était sévèrement réduite. De toute évidence, certains changements devront être apportés dans le plan d'échantillonnage des futurs inventaires, dans le but d'éviter à nouveau cette situation et de permettre l'évaluation adéquate des huit modèles CMR traditionnels.

7.3.3 Fermeture géographique

La fermeture géographique est la seconde composante de la fermeture d'un bloc d'étude. Elle est abordée dans cette section car son impact sur l'estimé d'abondance (\hat{N}) est nettement mieux défini que pour la fermeture démographique. Il est très important de mentionner que tous les tests de fermeture décrits précédemment ne visaient qu'à évaluer la fermeture démographique des blocs d'étude et ne considéraient aucunement la fermeture géographique. La fermeture géographique, bien que difficile à évaluer concrètement, est très importante puisqu'elle influence directement l'interprétation de l'estimé d'abondance. Pour cette raison, il a été jugé pertinent d'inclure certaines explications qui favoriseront une meilleure compréhension de cette prémisse CMR.

Souvent associée à l'expression « effet de bordure », la fermeture géographique fait référence à l'absence d'individus dont le domaine vital chevauche les limites de la grille

d'échantillonnage. À moins de délimiter parfaitement les frontières du bloc d'étude à l'aide d'obstacles physiques infranchissables, il est évident que l'effet de bordure est toujours présent et il est d'autant plus important lorsque le domaine vital des individus est vaste comparativement à la superficie de la grille. En absence de tels obstacles, l'unique façon de réduire l'effet de bordure consiste à minimiser le ratio « périmètre de la grille / superficie totale de la grille » (Boulanger *et al.* 2002). Cela se fait généralement en augmentant la superficie de la grille; le nombre d'individus dont le domaine vital est entièrement contenu à l'intérieur de la grille augmente alors plus rapidement que le nombre d'individus dont le domaine vital chevauche les limites de la grille. Les figures 43 et 44 illustrent ces propos. Nous verrons plus loin dans ce rapport (section 7.4) pourquoi il n'est pas recommandé d'augmenter la superficie de la grille à une valeur exagérément élevée.

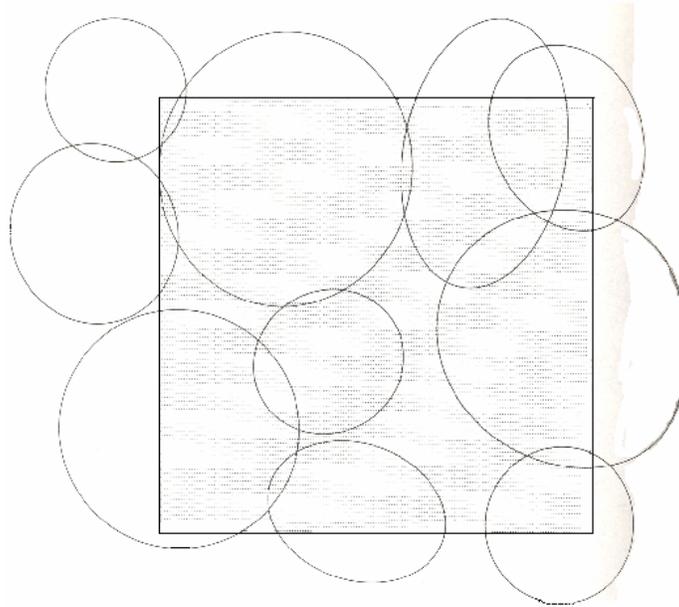


Figure 43. Schéma illustrant un effet de bordure important. Presque tous les individus possèdent une partie de leur domaine vital (ellipse) à l'extérieur de la grille; la taille dite effective de la grille est beaucoup plus grande que sa taille physique (carré). L'abondance (densité) des individus est alors surestimée (White *et al.* 1982).

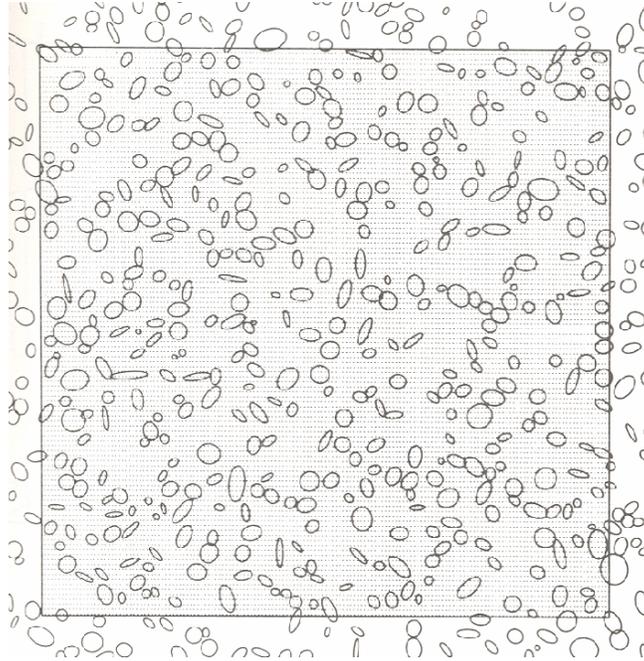


Figure 44. Schéma illustrant un effet de bordure réduit, causé par une superficie de la grille nettement supérieure à celle du domaine vital des individus. La taille effective de la grille est similaire à sa taille physique. L'abondance estimée est alors fiable (White *et al.* 1982).

La principale raison justifiant l'intérêt de considérer l'effet de bordure est qu'il est susceptible, si trop important, de biaiser considérablement l'estimé d'abondance obtenu (\hat{N}). Dans une étude de type CMR, le but premier est d'estimer le nombre d'individus réellement retrouvés à l'intérieur des limites d'une grille d'échantillonnage. Or, lorsque le nombre d'individus partageant un domaine vital de part et d'autre de ces limites est élevé par rapport au nombre d'individus dont le domaine vital est exclusivement situé à l'intérieur de la grille (figure 43), l'estimé d'abondance perd tout son sens car la superficie à laquelle cet estimé s'applique devient non définie (Boullanger *et al.* 2004a). Comme le but ultime est souvent le calcul d'une densité à partir de cet estimé d'abondance, cela s'avère évidemment problématique car l'estimé d'abondance obtenu est alors celui de la superpopulation (symbolisée N^* selon White 1996), c'est-à-dire la population d'ours retrouvée à l'intérieur de la grille d'échantillonnage et dans la région environnante (Kendall 1999). Cela s'explique par le fait que les individus dont le domaine vital chevauche les limites de la grille ont une probabilité de capture moins élevée que les individus contenus dans la grille, étant donné qu'ils n'ont aucune chance d'être capturés lorsque situés en dehors de celle-ci. Ce sont donc ces

individus qui ont la plus forte probabilité d'être capturés à une seule reprise lors d'un inventaire. Leur impact est considérable sur l'estimé d'abondance puisque la forme typique d'un estimateur d'abondance est $\hat{N} = \text{nombre d'individus marqués (M)} / \text{probabilité de capturer au moins une fois un individu } (\hat{p}^*)$ (Lukacs et Burnham 2005). Ainsi, non seulement ces individus en périphérie de la grille contribuent-ils à accroître la valeur du paramètre M, mais de par leur nombre de captures souvent faible, ils réduisent également la valeur du paramètre \hat{p}^* (Boulanger et McLellan 2001). Leur effet est donc double et contribue dans les deux cas à surestimer l'abondance réelle, d'où le terme « superpopulation ». Certaines études effectuées chez l'ours grizzly ont démontré que l'estimé de superpopulation (N^*) pouvait être de 12 à 36% supérieur à celui de la population contenue à l'intérieur de la grille (Boulanger et McLellan 2001, Boulanger *et al.* 2004a). Il est donc essentiel d'établir un protocole expérimental visant à minimiser l'effet de bordure.

Actuellement, aucun outil mathématique n'existe pour évaluer précisément l'effet de bordure. Dans la présente étude, il a été jugé approprié de comparer le ratio « superficie totale de la grille d'échantillonnage / domaine vital moyen des femelles » avec celui d'autres études sur l'ours grizzly (Boulanger *et al.* 2002) pour lesquelles le degré de fermeture géographique a été évalué à l'aide du modèle de Pradel (Pradel 1996). Brièvement, le modèle de Pradel favorise l'estimation de deux paramètres, à savoir le taux de fidélité à la grille (F) et le taux de recrutement dans la grille (f), qui permettent d'inférer sur le degré de fermeture géographique des blocs d'étude sous une prémisses de fermeture démographique. Ce test doit toutefois être considéré comme une approximation du degré de fermeture géographique (Boulanger *et al.* 2002). Seul le taux de fidélité (F) est considéré dans le présent rapport car le taux de recrutement (f) s'est avéré peu variable en fonction de la taille de la grille. La figure 45 présente graphiquement les estimés du taux de fidélité pour chacune des études considérées. Le ratio spécifique à chaque étude en lien avec le taux de fidélité est présenté dans le tableau 34. La superficie du domaine vital moyen des femelles adultes en Outaouais au moment de l'inventaire a été approximée à 15 km². Elle tient compte de la valeur estimée par une étude menée en Ontario (14,3 km², Schenk *et al.* 1998) et représente la médiane de la taille de la zone fortement exploitée par les ourses (10 à 20 km²), tel que suggéré par M. Claude Samson (Courtois *et al.* 2004). À l'opposé, la taille du domaine vital moyen des ourses grizzly a été approximée à 64 km² (Boulanger *et al.* 2004b), soit une taille environ cinq fois supérieure à celle de l'ours noir (Proctor *et al.* 2004).

Suivant les résultats présentés dans le tableau 34, le taux de fidélité des ours à la grille (F) en Outaouais serait légèrement supérieur à 0,90. Deux projets menés en Colombie-Britannique présentaient un taux de fidélité inférieur. Ce taux suggère que le biais engendré par une violation de la fermeture géographique était probablement assez faible, mais qu'il serait éventuellement souhaitable d'accroître la superficie totale de la grille afin de réduire davantage ce biais. En effet, cette valeur (0,90) se situe dans une partie de la courbe où le taux de fidélité change rapidement (figure 45). Également, il ne faut pas oublier la possibilité d'un domaine vital $> 15 \text{ km}^2$ pour les ours situés dans les milieux avec présence humaine marquée, tel que suggéré dans la présente étude. Enfin, une augmentation de la superficie totale de la grille contribuerait à améliorer le degré de fermeture démographique. Nous croyons qu'un taux de fidélité (F) avoisinant 0,98 est adéquat et par conséquent, nous recommandons que les efforts dans les futurs inventaires soient déployés afin d'atteindre un ratio « superficie totale de la grille d'échantillonnage / domaine vital moyen des femelles » d'au moins 40.

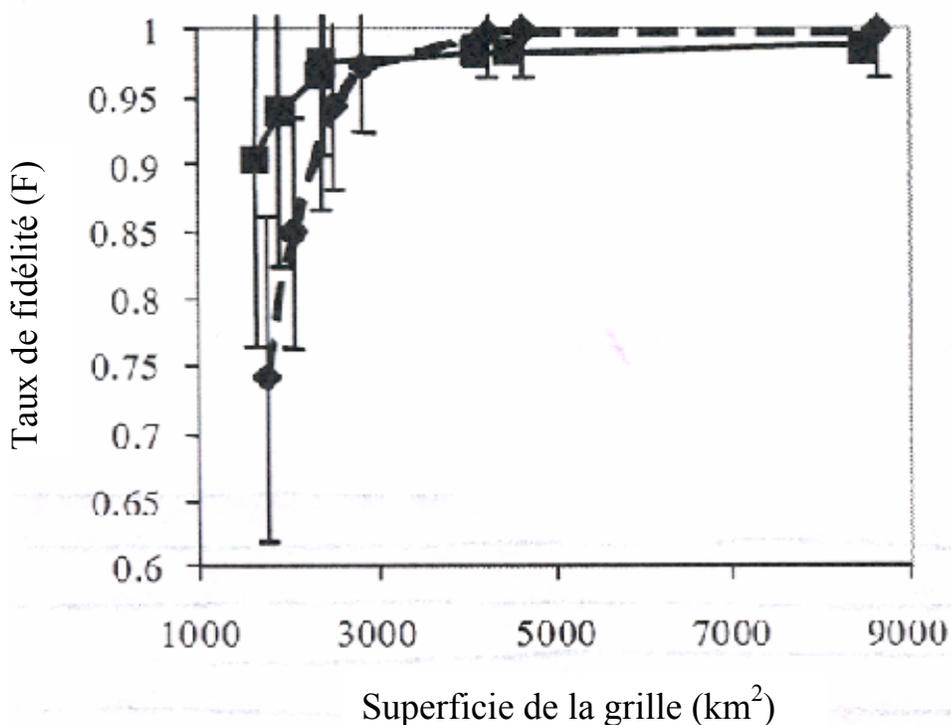


Figure 45. Estimés du taux de fidélité (F) des mâles (ligne pleine) et des femelles (ligne pointillée) chez l'ours grizzly (*U. arctos*) en fonction de la superficie de la grille d'échantillonnage. Les estimés ont été obtenus à partir du modèle de Pradel et les données proviennent d'études réalisées en Colombie-Britannique entre 1996 et 1998 (Boulanger *et al.* 2002).

Tableau 34. Ratio « superficie totale de la grille d'échantillonnage / domaine vital moyen des femelles », pour différentes études réalisées chez l'ours grizzly, en comparaison avec celui de l'inventaire de l'Outaouais 2005. Le taux de fidélité (F) est utilisé comme indicateur du degré de fermeture géographique des blocs d'étude. Ces données sont présentées dans Boulanger *et al.* (2002).

Projet	Espèce étudiée	Superficie de la grille (km ²)	Domaine vital des femelles (km ²)	Ratio	Taux de fidélité (F)
Jumbo	Ours grizzly	1650	64 ^a	25,8	0,82
U. Columbia	Ours grizzly	1900	64	29,7	0,89
U. Columbia	Ours grizzly	2350	64	36,7	0,95
Kingcome	Ours grizzly	2401	64	37,5	0,97
U. Columbia	Ours grizzly	4096	64	64,0	0,99
Grandy Kettle	Ours grizzly	4480	64	70,0	0,99
Prophet	Ours grizzly	8527	64	133,2	≈ 1,00
Outaouais 2005	Ours noir	500	15 ^b	33,3	?

^a Boulanger *et al.* (2004b).

^b Valeur approximée selon les indices disponibles.

7.4 Défi des études CMR : une histoire de compromis

Dans toute étude CMR, les responsables de l'élaboration d'un plan d'échantillonnage disposent généralement d'un nombre fixe de stations et ils doivent déterminer la façon dont ils répartiront spatialement ces stations (1 station / parcelle). Deux choix s'offrent alors à eux : les disposer à l'intérieur de parcelles de grandes dimensions afin de maximiser la superficie totale de la grille, ou les placer à l'intérieur de parcelles de dimensions moindres afin d'accroître l'effort (intensité) d'échantillonnage. Chacun de ces plans d'échantillonnage offre des avantages et des inconvénients, de sorte qu'un compromis est souvent nécessaire. Les facettes de ce compromis sont résumées dans la présente section et sont détaillées dans l'étude de Boulanger *et al* (2004a).

Les parcelles de grandes dimensions permettent effectivement d'accroître la superficie totale de la zone échantillonnée et par conséquent le nombre d'individus identifiés. L'avantage premier réside toutefois dans la réduction du degré de violation de la fermeture géographique (section 7.3.3), de sorte que le biais positif normalement engendré par cette violation diminue avec une augmentation de la taille des parcelles. Dit autrement, tous les autres facteurs étant égaux, l'estimé de superpopulation (N^*) se rapproche de plus en plus de l'abondance réelle des individus sur la grille (N). Cependant, il est souvent impossible de maintenir tous les autres facteurs égaux. Associée à cette augmentation de la taille des parcelles correspond nécessairement une diminution de l'intensité d'échantillonnage, c'est-à-dire que l'hétérogénéité de la probabilité de capture prend de l'importance avec une augmentation de la taille des parcelles. Cela est dû au fait que de moins en moins de femelles ont théoriquement accès aux stations. Cette forme d'hétérogénéité a été mise en évidence dans la présente étude (section 7.3.2).

Le danger relié à cet accroissement de la taille des parcelles est de franchir un seuil à partir duquel l'hétérogénéité de la probabilité de capture ne peut plus être détectée. Pour mettre en évidence cette hétérogénéité, il faut capturer suffisamment d'individus différents pendant un nombre de sessions suffisamment élevé, c'est-à-dire maximiser les probabilités de capture et de recapture des individus, d'où l'importance d'obtenir une taille d'échantillons élevée (n). Or, lorsque la taille des parcelles augmente, les probabilités de capture et de recapture des individus diminuent car il y a une réduction du taux de rencontre des stations par les individus. Il devient alors de plus en plus difficile de détecter l'hétérogénéité. Dit autrement, une réduction des probabilités de capture

et de recapture entraîne nécessairement une réduction du pouvoir de détection de l'hétérogénéité. Il s'agit là d'un élément essentiel à retenir dans l'élaboration d'un plan d'échantillonnage, ce qui a d'ailleurs fait dire à certains auteurs que le taux de recapture dans une population est aussi important que le nombre d'individus différents identifiés (Boulanger *et al.* 2002). En absence d'une incapacité à détecter l'hétérogénéité, il s'ensuit généralement une estimation erronée de la plupart des paramètres des modèles avec hétérogénéité (M_h , M_{th} , M_{bh} et M_{tbb}), de sorte que l'estimé d'abondance (\hat{N}) issu de ces modèles ne peut pas être utilisé avec fiabilité. Ces modèles doivent alors être exclus de l'analyse. C'est exactement ce qui s'est produit dans la présente étude.

Tel que mentionné dans le paragraphe précédent, il est donc très important de maximiser les probabilités de capture et de recapture des individus. La précision des estimés d'abondance (\hat{N}) s'en trouve d'autant plus améliorée (Garshelis 1998). La figure 46 illustre la relation entre la probabilité de capture d'un individu et le coefficient de variation (indice de précision) de l'estimé d'abondance dans sept études CMR réalisées chez l'ours grizzly (Boulanger *et al.* 2002). L'accroissement des probabilités de capture et de recapture est généralement atteint en augmentant l'intensité d'échantillonnage, par exemple en diminuant la taille des parcelles et/ou en augmentant le nombre de stations par parcelle. Lorsque la taille des parcelles est diminuée, la superficie totale de la grille d'échantillonnage est nécessairement réduite, augmentant ainsi le degré de violation de la fermeture géographique. L'estimé de superpopulation (N^*) se différencie alors de plus en plus de l'abondance réelle des individus sur la grille (N).

En résumé, il existe donc un compromis entre un échantillonnage intensif visant à minimiser l'hétérogénéité de la probabilité de capture et un échantillonnage permissif visant à éviter une violation importante de la prémisse de fermeture géographique (Boulanger *et al.* 2004a). Le meilleur plan d'échantillonnage est celui dans lequel le compromis est optimisé (figure 47).

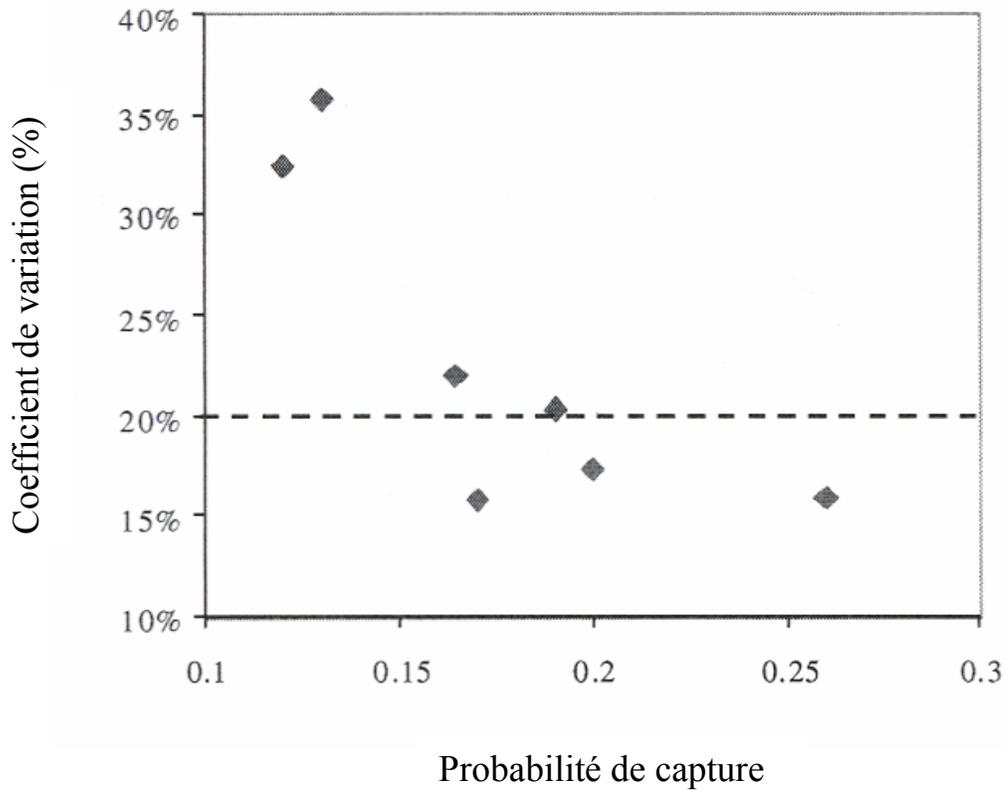


Figure 46. Relation entre la probabilité de capture d'un individu et le coefficient de variation de l'estimé d'abondance, dans sept études CMR réalisées chez l'ours grizzly en Colombie-Britannique entre 1996 et 1998. La ligne horizontale pointillée indique le niveau acceptable de précision requis à des fins de gestion (figure modifiée de Boulanger *et al.* 2002).

Intensité d'échantillonnage très élevée et prémisses de fermeture géographique fortement violées

Prémisse de fermeture géographique très peu violée et intensité d'échantillonnage très faible

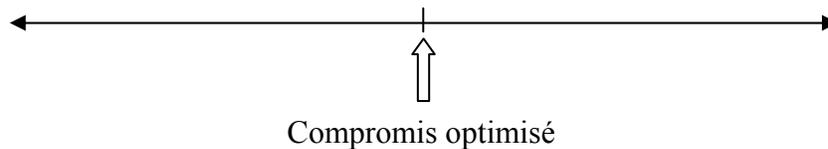


Figure 47. Illustration du compromis existant dans toute étude CMR. La flèche indique l'endroit où le compromis est optimisé.

8. IMPLICATIONS POUR LA GESTION DE L'OURS NOIR DE LA ZONE 10

Comme il est possible de le constater, l'impact global des différentes sources de biais sur les estimés d'abondance obtenus est très difficile à évaluer. D'une part, le biais négatif de l'hétérogénéité de la probabilité de capture s'oppose au biais positif engendré par une violation de la fermeture géographique des blocs d'étude. Déterminer l'endroit exact de la balance entre ces deux facteurs est impossible à évaluer précisément. Toutefois, les divers indices recueillis laissent croire que le biais négatif était plus important dans la présente étude que le biais positif, de sorte que les valeurs d'abondance ont été fort probablement sous-estimées. Leur précision en apparence élevée (coefficient de variation $< 20\%$) comporte un biais très important et ne justifie pas leur utilisation à des fins de gestion. Même en considérant ces différentes sources de biais, nous croyons que la densité d'ours moyenne s'appliquant à la zone 10 est vraisemblablement inférieure à la densité simulée de 2,5 ours / 10 km², obtenue à l'aide du logiciel Riskman 1.9 (Goudreault et Toussaint 2005). L'écart séparant la densité simulée des estimés de densité obtenus est plutôt grand et nous pensons qu'il serait surprenant qu'il puisse être entièrement attribuable aux sources de biais décrites précédemment. De plus, le fait qu'un pourcentage élevé de stations (38,7%) n'aient pas reçu la visite d'un ours au cours de la durée complète de l'inventaire est peut-être indicateur d'une abondance moindre que celle présumée à l'heure actuelle. Ce sont ces éléments qui nous font croire que la densité d'ours, en 2005 du moins, était inférieure à 2,5 ours / 10 km² à l'intérieur de la zone 10. Il ne faut pas oublier que cette densité est issue d'un modèle de simulation. Bien que très utiles, les modèles de simulation demeurent des outils imparfaits dont les projections sont affectées d'une marge d'erreur potentiellement très importante (Goudreault et Toussaint 2005).

Par conséquent, nous recommandons la prudence dans les modalités de gestion appliquées à l'ours noir de la zone 10, tant et aussi longtemps que des estimés fiables n'auront pas été obtenus lors de futurs inventaires. Le taux d'exploitation moyen de l'ours noir de la zone 10 entre 2001 et 2004 inclusivement (0,35 ours / 10 km²) nous apparaît élevé par rapport à celui suggéré antérieurement pour les bons habitats seulement (0,25 ours / 10 km², Jolicoeur 1997). Des mesures de gestion trop radicales pourraient perturber grandement la démographie de la population d'ours dans les années à venir. Il faudrait alors procéder à une modification majeure des mesures de gestion, comme ce fut le cas en 1996. Il ne faut jamais oublier que l'ours noir est une espèce sensible à l'exploitation en raison de sa faible productivité (Pelton 2003).

REMERCIEMENTS

Les auteurs du présent rapport souhaitent d'abord remercier tous les gens du ministère des Ressources naturelles et de la Faune du Québec ayant participé de près ou de loin à la réalisation du projet Outaouais 2005, à savoir (ordre alphabétique): Bruno Beaudoin, Jocelyn Caron, Denis Chartrand, François Goudreault, Philippe Houde, Donald Jean, Michel Lalancette, Charles Langevin, Marc Macquart, Jocelyn Mercier, Diane Paré, Christian Pilon, Daniel St-Hilaire et Daniel Toussaint. De sincères remerciements sont adressés particulièrement à M. Daniel Toussaint et M. Donald Jean, dont l'étroite collaboration avec le laboratoire du Dr Louis Bernatchez a sans contredit facilité le bon déroulement du projet. Mentionnons également le travail des étudiantes Geneviève Michon et Annie Croteau. Un gros merci à tous ces gens, de même qu'à M. Jean-René Moreau dont les cartes géographiques ont été d'un grand support. Nous devons également souligner la collaboration des pourvoyeurs lors de la collecte d'échantillons de poils et celle des citoyens ayant autorisé l'accès à leur propriété privée.

De sincères remerciements sont également adressés à tous les membres de l'équipe du laboratoire du Dr Louis Bernatchez (Département de Biologie, Université Laval) et plus particulièrement à Mme Vicky Albert, dont l'expertise en laboratoire et les conseils judicieux se sont révélés très précieux. Les discussions avec M. Emmanuel Milot, M. Jonatan Blais, M. Scott McCairns et M. Nicolas Gruyer concernant l'analyse numérique des données ont également été très appréciées.

LISTE DES RÉFÉRENCES

- ALJANABI, S.M. et MARTINEZ I. (1997). Universal and rapid salt-extraction of high quality genomic DNA for PCR-based techniques. *Nucleic Acids Research*, **25**, 4692-4693.
- APPS, C.D., MCLELLAN, B.N., WOODS, J.G. et PROCTOR, M.F. (2004). Estimating grizzly bear distribution and abundance relative to habitat and human influence. *Journal of Wildlife Management*, **68**, 138-152.
- ARMSTRUP, S.C. et BEECHAM, J. (1976). Activity patterns of radio-collared black bears in Idaho. *Journal of Wildlife Management*, **40**, 340-348.
- BELLEMAIN, E. et TABERLET, P. (2004). Improved noninvasive genotyping method : application to brown bear (*Ursus arctos*) faeces. *Molecular Ecology Notes*, **4**, 519-522.
- BOULANGER, J. et MCLELLAN, B.N. (2001). Closure violation in DNA-based mark-recapture estimation of grizzly bear populations. *Canadian Journal of Zoology*, **79**, 642-651.
- BOULANGER, J., MCLELLAN, B.N., WOODS, J.G., PROCTOR, M.F. et STROBECK, C. (2004a). Sampling design and bias in DNA-based capture-mark-recapture population and density estimates of grizzly bears. *Journal of Wildlife Management*, **68**, 457-469.
- BOULANGER, J., STENHOUSE, G. et MUNRO, R. (2004b). Sources of heterogeneity bias when DNA mark-recapture sampling methods are applied to grizzly bear (*Ursus arctos*) populations. *Journal of Mammalogy*, **85**, 618-624.
- BOULANGER, J., WHITE, G.C., MCLELLAN, B.N., WOODS, J., PROCTOR, M. et HIMMER, S. (2002). A meta-analysis of grizzly bear DNA mark-recapture projects in British Columbia, Canada. *Ursus*, **13**, 137-152.
- BRETON, S. et DUFRESNE, F. (2003). Validation des marqueurs microsatellites pour l'élaboration d'un protocole de marquage génétique chez la population d'ours noir (*Ursus americanus*) de la réserve faunique des Laurentides. Société de la faune et des parcs du Québec, Direction du développement de la faune, Québec. 22 pages.
- BROQUET, T. et PETIT, E. (2004). Quantifying genotyping errors in noninvasive population genetics. *Molecular Ecology*, **13**, 3601-3608.
- BURNHAM, K.P. et ANDERSON, D.R. (2002). Model selection and multimodel inference : an information theoretic approach. Springer-Verlag, New-York, NY, USA.
- CHAO, A. (1989). Estimating population size for sparse data in capture-recapture experiments. *Biometrics*, **45**, 427-438.

- COURTOIS, R., HAMEL, J.P., LAMONTAGNE, G., LEMIEUX, R., MERCIER, J. et DESROSIERS, A. (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. 49 pages.
- EFFORD, M.G., DAWSON, D.K. et ROBBINS, C.S. (2004). DENSITY: software for analysing capture-recapture data from passive detector arrays. *Animal Biodiversity and Conservation*, 27, 217-228.
- Faune et Parcs. (1999). Plan de gestion de l'ours noir 1998-2002. Gouvernement du Québec. 59 pages.
- FORAN, D.R., MINTA, S.C. et HEINEMEYER, K.S. (1997). DNA-based analysis of hair to identify species and individuals for population research and monitoring. *Wildlife Society Bulletin*, 25, 840-847.
- GARSHELIS, D.L. (1998). Demographic and geographic closure. *Dans* : Ecological and Conservation Applications of Bear Genetics, Workshop Summary. 11th International Conference on Bear Research and Management. 6 pages.
- GARSHELIS, D.L. et VISSER, L.G. (1997). Enumerating megapopulations of wild bears with an ingested biomarker. *Journal of Wildlife Management*, 61, 466-480.
- Goudreault, F. (1998). Plan de gestion de l'ours noir (zone 10). *Dans* : Plan de gestion de l'ours noir au Québec 1998-2002. Ministère des Ressources naturelles et de la Faune. 17 pages.
- GOUDREAU, F., BEAUDOIN, B. et MACQUART, M. (2005). Plan d'échantillonnage de l'ours noir de la zone 10 par la technique de capture-recapture au moyen de marqueurs génétiques (ADN). Ministère des Ressources naturelles et de la Faune, Direction régionale de l'Outaouais. 5 pages.
- GOUDREAU, F. et TOUSSAINT, D. (2005). Plan de gestion de l'ours noir (2006-2012) – Zone 10. Ministère des Ressources naturelles et de la Faune, Direction régionale de l'Outaouais. 21 pages.
- HARDY, O.J. et VEKEMANS, X. (2002). SPAGEDI : a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. *Molecular Ecology Notes*, 2, 618-620.
- HORNER, M.A. et POWELL, R.A. (1990). Internal structure of home ranges of black bears and analyses of home-range overlap. *Journal of Mammalogy*, 71, 402-410.

- JOLICOEUR, H. (1997). Démarche pour analyser et interpréter les statistiques de récolte d'ours noir. Ministère de l'Environnement et de la Faune - Service de la faune terrestre. 60 pages.
- JOLICOEUR, H. (2004). Estimation de la densité d'ours noirs dans différents types de végétation à l'aide de produits radioactifs – Période 1984-1994. Ministère des Ressources naturelles, de la Faune et des Parcs, Direction du développement de la faune. 44 pages.
- JOLICOEUR, H., GOUDREAU, F. et CRÊTE, M. (2004). Évaluation de la qualité relative de deux habitats pour l'ours noir en Outaouais à partir de caractéristiques liées à l'alimentation et à l'hibernation. Ministère des Ressources naturelles, de la Faune et des Parcs. 79 pages.
- JONES, M.D. et PELTON, M.R. (2003). Female American black bear of managed forest and agricultural lands in coastal North Carolina. *Ursus*, **14**, 188-197.
- KENDALL, W.L. (1999). Robustness of closed capture-recapture methods to violations of the closure assumption. *Ecology*, **80**, 2517-2525.
- LEMIEUX, R. et DESROSIERS, A. (2002). Description des techniques développées pour la collecte des poils et l'ingestion de la tétracycline dans la réserve faunique des Laurentides à l'été 2000. Société de la faune et des parcs du Québec, Québec. Non paginé.
- LUKACS, P. (2006). Closed population capture-recapture models. Chapitre 15 dans: Couch, E. et White, G.C. (éditions). *Program MARK: A Gentle Introduction*. 5^e édition, 18 pages.
- LUKACS, P.M. et BURNHAM, K.P. (2005). Review of capture-recapture methods applicable to noninvasive genetic sampling. *Molecular Ecology*, **14**, 3909-3919.
- MACE, R.D., MINTA, S.C., MANLEY, T.L. et AUNE K.E. (1994). Estimating grizzly bear population size using camera sightings. *Wildlife Society Bulletin*, **22**, 74-83.
- MILLER, D.S., WHITE, G.C., SELLERS, R.A., REYNOLDS, H.V., SCHOEN, J.W., TITUS, K., BARNES, V.G., SMITH, R.B., NELSON, R.R., BALLARD, W.B. et SCHWARTZ, C.C. (1997). Brown and black bear density estimation in Alaska using radiotelemetry and replicated mark-resight techniques. *Wildlife Monographs*, **133**, 5-55.
- MILLS, L.S., CITTA, J.J., LAIR, K.P., SCHWARTZ, M.K., et TALLMON, D.A. (2000). Estimating animal abundance using noninvasive DNA sampling: promise and pitfalls. *Ecological Applications*, **10**, 283-294.
- Ministère des Ressources naturelles, de la Faune et des Parcs (MRNFP - Faune Québec), en collaboration avec le Groupe faune national. (2004). Projet : Plan de gestion de l'ours noir 2005-2012. Gouvernement du Québec.

- Ministère des Ressources naturelles et de la Faune (MRNF). (2005). La chasse sportive au Québec : Carte des zones / Calendrier du 1^{er} avril 2005 au 31 mars 2006. Gouvernement du Québec.
- MOWAT, G. et STROBECK, C. (2000). Estimating population size of grizzly bears using hair capture, DNA profiling, and mark-recapture analysis. *Journal of Wildlife Management*, **64**, 183-193.
- OBBARD, M.E. Appendix 5: Black Bear Ecology. Wildlife Research and Development Section, Ontario Ministry of Natural Resources. 12 pages.
- OTIS, D.L., BURNHAM, K.P., WHITE, G.C. et ANDERSON, D.R. (1978). Statistical-inference from capture data on closed animal populations. *Wildlife Monographs*, **62**, 7-135.
- PAETKAU, D., CALVERT, W., STIRLING, I. et STROBECK, C. (1995). Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Molecular Ecology*, **4**, 347-354.
- PAETKAU, D., SHIELDS, G.F. et STROBECK, C. (1998b). Gene flow between insular, coastal and interior populations of brown bears in Alaska. *Molecular Ecology*, **7**, 1283-1292.
- PAETKAU, D. et STROBECK, C. (1994). Microsatellite analysis of genetic variation in black bear populations. *Molecular Ecology*, **3**, 489-495.
- PAETKAU, D., WAITS, L.P., CLARKSON, P.L., CRAIGHEAD, L., VYSE, E., WARD, R. et STROBECK, C. (1998a). Variation in genetic diversity across the range of North American brown bears. *Conservation Biology*, **12**, 418-429.
- PEACOCK, L., HERZOG, M. et PATIL, R. IDENTITY. Conservation Genetics Center, University of Nevada. Lien internet : www.consgenetics.unr.edu/students/peacock/Identity.htm .
- PELTON, M.R. (2003). Black Bear (chap. 25), dans *Wild mammals of North America : biology, management and conservation*. Johns Hopkins University Press, 2^e édition, 1216 pages.
- POMPANON, F., BONIN, A., BELLEMAIN E. et TABERLET P. (2005). Genotyping errors : Causes, consequences and solutions. *Nature Reviews Genetics*, **6**, 847-859.
- POOLE, K.G., MOWAT, G., et FEAR, D.A. (2001). DNA-based population estimate for grizzly bears *Ursus arctos* in northeastern British Columbia. *Wildlife Biology*, **7**, 105-115.
- PRADEL, R. (1996). Utilization of mark-recapture for the study of recruitment and population growth rate. *Biometrics*, **52**, 703-709.
- PROCTOR, M.F., MCLELLAN, B.N., STROBECK, C. et BARCLAY, R.M.R. (2004). Gender-specific dispersal distances of grizzly bears estimated by genetic analysis. *Canadian Journal of Zoology*, **82**, 1108-1118.

- ROGERS, L. L. (1987). Factors influencing dispersal in black bears. Pages 75-84 dans : B. D. Chepko-Sade et Z. T. Halpin (éditions). Mammalian dispersal patterns : the effects of social structure on population genetics. University of Chicago Press. 342 pages.
- ROON, D.A., THOMAS, M.E., KENDALL, K.C. et WAITS, L.P. (2005). Evaluating mixed samples as a source of error in non-invasive genetic studies using microsatellites. *Molecular Ecology*, **14**, 195-201.
- ROY, J. et BERNATCHEZ, L. (2006). Projet d'inventaire de l'ours noir de la zone 10 par la technique de capture-recapture à l'aide de marqueurs génétiques (Projet Ours Noir 2005). Rapport synthèse pour le Ministère des Ressources naturelles et de la Faune, Direction régionale de l'Outaouais. 47 pages.
- SAMSON, C. et HUOT, J. (2001). Spatial and temporal interactions between female American black bears in mixed forests of eastern Canada. *Canadian Journal of Zoology*, **79**, 633-641.
- SCHENK, A. et KOVACS, K.M. (1995). Multiple mating between black bears revealed by DNA fingerprinting. *Animal Behaviour*, **50**, 1483-1490.
- SCHENK, A., OBBARD, M.E. et KOVACS, K.M. (1998). Genetic relatedness and home-range overlap among female black bears (*Ursus americanus*) in northern Ontario, Canada. *Canadian Journal of Zoology*, **76**, 1511-1519.
- SCHOENER, T.W. (1983). Simple models of optimal feeding-territory size : a reconciliation. *American Naturalist*, **121**, 608-629.
- STANLEY, T.R. et BURNHAM, K.P. (1999). A closure test for time-specific capture-recapture data. *Environmental and Ecological Statistics*, **6**, 197-209.
- STANLEY, T.R. et RICHARDS, J.D. (2005). Software Review : A program for testing capture-recapture data for closure. *Wildlife Society Bulletin*, **33**, 782-785.
- TABERLET, P. et BOUVET, J. (1992). Bear conservation genetics. *Nature*, **358**, 197-197.
- TABERLET, P., CAMARRA, J.-J., GRIFFIN, S., UHRÈS, E., HANOTTE, O., WAITS, L.P., DUBOIS-PAGANON, C., BURKE, T. et BOUVET, J. (1997). Noninvasive genetic tracking of the endangered Pyrenean brown bear population. *Molecular Ecology*, **6**, 869-876.
- TABERLET, P., GRIFFIN, S., GOOSSENS, B., QUESTIAU, S., MANCEAU, V., ESCARAVAGE, N., WAITS, L.P., et BOUVET, J. (1996). Reliable genotyping of samples with very low DNA quantities using PCR. *Nucleic Acids Research*, **24**, 3189-3194.
- TABERLET, P. et LUIKART, G. (1999). Non-invasive genetic sampling and individual identification. *Biological Journal of the Linnean Society*, **68**, 41-55.

- TABERLET, P., MATTOCK, H., DUBOISPAGANON, C. et BOUVET, J. (1993). Sexing free-ranging brown bears (*Ursus arctos*) using hairs found in the field. *Molecular Ecology*, **2**, 399-403.
- TABERLET, P., WAITS, L.P. et LUIKART, G. (1999). Noninvasive genetic sampling : look before you leap. *Trends in Ecology and Evolution*, **14**, 323-327.
- TRIAN, D.A. (2001). Estimating population size and genetic diversity of two populations of black bears in South Central Louisiana. MS Thesis, Louisiana State University, Baton Rouge, Louisiana. 54 pages.
- TRIAN, D.A., PACE, R.M. et STINE M. (2004). Abundance, genetic diversity and conservation of Louisiana black bears (*Ursus americanus luteolus*) as detected through non-invasive sampling. *Conservation Genetics*, **5**, 647-659.
- WAGNER, H.W. et SEFC, K.M. (1999). IDENTITY 1.0. Centre for Applied Genetics, University of Agricultural Sciences, Vienna.
- WAITS, J.L. et LEBERG, P.L. (1999). Advances in the Use of Molecular Markers for Studies of Population Size and Movement. *Transactions of the Sixty-Fourth North American Wildlife and Natural Resource Conference*, **Session 2**, 191-201.
- WHITE, G.C. (1996). NOREMARK: population estimation from mark-resighting surveys. *Wildlife Society Bulletin*, **24**, 50-52.
- WHITE, G.C., ANDERSON, D.R., BURNHAM, K.P. et OTIS, D.L. (1982). Capture-recapture and removal methods for sampling closed populations. Los Alamos, New Mexico: Los Alamos National Laboratory.
- WHITE, G.C. et BURNHAM, K.P. (1999). Program MARK: Survival estimation from populations of marked animals. *Bird Study (Supplement)*, **46**, 120-138.
- WOODS, J.G., PAETKAU, D., LEWIS, D., MCLELLAN, B.N., PROCTOR, M. et STROBECK, C. (1999). Genetic tagging of free-ranging black and brown bears. *Wildlife Society Bulletin*, **27**, 616-627.
- YAMAMOTO, K., TSUBOTA, T., KOMATSU, T., KATAYAMA, A., MURASE, T., KITA, I. et KUDO, T. (2002). Sex identification of Japanese black bear, *Ursus thibetanus japonicus*, by PCR based on amelogenin gene. *Journal of Veterinary Medical Science*, **64**, 505-508.

Annexe 1. Causes potentielles et effets d'une violation des postulats de base de la méthode CMR sur l'estimateur d'abondance de l'ours noir de la zone 10.

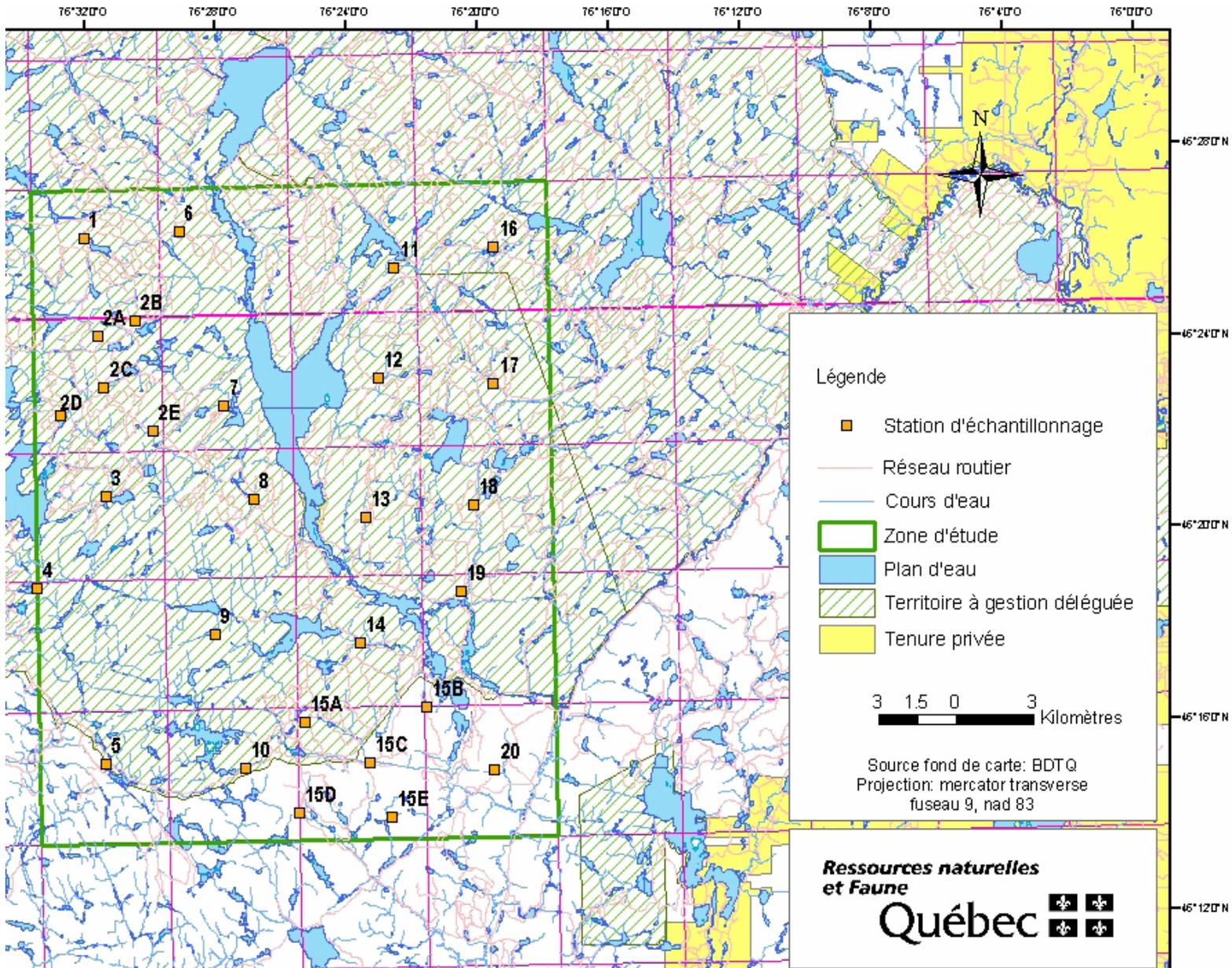
Postulats	Sources de biais potentielles	Biais engendré sur l'estimateur d'abondance (N)	Remarques particulières
1. Fermeture démographique de la population:			Biais minime si la durée de l'étude est restreinte entre 6 et 10 sem. ¹
A) Aucune naissance durant la période d'étude.	Mise bas d'ourson(s)	---	
B) Aucune mortalité durant la période d'étude.	Mortalité due à la saison de chasse	---	
C) Aucune immigration durant la période d'étude.	Entrée d'individus dans la zone d'étude	Surestimation	Biais réduit si la zone d'étude est délimitée à l'aide de frontières naturelles (lac, montagne, route) ²
D) Aucune émigration permanente durant l'étude.	Sortie d'individus de la zone d'étude	Surestimation	Biais réduit si la zone d'étude est délimitée à l'aide de frontières naturelles (lac, montagne, route) ²
2. Fermeture géographique de la population:			Réduction de l'effet de bordure avec une augmentation de la superficie de la zone d'étude ^{1,4}
Aucun effet de bordure: aucun domaine vital ne chevauche la limite du site d'étude.	Va-et-vient des individus diminue leur probabilité de capture	Surestimation ^{1,3} (concept de super-population, N*)	
3. Équiprobabilité de capture pour tous les individus. Trois facteurs peuvent mener au non respect de ce postulat:		Sous-estimation ^{4,5}	
A) Raisons intrinsèques: - sexe - âge - taille du domaine vital	Taux de rencontre des stations est ↑ chez les adultes, surtout les mâles ⁵		Le domaine vital du mâle adulte est plus étendu que le domaine vital de la femelle adulte ⁵
	Le domaine vital d'une femelle ne chevauche pas une station		Biais réduit avec une augmentation de l'intensité d'échantillonnage
B) Réponse comportementale: - <i>trap shy vs trap happy</i>	Évitement / recherche des sites après une première capture		Biais réduit avec l'approche non invasive (absence de contact avec l'animal) ⁶
C) Changements temporels	Conditions climatiques variables, variations de l'intensité de capture		Variation temporelle de la probabilité de capture d'un ours ⁷

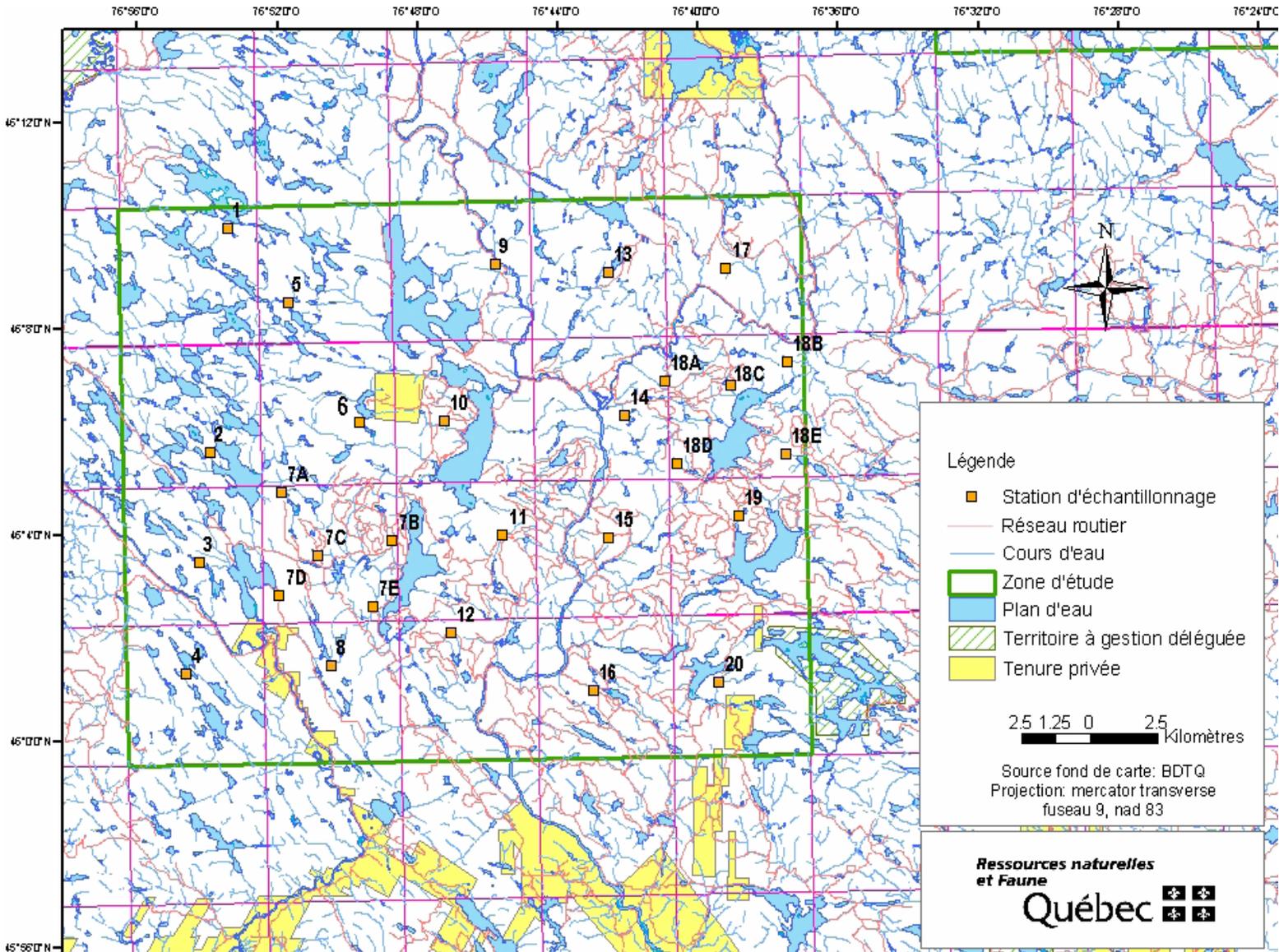
¹Mowat et Strobeck 2000; ²Boulanger *et al.* 2004a; ³Boulanger et McLellan 2001; ⁴Boulanger *et al.* 2002; ⁵Boulanger *et al.* 2004b;

⁶Waits et Leberq 1999; ⁷White *et al.* 1982.

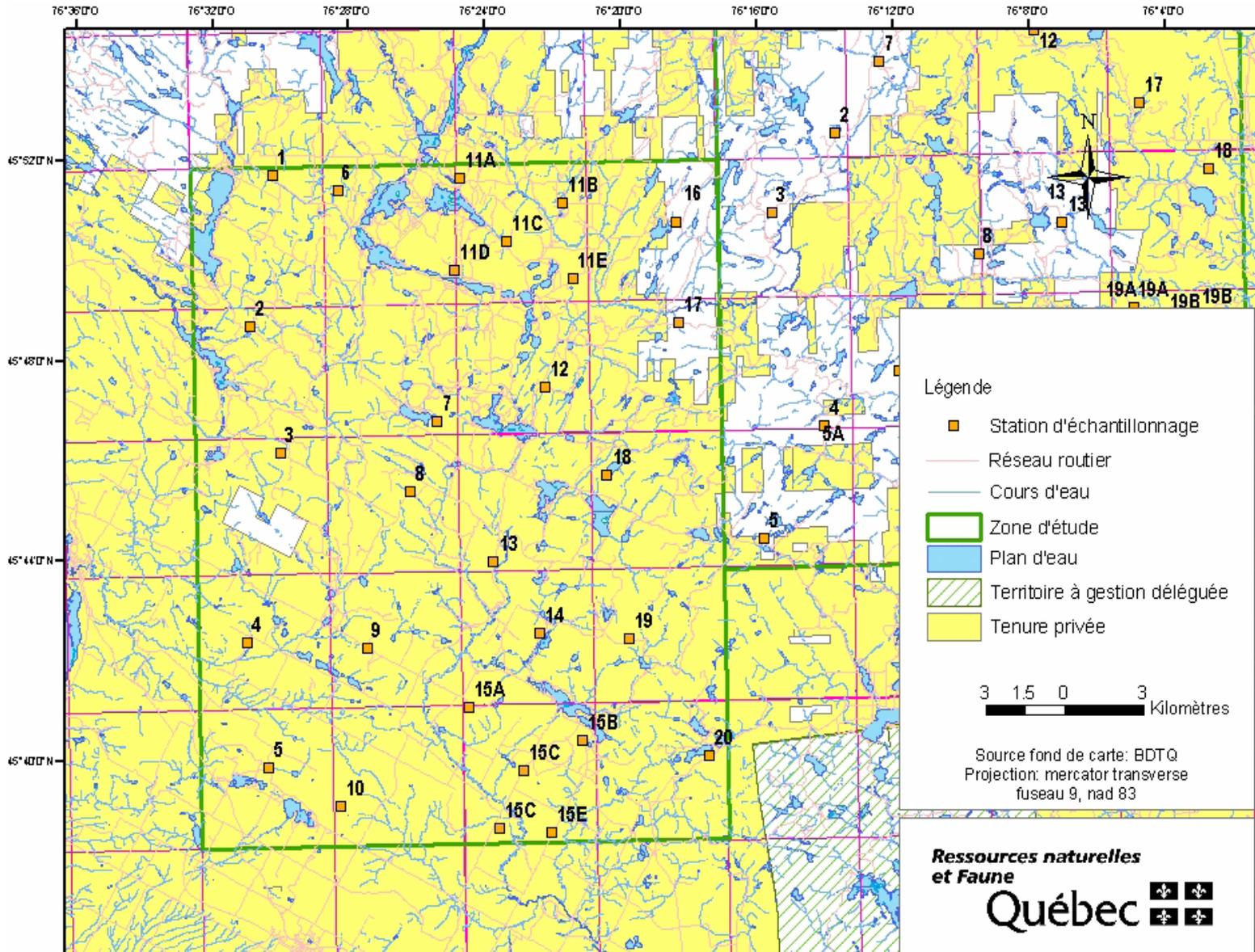
Annexe 2. Identification et localisation des 28 stations d'échantillonnage retrouvées dans chacun des six blocs d'étude de l'inventaire 2005.

ZEC Pontiac (Bloc A)

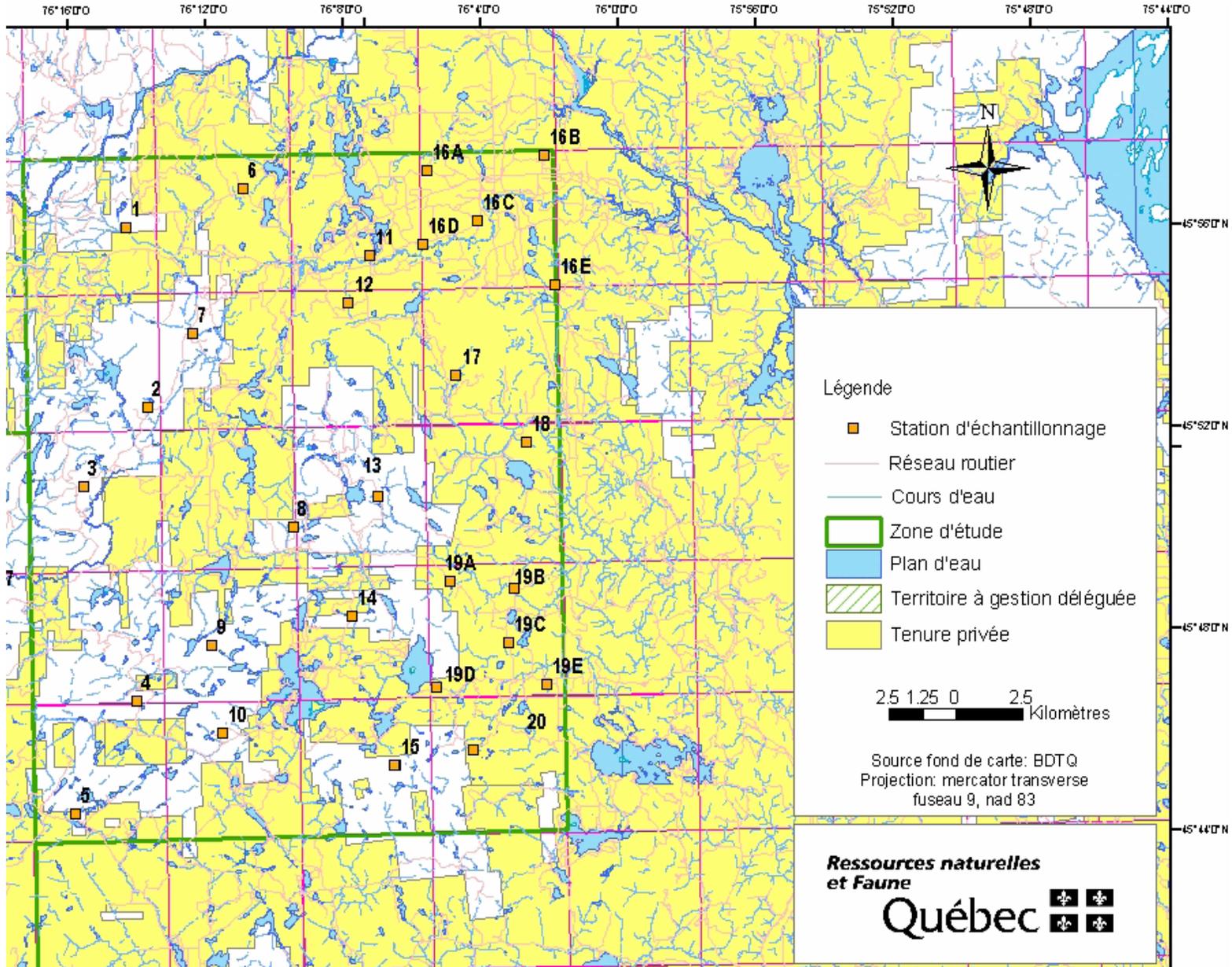


Bois-Francs (Bloc B)

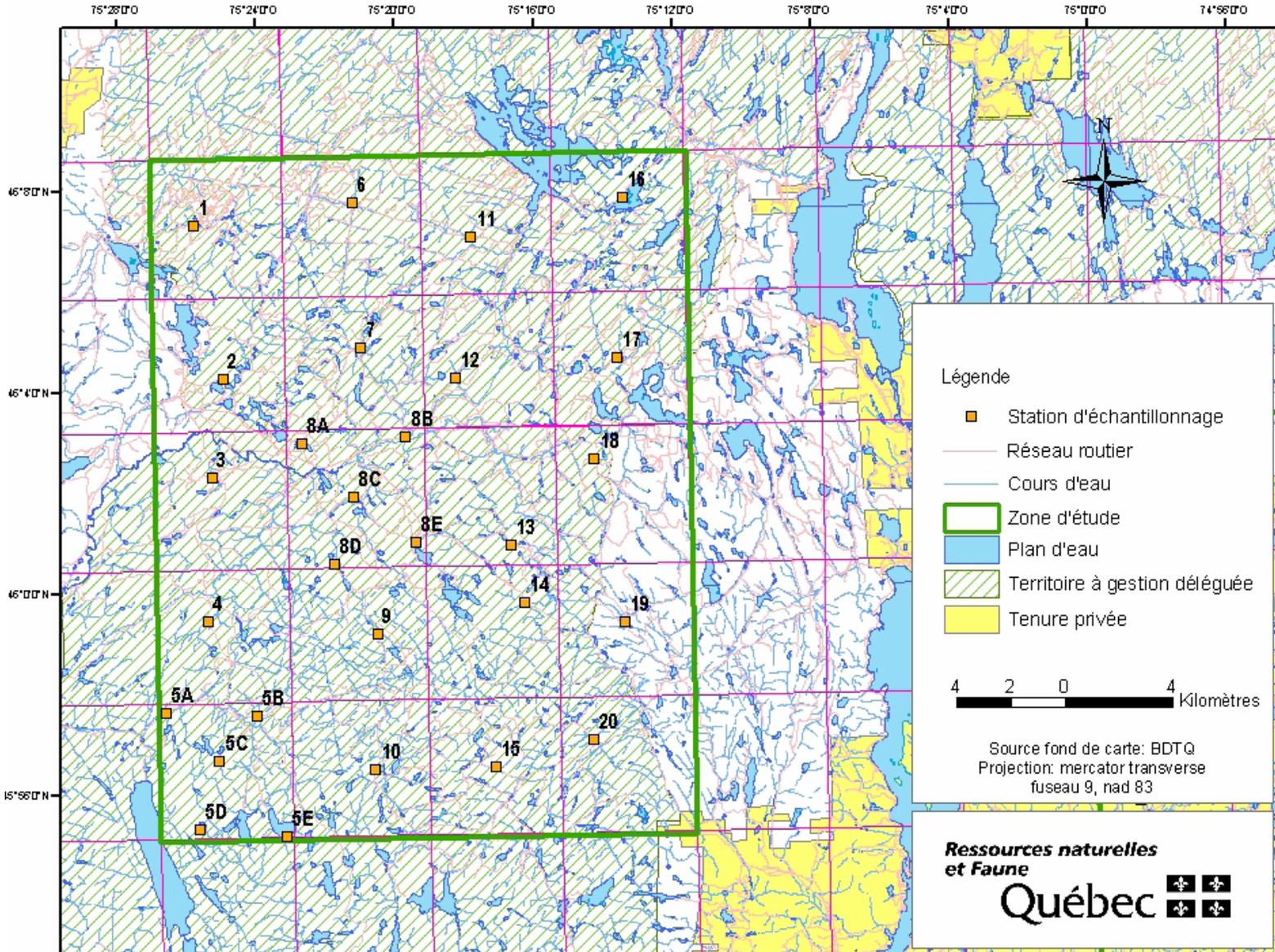
LadySmith (Bloc C)

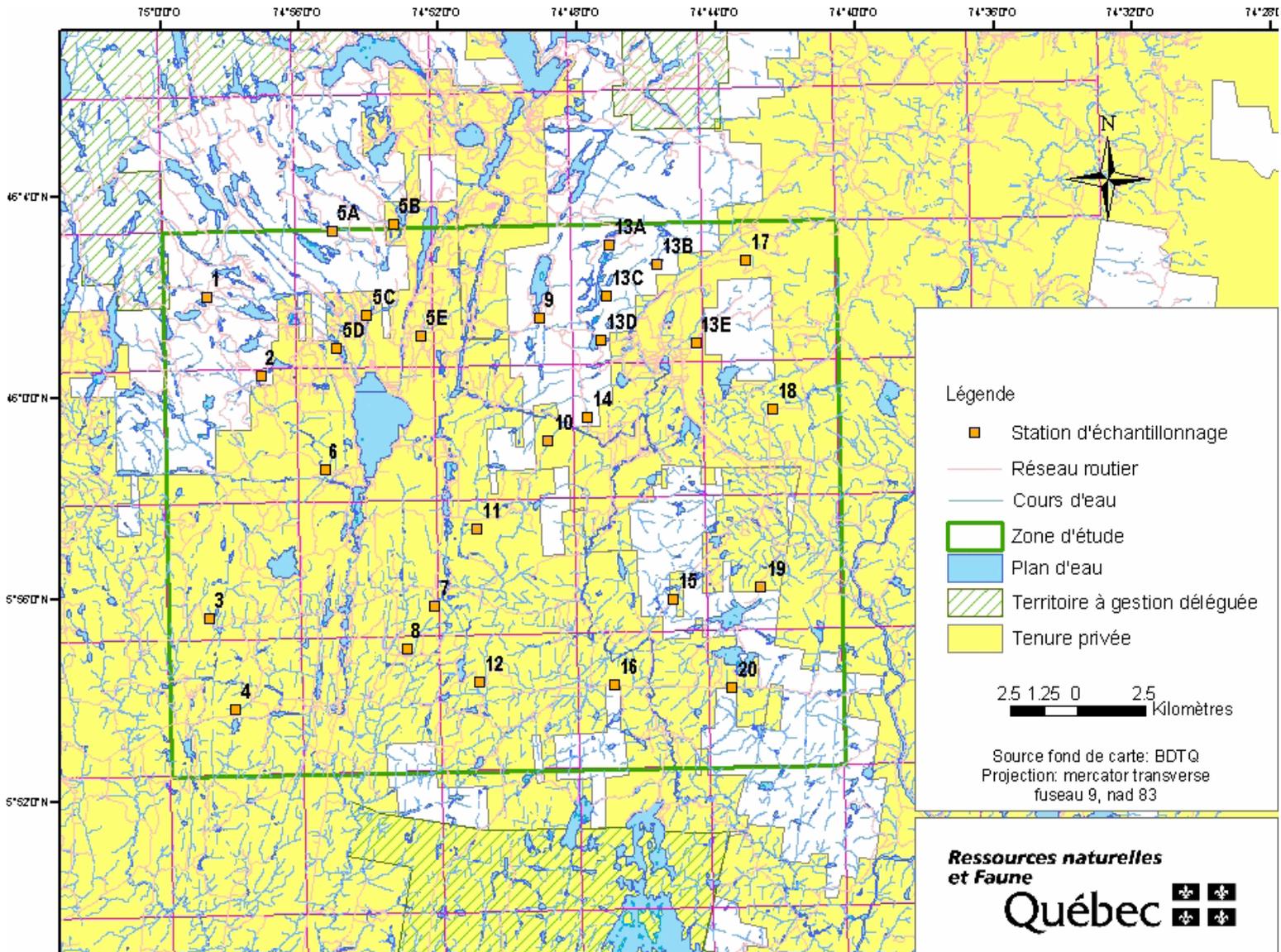


Cawood (Bloc D)



Réserve faunique Papineau-Labelle (Bloc E)



Namur (Bloc F)

Annexe 3. Coordonnées géographiques spatiales (UTM, NAD 83) des 168 stations échantillonnées lors de l'inventaire de l'ours noir 2005 (zone 10). Le succès de capture moyen (%) à chacune des stations est également présenté.

Station	UTM NAD83 X	UTM NAD83 Y	Succès de capture
O-BF-01	354108	5114222	75
O-BF-02	353309	5106192	0
O-BF-03	352842	5102239	75
O-BF-04	352288	5098277	25
O-BF-05	356271	5111528	100
O-BF-06	358808	5107156	75
O-BF-07A	355911	5104734	100
O-BF-07B	359938	5102909	0
O-BF-07C	357224	5102427	0
O-BF-07D	355763	5101026	25
O-BF-07E	359211	5100551	0
O-BF-08	357648	5098446	100
O-BF-09	363895	5112772	75
O-BF-10	361921	5107195	75
O-BF-11	363998	5103034	0
O-BF-12	362045	5099564	50
O-BF-13	368036	5112372	50
O-BF-14	368533	5107231	0
O-BF-15	367893	5102885	75
O-BF-16	367226	5097392	100
O-BF-17	372371	5112452	50
O-BF-18A	370038	5108469	75
O-BF-18B	374564	5109045	100
O-BF-18C	372539	5108213	100
O-BF-18D	370426	5105498	50
O-BF-18E	374448	5105735	100
O-BF-19	372660	5103546	100
O-BF-20	371840	5097620	75
O-CW-01	403999	5087480	0
O-CW-02	404677	5080909	0
O-CW-03	402230	5078013	50
O-CW-04	404074	5070106	50
O-CW-05	401725	5065991	0
O-CW-06	408443	5088825	0
O-CW-07	406410	5083557	0
O-CW-08	410060	5076374	25
O-CW-09	406943	5072113	50
O-CW-10	407284	5068893	0
O-CW-11	413129	5086295	0
O-CW-12	412297	5084578	75
O-CW-13	412701	5078144	0
O-CW-14	412206	5073093	25
O-CW-15	413723	5067557	0
O-CW-16A	415326	5089380	50

Station	UTM NAD83 X	UTM NAD83 Y	Succès de capture
O-CW-16B	419760	5089867	0
O-CW-16C	417197	5087487	0
O-CW-16D	415149	5086673	25
O-CW-16E	420062	5085087	0
O-CW-17	416281	5081857	0
O-CW-18	418861	5079360	25
O-CW-19A	415948	5074288	0
O-CW-19B	418312	5073964	0
O-CW-19C	418013	5072103	0
O-CW-19D	415344	5070418	0
O-CW-19E	420292	5069930	0
O-CW-20	416659	5068100	0
O-LD-01	383258	5079630	50
O-LD-02	382314	5074185	0
O-LD-03	383377	5069479	100
O-LD-04	381987	5062511	75
O-LD-05	382729	5057902	25
O-LD-06	385740	5079160	0
O-LD-07	389357	5070558	100
O-LD-08	388311	5067977	100
O-LD-09	386539	5062251	75
O-LD-10	385439	5056406	25
O-LD-11A	390395	5079516	0
O-LD-11B	394821	5078533	0
O-LD-11C	392126	5077155	0
O-LD-11D	390104	5076130	50
O-LD-11E	394613	5075762	50
O-LD-12	393469	5071726	0
O-LD-13	391415	5065353	25
O-LD-14	393119	5062643	0
O-LD-15A	390355	5060000	50
O-LD-15B	394691	5058670	50
O-LD-15C	392399	5057620	75
O-LD-15D	391458	5055494	50
O-LD-15E	393437	5055319	0
O-LD-16	399016	5078260	0
O-LD-17	398612	5074057	0
O-LD-18	395784	5068443	50
O-LD-19	396518	5062415	75
O-LD-20	399490	5058034	0
O-NA-01	501547	5097597	25
O-NA-02	503504	5094684	0
O-NA-03	501461	5085833	0
O-NA-04	502339	5082485	0
O-NA-05A	506249	5099931	25
O-NA-05B	508525	5100143	0
O-NA-05C	507481	5096840	0
O-NA-05D	506347	5095672	25
O-NA-05E	509470	5096044	0
O-NA-06	505819	5091185	0

Station	UTM NAD83 X	UTM NAD83 Y	Succès de capture
O-NA-07	509800	5086097	0
O-NA-08	508726	5084572	0
O-NA-09	513897	5096615	25
O-NA-10	514437	5092853	0
O-NA-11	511413	5088917	0
O-NA-12	511409	5083317	0
O-NA-13A	516523	5099258	75
O-NA-13B	518257	5098518	25
O-NA-13C	516383	5097365	75
O-NA-13D	516164	5095752	0
O-NA-13E	519675	5095614	0
O-NA-14	515567	5092941	0
O-NA-15	518626	5086225	0
O-NA-16	516422	5083096	25
O-NA-17	521566	5098594	50
O-NA-18	522482	5093107	25
O-NA-19	521910	5086626	0
O-NA-20	520776	5082926	0
O-PL-01	466718	5107623	75
O-PL-02	467688	5101978	75
O-PL-03	467229	5098333	25
O-PL-04	466974	5093044	100
O-PL-05A	465368	5089696	0
O-PL-05B	468714	5089538	100
O-PL-05C	467316	5087891	75
O-PL-05D	466532	5085406	0
O-PL-05E	469755	5085075	0
O-PL-06	472637	5108367	25
O-PL-07	472845	5103024	0
O-PL-08A	470569	5099537	0
O-PL-08B	474447	5099723	25
O-PL-08C	472450	5097521	75
O-PL-08D	471710	5095065	75
O-PL-08E	474736	5095830	25
O-PL-09	473256	5092466	75
O-PL-10	473101	5087503	75
O-PL-11	477003	5107039	0
O-PL-12	476319	5101860	75
O-PL-13	478283	5095681	100
O-PL-14	478729	5093557	75
O-PL-15	477560	5087494	25
O-PL-16	482659	5108390	0
O-PL-17	482325	5102484	0
O-PL-18	481434	5098797	100
O-PL-19	482465	5092739	100
O-PL-20	481213	5088446	100
O-ZP-01	382251	5143407	50
O-ZP-02A	382722	5139608	75
O-ZP-02B	384175	5140176	25
O-ZP-02C	382935	5137629	25

Station	UTM NAD83 X	UTM NAD83 Y	Succès de capture
O-ZP-02D	381214	5136569	25
O-ZP-02E	384821	5135919	50
O-ZP-03	382956	5133436	75
O-ZP-04	380177	5129941	100
O-ZP-05	382750	5123115	75
O-ZP-06	385990	5143603	25
O-ZP-07	387584	5136809	100
O-ZP-08	388714	5133200	25
O-ZP-09	387086	5128034	75
O-ZP-10	388168	5122841	0
O-ZP-11	394313	5142036	100
O-ZP-12	393615	5137783	75
O-ZP-13	393015	5132427	100
O-ZP-14	392715	5127575	50
O-ZP-15A	390497	5124572	100
O-ZP-15B	395246	5125043	100
O-ZP-15C	393029	5122952	100
O-ZP-15D	390257	5121093	50
O-ZP-15E	393857	5120865	75
O-ZP-16	398203	5142771	75
O-ZP-17	398095	5137481	0
O-ZP-18	397245	5132825	50
O-ZP-19	396684	5129526	100
O-ZP-20	397873	5122613	100

Annexe 4. Géotypes des 256 individus échantillonnés aux différentes stations au cours des quatre semaines d'échantillonnage. Le nombre de poils de qualité utilisés dans l'extraction d'ADN est également présenté. Les données manquantes sont représentées par un espace vide.

Individu (ID) [†]	Code de l'échantillon	# poils extraits	Géotypes des individus aux 10 marqueurs considérés									
			G10H	G1D	MU09	MU15	G10L	MU50	G10P	MU23	MU10	G10M
165	BF01 SeB	8	240260	180180	197205	130134	133147	119133	177177	153157	130134	196202
166*	BF01 SeC	7	262270	178186	197207	130130	133153	117131	169177	153169	128134	192202
517	BF03 SeA	1	240240	178186	203205	128142	133155	131133	169173	157169	130138	198198
519	BF03 SeA	5	238246	178186	197197	130138	151151	119139	177179	153171	126128	196204
563***	BF03 SeB	4	234236	180186	191203	130134	137151	119123	173179	157165	116126	198198
564	BF03 SeB	3	234244	178188	195203	130132	151153	117117	173177	157169	120124	194200
673***	BF03 SeC	4	234246	174186	197203	130132	147151	119129	163177	153155	116126	198200
425*	BF04 SeD	4	234246	174186	197203	130132	147151	119129	163177	153155	116126	198200
83	BF05 SeA	10	258264	178188	203207	130138	155157	131133	175177	157165	126128	196202
248	BF05 SeB	9	236264	178178	197197	130134	151157	121133	175183	169171	126136	196200
249	BF05 SeB	9	262270	178186	197207	130130	133153	117131	169177	153169	128134	192202
86	BF05 SeC	10	236264	178178	197197	130134	151157	121133	175183	169171	126136	196200
250	BF05 SeD	9	236264	178178	197197	130134	151157	121133	175183	169171	126136	196200
251**	BF06 SeB	9	234254	178180	195197	130134	133153	123133	179181	171171	126134	198198
428	BF06 SeC	4	240258	186188	197207	130130	151157	131141	169175	157167	128138	198200
253	BF06 SeD	9	240258	186188	197207	130130	151157	131141	169175	157167	128138	198200
254	BF07A SeA	9	234236	178180	203209	138142	155159	123131	179179	157157	128136	198198
625*	BF07A SeB	10	240252	178178	195203	140142	133159	123133	165171	157167	124130	198200
255	BF07A SeC	10	234236	178180	203209	138142	155159	123131	179179	157157	128136	198198
257*	BF07D SeC	9	234246	174186	197203	130132	147151	119129	163177	153155	116126	198200
259	BF08 SeA	9	240254	174186	205207	132138	135137	119139	179181	157165	126136	200204
167	BF08 SeB	7	240254	174186	205207	132138	135137	119139	179181	157165	126136	200204
567**	BF08 SeC	5	240252	178186	205209	138138	151165	117133	177177	157171	128136	200202
263**	BF08 SeD	9	240252	178186	205209	138138	151165	117133	177177	157171	128136	200202
521	BF09 SeA	10	250260	188188	197203	130132	135153	111117	165179	153157	126126	194202
629****	BF09 SeC	5	252264	180186	203207	132132	137159	123139	173183	153165	128128	200202
108	BF09 SeD	10	232260	178180	207209	128130	135151	111131	173179	157169	128136	202204
155	BF10 SeA	5	240240	178190	197197	130138	155159	117139	165177	153153	128134	198202
168*	BF10 SeC	9	230234	178186	197209	130132	151157	133135	177179	169169	126138	192204
4	BF12 SeC	8	234264	178186	207207	130140	137155	111135	179179	157163	130136	192202
117	BF12 SeD	1		178186	207207	130140	137155	111135	179179	157163		
267*	BF13 SeB	9	242262	178186	205207	132136	137153	111123	177179	157165	130136	192202
677	BF13 SeD	2		178186	205207	132136	137153	111123		157165		192202

Individu (ID) [†]	Code de l'échantillon	# poils extraits	Génotypes des individus aux 10 marqueurs considérés									
			G10H	G1D	MU09	MU15	G10L	MU50	G10P	MU23	MU10	G10M
89*	BF15 SeB	10	234256	182184	197203	130134	137149	131131	177177	153157	128136	196202
270*	BF15 SeC	9	240248	178180	203207	132138	135151	117119	179179	157171	130130	198200
91*	BF15 SeD	10	234256	182184	197203	130134	137149	131131	177177	153157	128136	196202
273	BF16 SeA	9	232264	178180	197197	132134	153155	119135	179179	167167	116130	196198
94	BF16 SeB	10	254264	180186	203205	128130	133133	119125	173179	155167	134134	192196
274	BF16 SeC	9	238250	178180	197197	130134	149151	123131	171171	155171	128130	194200
276	BF16 SeD	9	240270	176178	207207	130142	135155	117123	173179	153171	130132	200204
95	BF17 SeC	10	242262	178186	205207	132136	137153	111123	177179	157165	130136	192202
96	BF17 SeC	10	234238	178182	197201	130138	133133	111131	173177	153165	126130	196202
277	BF17 SeD	9	238248	176186	197205	128136	137137	123135	181181	153169	130134	200202
523****	BF18A SeA	5	248254	184188	197207	134136	155155	123131	171177	165171	116132	198204
572*	BF18A SeB	4	248256	186186	197207	142142	135147	117123	179183	169169	128134	196204
281	BF18A SeC	9	238260	178178	203205	130136	149155	119119	177181	163167	120126	192200
99*	BF18B SeA	10	242262	178186	205207	132136	137153	111123	177179	157165	130136	192202
282	BF18B SeB	9	242262	178186	205207	132136	137153	111123	177179	157165	130136	192202
441*	BF18B SeC	4	238250	184188	197201	130132	147151	123131	171171	157167	126128	198200
102	BF18B SeD	10	236258	174180	201205	132142	133159	119133	177183	163173	124134	198198
284*	BF18C SeA	9	254258	178186	207207	130130	151151	123141	177181	165167	124128	202204
286	BF18C SeB	9	240254	182186	203203	130138	133135	131133	179183	153153	134136	198198
157	BF18C SeC	4	238248	178182	197203	130134	151151	119123	179183	153169	128134	194200
119	BF18C SeD	1	238248	178182	197203	130134	151151	119123	179183	153169	128134	200202
103	BF18D SeB	10	232246	178178	197207	128130	149153	123135	169171	167171	130136	192200
288	BF18D SeC	9	246256	178186	197201	130142	135149	117135	171179	169171	132136	192204
289	BF18E SeA	9	240262	182186	203207	132138	135137	111133	179183	153157	134136	198202
291	BF18E SeB	9	240262	182186	203207	132138	135137	111133	179183	153157	134136	198202
292	BF18E SeC	9	240262	182186	203207	132138	135137	111133	179183	153157	134136	198202
293	BF18E SeD	9	240254	182186	203203	130138	133135	131133	179183	153153	134136	198198
106	BF19 SeA	10	254264	184186	205207	130134	133155	119123	171179	155163	130134	196196
294	BF19 SeB	9	254264	178184	203205	134142	133133	111123	171173	155167	132134	196200
295*	BF19 SeC	9	254264	178184	203205	134142	133133	111123	171173	155167	132134	196200
297	BF19 SeD	9	254264	178184	203205	134142	133133	111123	171173	155167	132134	196200
444	BF20 SeB	4	248254	176182	197203	130138	133151	131133	169177	171175	130134	198200
300	BF20 SeC	9	248254	176182	197203	130138	133151	131133	169177	171175	130134	198200
574****	BF20 SeD	8	236256	178178	197201	130142	135157	119131	163177	153171	132138	196204
324*	CW03 SeC	10	238260	174174	207209	130130	135155	119135	177179	153157	128134	200200
326*	CW03 SeD	10	238260	174174	207209	130130	135155	119135	177179	153157	128134	200200
18	CW04 SeB	8	244252	186186	197203	130130	147151	133135	179179	157169	126128	202204

Individu (ID) [†]	Code de l'échantillon	# poils extraits	Génotypes des individus aux 10 marqueurs considérés									
			G10H	G1D	MU09	MU15	G10L	MU50	G10P	MU23	MU10	G10M
327	CW04 SeC	10	244252	186186	197203	130130	147151	133135	179179	157169	126128	202204
687***	CW08 SeA	4	258260	174180	197201	130134	147155	123135	179179	157165	130132	196200
586**	CW09 SeB	6	254258	178178	197207	138140	147153	119123	177179	157161	130132	196202
332*	CW12 SeA	10	240240	178188	195195	134134	133149	131137	173179	161169	130132	196198
19	CW12 SeC	8	240240	178188	195195	134134	133149	131137	173179	161169	130132	196198
39	CW12 SeC	10	232254	178180	197203	134142	153155	133133	179181	163165	126128	204204
333	CW12 SeD	10	240240	178188	195195	134134	133149	131137	173179	161169	130132	196198
334	CW16A SeA	9	260266	178186	193201	130142	151153	117119	173179	165169	130130	196200
589*	CW16A SeC	4	260266	178186	193201	130142	151153	117119	173179	165169	130130	196200
337	CW16D SeA	9	260264	174186	197203	130130	137151	119119	179179	153169	126132	192198
506**	CW18 SeC	6	238244	182188	203203	130130	153159	119135	179179	153153	116128	196200
1*	LD03 SeA	8	250254	186186	197205	130132	147151	119123	177181	161163	138138	192196
305	LD03 SeB	9	250254	186186	197205	130132	147151	119123	177181	161163	138138	192196
307	LD03 SeC	10	248254	178188	197207	130132	135153	129131	177181	153157	130138	198200
14*	LD04 SeA	10	230250	178184	197207	134136	153153	123125	179181	167169	128138	192204
308**	LD04 SeC	10	252254	178178	203207	130130	135153	129131	179181	157157	130138	196198
635	LD04 SeD	6	238240	178180	193197	134136	137147	117133	177177	155157	130134	198200
636**	LD04 SeD	4	252254	178178	203207	130130	135153	129131	179181	157157	130138	196198
309	LD05 SeB	10	250260	186186	193205	130130	147157	123123	177177	153161	128138	192198
15	LD07 SeA	10	232254	178186	203203	130140	135137	129131	179179	157165	136138	192198
138	LD07 SeB	3	240258	178178	193205	130138	137151	123131	173183	153157	124130	192198
310	LD07 SeC	10	232254	178186	203203	130140	135137	129131	179179	157165	136138	192198
311*	LD07 SeD	9	232254	178186	203203	130140	135137	129131	179179	157165	136138	192198
16	LD08 SeA	10	232254	178186	203203	130140	135137	129131	179179	157165	136138	192198
454	LD08 SeB	4	240256	186186	191197	130132	137153	119125	177183	167169	116136	204204
455*	LD08 SeB	5	232254	178186	203203	130140	135137	129131	179179	157165	136138	192198
313*	LD08 SeC	10	232254	178186	203203	130140	135137	129131	179179	157165	136138	192198
314*	LD08 SeD	10	232254	178186	203203	130140	135137	129131	179179	157165	136138	192198
37*	LD09 SeA	10	258264	178190	197201	132134	151151	119123	173179	157171	128138	196200
315*	LD09 SeB	9	258264	178190	197201	132134	151151	119123	173179	157171	128138	196200
139*	LD10 SeB	3	238264	174190	207207	130132	135149	111131	179181	153153	126126	204204
124	LD11D SeB	2	240264	178186	197203	130130	151153	123131	177179	155167	126130	200204
579***	LD11D SeC	5	250266	178186	201203	132138	135153	123131	173177	153157	128132	198204
458**	LD11E SeB	4	238266	178178	197197	130134	133151	125137	177179	155169	126132	196198
320	LD13 SeD	10	232244	178186	197197	130130		131135	179181	157165	116136	192200

Individu (ID) [†]	Code de l'échantillon	# poils extraits	Génotypes des individus aux 10 marqueurs considérés									
			G10H	G1D	MU09	MU15	G10L	MU50	G10P	MU23	MU10	G10M
641*	LD15A SeB	4	240264	178180	191205	128130	133151	131133	165177	153169	132136	198198
644	LD15A SeD	6	240264	178180	191205	128130	133151	131133	165177	153169	132136	198198
12	LD15B SeA	8	240264	178180	191205	128130	133151	131133	165177	153169	132136	198198
649****	LD15B SeD	6	240264	178180	191205	128130	133151	131133	165177	153169	132136	198198
125	LD15C SeB	2	240252	186188	197207	130132	149151	123131	181181	153163	134138	200204
141*	LD15C SeC	3	240252	186188	197207	130132	149151	123131	181181	153163	134138	200204
650	LD15C SeD	4	252252	186190	203205	132136	133147	123123		161171	126130	198202
321	LD15D SeB	9	244244	186188	197203	132134	149151	131131	177181	157169	116134	192196
322	LD19 SeB	10	238252	186190	203205	132136	133147	123123	173177	161171	126130	198202
323*	LD19 SeC	9	238240	176178	197197	130134	137149	119123	171179	155161	130136	198200
653*	LD19 SeD	7	240260	186186	193197	130140	149151	117123	177177	161171	130138	192198
509****	NA01 SeA	5	230266	178186	203203	130136	135151	119119	177179	161169	130136	200202
172	NA05A SeB	7	230240	178180	203203	130132	135135	117119	175177	153155	130138	198204
339*	NA05D SeC	9	236260	178180	207209	128130	151157	131133	177177	169169	130136	200204
591**	NA09 SeD	5	244256	186188	201203	130134	133137	117123	177179	165169	128136	198200
22	NA13A SeB	10	240262	186186	201203	130132	133133	123131	179183	161161	116130	198200
145	NA13A SeC	4	240262	186186	201203	130132	133133	123131	179183	161161	116130	198200
10	NA13B SeD	8	230240	178182	203209	130134	157159	131135	177177	167171	116130	192198
693**	NA13C SeB	3	240262	186186	201203	130132	133133	123131	179183	161161	116130	198200
465	NA13C SeD	duvet	240262	186186	201203	130132	133133	123131	179183	161161	116130	198200
351	NA16 SeB	8	238238	178178	195201	132138	127157	131131	175177	157169	126128	198202
466	NA17 SeB	2	240244	178180	203207	130136	133151	119131	177179	161169	116126	192208
467****	NA17 SeD	4	242248	178186	203205	130134	133151	119131	179183	157161	128128	198202
597*	NA18 SeC	4	236250	176180	203209	130136	149159	119135	177183	153171	128130	198204
602	PL01 SeA	17	238240	180186	201203	130130	137151	121131	177177	153169	126132	202208
604*	PL01 SeA	4	240240	180186	203203	134138	137151	111119	175179	153169	136138	198202
356	PL01 SeB	9	238240	180186	201203	130130	137151	121131	177177	153169	126132	202208
606	PL01 SeC	4	238240	178186	197203	126130	151151	111135	177179	169171	124126	198198
473	PL02 SeB	4	238240	180186	201203	130130	137151	121131	177177	153169	126132	202208
474**	PL02 SeB	5	234240	178186	197203	126140	135151	123135	177179	169169	124126	198202
147	PL02 SeC	5	234240	178186	197203	126140	135151	123135	177179	169169	124126	
475**	PL02 SeD	4	240246	180186	187207	132136	137137	135135	177183	153161	116126	200204
362*	PL03 SeC	9	240246	180186	187207	132136	137137	135135	177183	153161	116126	200204
363	PL04 SeA	9	232240	178178	203207	132134	153153	131131	179179	153169	124132	200206
364*	PL04 SeB	9	240244	178188	203207	130132	151153	123131	179179	165169	128132	200200

Individu (ID) [†]	Code de l'échantillon	# poils extraits	Génotypes des individus aux 10 marqueurs considérés									
			G10H	G1D	MU09	MU15	G10L	MU50	G10P	MU23	MU10	G10M
608**	PL04 SeC	5	240244	178188	203207	130132	151153	123131	179179	165169	128132	200200
479	PL04 SeD	duvet	240244	178188	203207	130132	151153	123131	179179	165169	128132	200200
417*	PL05B SeB	10	240240	178178	197203	138138	135159	123135	169183	163169	128128	196202
23*	PL05B SeC	10	240240	178178	197203	138138	135159	123135	169183	163169	128128	196202
371*	PL05B SeD	10	240240	178178	197203	138138	135159	123135	169183	163169	128128	196202
24	PL05C SeB	10	236240	186186	203203	132138	137153	111119	169179	169169	128134	198200
44	PL05C SeB	10	230240	178188	203205	132138	137151	135135	169177	161165	132136	204206
373*	PL05C SeC	8	236240	186186	203203	132138	137153	111119	169179	169169	128134	198200
148	PL05C SeD	3	240248	178178	197205	130136	133159	111133	165177	153153	130136	196204
174	PL06 SeA	9	240250	178182	197203	132132	151151	119135	177183	155163	128130	192202
374*	PL08B SeB	10	236240	180182	203203	138138	151159	119131	177179	169171	128134	198202
481**	PL08C SeB	6	240252	180186	195203	130136	137151	131131	177179	169173	128130	196198
612***	PL08C SeC	4	236236	180186	203203	132138	137151	123131	179179	153161	138138	198202
378	PL08C SeD	7	240252	180186	195203	130136	137151	131131	177179	169173	128130	196198
45	PL08D SeA	10	232232	178178	197203	130138	137149	119131	183185	153155	128128	192198
380*	PL08D SeB	9	232232	178178	197203	130138	137149	119131	183185	153155	128128	192198
514	PL08D SeC	3	232232	178178	197203	130138	137149	119131	183185	153155	128128	192198
516*	PL08D SeC	4	238260	180186	203203	126136	133151	111133	177179	169169	124130	198202
381*	PL08E SeC	10	232236	178184	203205	132140	137137	117135	177179	153163	130136	192198
27	PL09 SeA	10	236240	178178	203205	132138	137137	117119	179185	153153	132136	192198
383*	PL09 SeC	10	236240	178178	203205	132138	137137	117119	179185	153153	132136	192198
386*	PL10 SeB	10	232240	178178	195197	132134	137147	119121	179183	163169	128136	200202
28*	PL10 SeC	10	232240	178178	195197	132134	137147	119121	179183	163169	128136	200202
387*	PL10 SeD	10	232240	178180	201203	132138	151153	131131	169183	169171	116128	196196
40	PL12 SeB	10	236240	180182	203203	138138	151159	119131	177179	169171	128134	198202
132	PL12 SeC	1	232266	186186	201203	134142	135151	119135	179179	153169	116130	202202
615	PL13 SeA	7	240244	178178	197203	132134	151155	111119	175185	161167	128136	198198
394	PL13 SeC	10	232236	178184	203205	132140	137137	117135	177179	153163	130136	192198
487**	PL13 SeD	4	240244	178178	197203	132134	151155	111119	175185	161167	128136	198198
396	PL14 SeB	10	240240	178184	197203	132134	151155	111135	175179	161163	128128	192198
397*	PL14 SeC	10	240240	178184	197203	132134	151155	111135	175179	161163	128128	192198
31*	PL14 SeD	10	232236	178184	203205	132140	137137	117135	177179	153163	130136	192198
13	PL18 SeA	8	232252	178178	193203	132138	151151	111119	175179	161169	116138	196200
400*	PL18 SeB	10	240244	178182	201207	132132	151151	119119	179179	161169	130136	196200
402	PL18 SeC	10	236240	180182	203203	138138	151159	119131	177179	169171	128134	198202

Individu (ID) [†]	Code de l'échantillon	# poils extraits	Génotypes des individus aux 10 marqueurs considérés									
			G10H	G1D	MU09	MU15	G10L	MU50	G10P	MU23	MU10	G10M
403	PL18 SeC	9	240244	178182	201207	132132	151151	119119	179179	161169	130136	196200
32*	PL19 SeA	10	238244	182186	203207	130132	151153	123135	179179	153169	130132	192206
405*	PL19 SeB	10	234238	186186	207209	126140	135151	131131	177183	153161	128136	198200
407*	PL19 SeC	10	230250	178178	203207	132140	151153	119131	169179	161175	128136	200204
175	PL19 SeD	7	240244	178178	197203	132134	151155	111119	175185	161167	128136	198198
492***	PL20 SeA	4	234238	186186	207209	126140	135151	131131	177183	153161	128136	198200
33	PL20 SeB	10	242244	182188	203203	130132	151153	117131	177179	153155	130136	
495**	PL20 SeC	4	244264	182186	197201	130130	153157	111117	179179	153161	128132	192202
619**	PL20 SeD	4	234238	186186	207209	126140	135151	131131	177183	153161	128136	198200
150	ZP01 SeA	6	234238	178188	201203	130142	141155	131135	179179	169169	128138	198204
176	ZP01 SeC	8	238252	178178	195205	130140	133157	111119	173177	157169	120132	198200
177****	ZP02A SeA	8	242266	178178	197203	130138	153157	123125	177183	155163	126134	192200
178	ZP02A SeC	8	242266	178178	197203	130138	153157	123125	177183	155163	126134	192200
179	ZP02A SeD	9	242266	178178	197203	130138	153157	123125	177183	155163	126134	192200
151	ZP02B SeD	5	238252	178178	195205	130140	133157	111119	173177	157169	120132	198200
180	ZP02B SeD	8	242266	178178	197203	130138	153157	123125	177183	155163	126134	192200
3*	ZP02D SeD	9	242266	178178	197203	130138	153157	123125	177183	155163	126134	192200
182*	ZP02E SeA	8	232248	180188	203207	132134	135135	131133	165177	153171	126132	198204
421	ZP02E SeD	10	232248	180188	203207	132134	135135	131133	165177	153171	126132	198204
183	ZP03 SeB	8	240244	182186	187195	138138	145151	119131	177183	157165	130130	198198
184	ZP03 SeC	8	240244	182186	187195	138138	145151	119131	177183	157165	130130	198198
185*	ZP03 SeD	8	242266	178178	197203	130138	153157	123125	177183	155163	126134	192200
49	ZP04 SeA	10	230252	178186	197197	130130	133157	117123	177179	155157	124134	198206
665	ZP04 SeB	4		178184	197205	130136	133151	117117	171179	155167	126138	
666**	ZP04 SeB	4	252260	178178	197197	130140	133157	111117	177179	155167	132134	198198
51*	ZP04 SeC	10	236252	178186	195201	130130	155159	131133	165179	169169	130130	194198
533*	ZP04 SeD	3	230236	174186	197205	130134	133155	123123	177179	155163	134134	196206
54*	ZP05 SeB	10	240252	178186	197207	134138	157157	119129	173177	153157	126130	196204
191	ZP05 SeC	8	238240	178186	203207	132136	147151	111119	173183	153169	130138	200202
192	ZP05 SeD	8	238240	178186	203207	132136	147151	111119	173183	153169	130138	200202
537**	ZP06 SeD	4	232248	180188	203207	132134	135135	131133	165177	153171	126132	198204
423*	ZP07 SeA	10	232260	178188	197207	132132	135151	131133	173177	153157	130132	196198
542	ZP07 SeB	4	232260	178188	197207	132132	135151	131133	173177	153157	130132	196198
55	ZP07 SeC	10	232248	180188	203207	132134	135135	131133	165177	153171	126132	198204
545*	ZP07 SeD	4	232248	180188	203207	132134	135135	131133	165177	153171	126132	198204

Individu (ID) [†]	Code de l'échantillon	# poils extraits	Génotypes des individus aux 10 marqueurs considérés									
			G10H	G1D	MU09	MU15	G10L	MU50	G10P	MU23	MU10	G10M
161*	ZP08 SeD	8	256266	186186	195203	132134	135151	131131	173181	161169	126130	200204
200*	ZP09 SeB	8	232238	186186	197205	134142	147159	133139	173179	157171	130130	200200
58	ZP09 SeC	10	232238	186186	197205	134142	147159	133139	173179	157171	130130	200200
202*	ZP09 SeD	8	232238	186186	197205	134142	147159	133139	173179	157171	130130	200200
59*	ZP11 SeA	10	242258	178186	203203	128142	133137	131133	173179	157169	130138	192198
204	ZP11 SeB	8	252266	180188	207207	134140	155155	117119	165179	153157	128130	198198
205	ZP11 SeB	8	242258	178186	203203	128142	133137	131133	173179	157169	130138	192198
206	ZP11 SeC	10	242258	178186	203203	128142	133137	131133	173179	157169	130138	192198
62	ZP11 SeD	10	238248	178178	203205	130142	133151	119123	175179	171175	130134	194198
207	ZP12 SeB	8	244254	186188	203207	132132	137159	131133	165183	155155	116124	200202
63*	ZP12 SeC	10	244254	186188	203207	132132	137159	131133	165183	155155	116124	200202
210	ZP12 SeD	8	244254	180188	203205	132132	157159	123131	165169	155167	116130	192200
162*	ZP13 SeA	8	250254	178186	197197	130138	133133	123141	165173	155155	124126	192204
65	ZP13 SeB	10	250254	178186	197197	130138	133133	123141	165173	155155	124126	192204
164	ZP13 SeD	7	250254	178186	197197	130138	133133	123141	165173	155155	124126	192204
212*	ZP14 SeC	8	256266	186186	195203	132134	135151	131131	173181	161169	126130	200204
213*	ZP15A SeA	8	240252	178186	197207	134138	157157	119129	173177	153157	126130	196204
215	ZP15A SeB	8	240252	178186	197207	134138	157157	119129	173177	153157	126130	196204
67*	ZP15A SeC	10	238250	178186	201205	130134	135151	131133	175177	161169	116128	198204
136	ZP15A SeD	3	252254	176178	203203	134138	133137	111131	177177	167169	130130	198198
216	ZP15B SeA	8	238254	178186	205207	134134	149157	119123	171177	153157	128132	192198
217*	ZP15B SeB	8	238252	178186	201205	130142	147155	125139	173179	165169	130134	194200
70	ZP15B SeC	10	240260	178178	203207	130134	141151	117119	177179	155167	128136	194200
137	ZP15B SeD	3	238252	178186	201205	130142	147155	125139	173179	165169	130134	194200
219	ZP15B SeD	8	238254	178186	205207	134134	149157	119123	171177	153157	128132	192198
71*	ZP15C SeA	10	240252	178186	197207	134138	157157	119129	173177	153157	126130	196204
221	ZP15C SeB	8	240252	178186	197207	134138	157157	119129	173177	153157	126130	196204
153	ZP15C SeC	6	238252	178186	201205	130142	147155	125139	173179	165169	130134	194200
222*	ZP15D SeA	8	238248	176178	203205	128142	137151	119135	181183	169169	134138	198202
224	ZP15D SeD	8	238248	176178	203205	128142	137151	119135	181183	169169	134138	198202
73	ZP15E SeB	10	252266	178186	201201	130140	155155	111125	179181	163165	128130	196200
550***	ZP15E SeC	7	252266	178186	201201	130140	155155	111125	179181	163165	128130	196200
555*	ZP15E SeD	4	250266	180186	201205	138140	135155	111123	177181	161165	126130	192200
75	ZP16 SeA	10	232262	178178	203203	130138	133153	117119	173179	153169	128132	194200
558	ZP16 SeC	2	232262	178178	203203	130138	133153	117119	173179	153169	128132	194200

Individu (ID) [†]	Code de l'échantillon	# poils extraits	Génotypes des individus aux 10 marqueurs considérés									
			<i>G10H</i>	<i>G1D</i>	<i>MU09</i>	<i>MU15</i>	<i>G10L</i>	<i>MU50</i>	<i>G10P</i>	<i>MU23</i>	<i>MU10</i>	<i>G10M</i>
559	ZP16 SeC	6	232240	178188	197203	138142	135153	117131	173177	153171	128132	
231*	ZP18 SeB	8	254256	178178	207207	136138	137151	111131	179183	169171	124132	192198
233	ZP18 SeC	8	254256	178178	207207	136138	137151	111131	179183	169171	124132	192198
234	ZP19 SeA	8	238254	178186	205207	134134	149157	119123	171177	153157	128132	192198
416	ZP19 SeA	10	248254	178188	197205	130134	151165	131131	173177	169169	124126	198204
235	ZP19 SeB	8	248254	178188	197205	130134			173177	169169	124126	198204
504*	ZP19 SeC	5	248254	178188	197205	130134	151165	131131	173177	169169	124126	198204
420	ZP19 SeD	10	248254	178188	197205	130134	151165	131131	173177	169169	124126	198204
77*	ZP20 SeA	10	240252	178186	201205	140142	151155	123125	173179	163169	128130	194196
239*	ZP20 SeB	8	240252	178186	201205	140142	151155	123125	173179	163169	128130	194196
79*	ZP20 SeD	10	236260	178178	191205	130130	135151	119131	171177	161167	128128	192204

[†] Le nombre d'astérisques accompagnant le numéro d'identification de 113 échantillons fait référence au nombre d'extractions **supplémentaires** dans lesquelles le génotype a été reproduit deux fois (échantillons gauche-droite ou extractions multiples d'ADN dans le cas des échantillons mixtes).

Annexe 5. Identification des 26 individus dont le génotype est inconnu.

Individu (ID)	Code de l'échantillon	# poils extraits	Individu (ID)	Code de l'échantillon	# poils extraits
116	BF01 SeD	1	593 / 341	NA09 SeD	3, 9
256	BF07A SeD	9	345 / 344	NA13A SeD	9, 9
631 / 156	BF10 SeD	5, 5	349	NA13C SeC	5
330	CW09 SeA	10	369	PL05B SeA	10 (duvet)
144	CW14 SeB	3	384	PL09 SeD	7 (duvet)
120	LD01 SeA	1	389	PL12 SeA	10 (duvet)
303 / 121	LD01 SeB	9, 1	393	PL13 SeB	10
122	LD03 SeD	1	109	ZP02C SeD	1
640	LD09 SeD	10 (duvet)	163	ZP13 SeC	10
318	LD11E SeA	9	111	ZP14 SeD	1
651	LD15D SeC	1	114 / 113	ZP15C SeD	2
142	LD18 SeA	3	115	ZP16 SeD	1
143	LD18 SeB	3	242 / 241	ZP20 SeC	10, 8

Annexe 6. Identification des 151 génotypes uniques identifiés parmi les 256 génotypes analysés. Le sexe des individus est également présenté. Les histoires de capture de chaque individu, utilisées dans le programme MARK (White et Burnham 1999), sont représentées dans la colonne de droite (1 : capture de l'individu, 0 : absence de l'individu). Les données manquantes sont représentées par un espace vide.

Individu	Génotypes des individus aux 10 marqueurs considérés										Capture (code de la station)	Cas de recapture(s) (code de la station)	Historique de capture
	G10H	G1D	MU09	MU15	G10L	MU50	G10P	MU23	MU10	G10M			
1 (♂)	240260	180180	197205	130134	133147	119133	177177	153157	130134	196202	BF01 SeB		0-1-0-0
2 (♂)	240240	178186	203205	128142	133155	131133	169173	157169	130138	198198	BF03 SeA		1-0-0-0
3 (♂)	238246	178186	197197	130138	151151	119139	177179	153171	126128	196204	BF03 SeA		1-0-0-0
4 (♂)	234236	180186	191203	130134	137151	119123	173179	157165	116126	198198	BF03 SeB		0-1-0-0
5 (♂)	234244	178188	195203	130132	151153	117117	173177	157169	120124	194200	BF03 SeB		0-1-0-0
6 (♂)	234246	174186	197203	130132	147151	119129	163177	153155	116126	198200	BF03 SeC / BF07D SeC	BF04 SeD	0-0-1-1
7 (♀)	258264	178188	203207	130138	155157	131133	175177	157165	126128	196202	BF05 SeA		1-0-0-0
8 (♀)	236264	178178	197197	130134	151157	121133	175183	169171	126136	196200	BF05 SeB	BF05 SeC, BF05 SeD	0-1-1-1
9 (♂)	262270	178186	197207	130130	133153	117131	169177	153169	128134	192202	BF05 SeB	BF01 SeC	0-1-1-0
10 (♂)	234254	178180	195197	130134	133153	123133	179181	171171	126134	198198	BF06 SeB		0-1-0-0
11 (♀)	240258	186188	197207	130130	151157	131141	169175	157167	128138	198200	BF06 SeC	BF06 SeD	0-0-1-1
12 (♂)	234236	178180	203209	138142	155159	123131	179179	157157	128136	198198	BF07A SeA	BF07A SeC	1-0-1-0
13 (♀)	240252	178178	195203	140142	133159	123133	165171	157167	124130	198200	BF07A SeB		0-1-0-0
14 (♀)	240254	174186	205207	132138	135137	119139	179181	157165	126136	200204	BF08 SeA	BF08 SeB	1-1-0-0
15 (♀)	240252	178186	205209	138138	151165	117133	177177	157171	128136	200202	BF08 SeC	BF08 SeD	0-0-1-1
16 (♂)	250260	188188	197203	130132	135153	111117	165179	153157	126126	194202	BF09 SeA		1-0-0-0
17 (♂)	252264	180186	203207	132132	137159	123139	173183	153165	128128	200202	BF09 SeC		0-0-1-0
18 (♂)	232260	178180	207209	128130	135151	111131	173179	157169	128136	202204	BF09 SeD		0-0-0-1
19 (♂)	240240	178190	197197	130138	155159	117139	165177	153153	128134	198202	BF10 SeA		1-0-0-0
20 (♂)	230234	178186	197209	130132	151157	133135	177179	169169	126138	192204	BF10 SeC		0-0-1-0
21 (♀)	234264	178186	207207	130140	137155	111135	179179	157163	130136	192202	BF12 SeC	BF12 SeD	0-0-1-1
22 (♀)	234256	182184	197203	130134	137149	131131	177177	153157	128136	196202	BF15 SeB	BF15 SeD	0-1-0-1
23 (♀)	240248	178180	203207	132138	135151	117119	179179	157171	130130	198200	BF15 SeC		0-0-1-0
24 (♂)	232264	178180	197197	132134	153155	119135	179179	167167	116130	196198	BF16 SeA		1-0-0-0
25 (♂)	254264	180186	203205	128130	133133	119125	173179	155167	134134	192196	BF16 SeB		0-1-0-0
26 (♀)	238250	178180	197197	130134	149151	123131	171171	155171	128130	194200	BF16 SeC		0-0-1-0
27 (♀)	240270	176178	207207	130142	135155	117123	173179	153171	130132	200204	BF16 SeD		0-0-0-1
28 (♀)	234238	178182	197201	130138	133133	111131	173177	153165	126130	196202	BF17 SeC		0-0-1-0
29 (♀)	238248	176186	197205	128136	137137	123135	181181	153169	130134	200202	BF17 SeD		0-0-0-1
30 (♀)	248254	184188	197207	134136	155155	123131	171177	165171	116132	198204	BF18A SeA		1-0-0-0
31 (♀)	248256	186186	197207	142142	135147	117123	179183	169169	128134	196204	BF18A SeB		0-1-0-0
32 (♂)	238260	178178	203205	130136	149155	119119	177181	163167	120126	192200	BF18A SeC		0-0-1-0
33 (♂)	242262	178186	205207	132136	137153	111123	177179	157165	130136	192202	BF18B SeA	BF13 SeB, BF18B SeB, BF17 SeC, BF13 SeD	1-1-1-1
34 (♂)	238250	184188	197201	130132	147151	123131	171171	157167	126128	198200	BF18B SeC		0-0-1-0
35 (♀)	236258	174180	201205	132142	133159	119133	177183	163173	124134	198198	BF18B SeD		0-0-0-1
36 (♂)	254258	178186	207207	130130	151151	123141	177181	165167	124128	202204	BF18C SeA		1-0-0-0
37 (♀)	240254	182186	203203	130138	133135	131133	179183	153153	134136	198198	BF18C SeB	BF18E SeD	0-1-0-1
38* (♂)	238248	178182	197203	130134	151151	119123	179183	153169	128134	194200	BF18C SeC	BF18C SeD	0-0-1-1
39 (♀)	232246	178178	197207	128130	149153	123135	169171	167171	130136	192200	BF18D SeB		0-1-0-0
40 (♂)	246256	178186	197201	130142	135149	117135	171179	169171	132136	192204	BF18D SeC		0-0-1-0
41 (♀)	240262	182186	203207	132138	135137	111133	179183	153157	134136	198202	BF18E SeA	BF18E SeB, BF18E SeC	1-1-1-0
42 (♀)	254264	184186	205207	130134	133155	119123	171179	155163	130134	196196	BF19 SeA		1-0-0-0

Individu	Génotypes des individus aux 10 marqueurs considérés										Capture (code de la station)	Cas de recapture(s) (code de la station)	Historique de capture
	G10H	G1D	MU09	MU15	G10L	MU50	G10P	MU23	MU10	G10M			
43 (♀)	254264	178184	203205	134142	133133	111123	171173	155167	132134	196200	BF19 SeB	BF19 SeC, BF19 SeD	0-1-1-1
44 (♀)	248254	176182	197203	130138	133151	131133	169177	171175	130134	198200	BF20 SeB	BF20 SeC	0-1-1-0
45 (♀)	236256	178178	197201	130142	135157	119131	163177	153171	132138	196204	BF20 SeD		0-0-0-1
46 (♀)	238260	174174	207209	130130	135155	119135	177179	153157	128134	200200	CW03 SeC	CW03 SeD	0-0-1-1
47 (♀)	244252	186186	197203	130130	147151	133135	179179	157169	126128	202204	CW04 SeB	CW04 SeC	0-1-1-0
48 (♀)	258260	174180	197201	130134	147155	123135	179179	157165	130132	196200	CW08 SeA		1-0-0-0
49 (♀)	254258	178178	197207	138140	147153	119123	177179	157161	130132	196202	CW09 SeB		0-1-0-0
50 (♀)	240240	178188	195195	134134	133149	131137	173179	161169	130132	196198	CW12 SeA	CW12 SeC, CW12 SeD	1-0-1-1
51 (♂)	232254	178180	197203	134142	153155	133133	179181	163165	126128	204204	CW12 SeC		0-0-1-0
52 (♂)	260266	178186	193201	130142	151153	117119	173179	165169	130130	196200	CW16A SeA	CW16A SeC	1-0-1-0
53 (♀)	260264	174186	197203	130130	137151	119119	179179	153169	126132	192198	CW16D SeA		1-0-0-0
54 (♀)	238244	182188	203203	130130	153159	119135	179179	153153	116128	196200	CW18 SeC		0-0-1-0
55 (♀)	250254	186186	197205	130132	147151	119123	177181	161163	138138	192196	LD03 SeA	LD03 SeB	1-1-0-0
56 (♀)	248254	178188	197207	130132	135153	129131	177181	153157	130138	198200	LD03 SeC		0-0-1-0
57 (♂)	230250	178184	197207	134136	153153	123125	179181	167169	128138	192204	LD04 SeA		1-0-0-0
58 (♂)	252254	178178	203207	130130	135153	129131	179181	157157	130138	196198	LD04 SeC	LD04 SeD	0-0-1-1
59 (♂)	238240	178180	193197	134136	137147	117133	177177	155157	130134	198200	LD04 SeD		0-0-0-1
60 (♂)	250260	186186	193205	130130	147157	123123	177177	153161	128138	192198	LD05 SeB		0-1-0-0
61 (♀)	232254	178186	203203	130140	135137	129131	179179	157165	136138	192198	LD07 SeA / LD08 SeA	LD08 SeB, LD07 SeC, LD08 SeC, LD07 SeD, LD08 SeD	1-1-1-1
62 (♂)	240258	178178	193205	130138	137151	123131	173183	153157	124130	192198	LD07 SeB		0-1-0-0
63 (♂)	240256	186186	191197	130132	137153	119125	177183	167169	116136	204204	LD08 SeB		0-1-0-0
64 (♂)	258264	178190	197201	132134	151151	119123	173179	157171	128138	196200	LD09 SeA	LD09 SeB	1-1-0-0
65 (♂)	238264	174190	207207	130132	135149	111131	179181	153153	126126	204204	LD10 SeB		0-1-0-0
66 (♂)	240264	178186	197203	130130	151153	123131	177179	155167	126130	200204	LD11D SeB		0-1-0-0
67 (♀)	250266	178186	201203	132138	135153	123131	173177	153157	128132	198204	LD11D SeC		0-0-1-0
68 (♀)	238266	178178	197197	130134	133151	125137	177179	155169	126132	196198	LD11E SeB		0-1-0-0
69 (♀)	232244	178186	197197	130130		131135	179181	157165	116136	192200	LD13 SeD		0-0-0-1
70 (♂)	240264	178180	191205	128130	133151	131133	165177	153169	132136	198198	LD15B SeA	LD15A SeB, LD15A SeD, LD15B SeD	1-1-0-1
71 (♀)	240252	186188	197207	130132	149151	123131	181181	153163	134138	200204	LD15C SeB	LD15C SeC	0-1-1-0
72 (♀)	244244	186188	197203	132134	149151	131131	177181	157169	116134	192196	LD15D SeB		0-1-0-0
73* (♂)	238252	186190	203205	132136	133147	123123	173177	161171	126130	198202	LD19 SeB	LD15C SeD	0-1-0-1
74 (♂)	238240	176178	197197	130134	137149	119123	171179	155161	130136	198200	LD19 SeC		0-0-1-0
75 (♂)	240260	186186	193197	130140	149151	117123	177177	161171	130138	192198	LD19 SeD		0-0-0-1
76 (♂)	230266	178186	203203	130136	135151	119119	177179	161169	130136	200202	NA01 SeA		1-0-0-0
77 (♀)	230240	178180	203203	130132	135135	117119	175177	153155	130138	198204	NA05A SeB		0-1-0-0
78 (♂)	236260	178180	207209	128130	151157	131133	177177	169169	130136	200204	NA05D SeC		0-0-1-0
79 (♂)	244256	186188	201203	130134	133137	117123	177179	165169	128136	198200	NA09 SeD		0-0-0-1
80 (♂)	230240	178182	203209	130134	157159	113135	177177	167171	116130	192198	NA13B SeD		0-0-0-1
81 (♂)	240262	186186	201203	130132	133133	123131	179183	161161	116130	198200	NA13A SeB / NA13C SeB	NA13A SeC, NA13C SeD	0-1-1-1
82 (♀)	238238	178178	195201	132138	127157	131131	175177	157169	126128	198202	NA16 SeB		0-1-0-0
83 (♂)	240244	178180	203207	130136	133151	119131	177179	161169	116126	192208	NA17 SeB		0-1-0-0
84 (♀)	242248	178186	203205	130134	133151	119131	179183	157161	128128	198202	NA17 SeD		0-0-0-1
85 (♂)	236250	176180	203209	130136	149159	119135	177183	153171	128130	198204	NA18 SeC		0-0-1-0
86 (♂)	238240	180186	201203	130130	137151	121131	177177	153169	126132	202208	PL01 SeA	PL01 SeB, PL02 SeB	1-1-0-0
87 (♀)	240240	180186	203203	134138	137151	111119	175179	153169	136138	198202	PL01 SeA		1-0-0-0

Individu	Génotypes des individus aux 10 marqueurs considérés										Capture (code de la station)	Cas de recapture(s) (code de la station)	Historique de capture
	G10H	G1D	MU09	MU15	G10L	MU50	G10P	MU23	MU10	G10M			
88 (♂)	238240	178186	197203	126130	151151	111135	177179	169171	124126	198198	PL01 SeC		0-0-1-0
89 (♀)	234240	178186	197203	126140	135151	123135	177179	169169	124126	198202	PL02 SeB	PL02 SeC	0-1-1-0
90 (♀)	240246	180186	187207	132136	137137	135135	177183	153161	116126	200204	PL03 SeC	PL02 SeD	0-0-1-1
91 (♀)	232240	178178	203207	132134	153153	131131	179179	153169	124132	200206	PL04 SeA		1-0-0-0
92 (♀)	240244	178188	203207	130132	151153	123131	179179	165169	128132	200200	PL04 SeB	PL04 SeC, PL04 SeD	0-1-1-1
93 (♀)	240240	178178	197203	138138	135159	123135	169183	163169	128128	196202	PL05B SeB	PL05B SeC, PL05B SeD	0-1-1-1
94 (♀)	236240	186186	203203	132138	137153	111119	169179	169169	128134	198200	PL05C SeB	PL05C SeC	0-1-1-0
95 (♂)	230240	178188	203205	132138	137151	135135	169177	161165	132136	204206	PL05C SeB		0-1-0-0
96 (♂)	240248	178178	197205	130136	133159	111133	165177	153153	130136	196204	PL05C SeD		0-0-0-1
97 (♀)	240250	178182	197203	132132	151151	119135	177183	155163	128130	192202	PL06 SeA		1-0-0-0
98 (♂)	236240	180182	203203	138138	151159	119131	177179	169171	128134	198202	PL08B SeB / PL12 SeB	PL18 SeC	0-1-1-0
99 (♂)	240252	180186	195203	130136	137151	131131	177179	169173	128130	196198	PL08C SeB	PL08C SeD	0-1-0-1
100 (♀)	236236	180186	203203	132138	137151	123131	179179	153161	138138	198202	PL08C SeC		0-0-1-0
101 (♀)	232232	178178	197203	130138	137149	119131	183185	153155	128128	192198	PL08D SeA	PL08D SeB, PL08D SeC	1-1-1-0
102 (♀)	238260	180186	203203	126136	133151	111133	177179	169169	124130	198202	PL08D SeC		0-0-1-0
103 (♂)	232236	178184	203205	132140	137137	117135	177179	153163	130136	192198	PL08E SeC / PL13 SeC	PL14 SeD	0-0-1-1
104 (♂)	236240	178178	203205	132138	137137	117119	179185	153153	132136	192198	PL09 SeA	PL09 SeC	1-0-1-0
105 (♀)	232240	178178	195197	132134	137147	119121	179183	163169	128136	200202	PL10 SeB	PL10 SeC	0-1-1-0
106 (♂)	232240	178180	201203	132138	151153	131131	169183	169171	116128	196196	PL10 SeD		0-0-0-1
107 (♂)	232266	186186	201203	134142	135151	119135	179179	153169	116130	202202	PL12 SeC		0-0-1-0
108 (♂)	240244	178178	197203	132134	151155	111119	175185	161167	128136	198198	PL13 SeA	PL13 SeD, PL19 SeD	1-0-0-1
109 (♀)	240240	178184	197203	132134	151155	111135	175179	161163	128128	192198	PL14 SeB	PL14 SeC	0-1-1-0
110 (♂)	232252	178178	193203	132138	151151	111119	175179	161169	116138	196200	PL18 SeA		1-0-0-0
111 (♀)	240244	178182	201207	132132	151151	119119	179179	161169	130136	196200	PL18 SeB	PL18 SeC	0-1-1-0
112 (♀)	238244	182186	203207	130132	151153	123135	179179	153169	130132	192206	PL19 SeA		1-0-0-0
113 (♂)	230250	178178	203207	132140	151153	119131	169179	161175	128136	200204	PL19 SeC		0-0-1-0
114 (♂)	234238	186186	207209	126140	135151	131131	177183	153161	128136	198200	PL20 SeA	PL19 SeB, PL20 SeD	1-1-0-1
115 (♀)	242244	182188	203203	130132	151153	117131	177179	153155	130136		PL20 SeB		0-1-0-0
116 (♀)	244264	182186	197201	130130	153157	111117	179179	153161	128132	192202	PL20 SeC		0-0-1-0
117 (♂)	234238	178188	201203	130142	141155	131135	179179	169169	128138	198204	ZP01 SeA		1-0-0-0
118 (♀)	238252	178178	195205	130140	133157	111119	173177	157169	120132	198200	ZP01 SeC	ZP02B SeD	0-0-1-1
119 (♀)	242266	178178	197203	130138	153157	123125	177183	155163	126134	192200	ZP02A SeA	ZP02A SeC, ZP02A SeD, ZP02B SeD, ZP02D SeD, ZP03 SeD	1-0-1-1
120 (♀)	232248	180188	203207	132134	135135	131133	165177	153171	126132	198204	ZP02E SeA	ZP07 SeC, ZP02E SeD, ZP06 SeD, ZP07 SeD	1-0-1-1
121 (♀)	240244	182186	187195	138138	145151	119131	177183	157165	130130	198198	ZP03 SeB	ZP03 SeC	0-1-1-0
122 (♀)	230252	178186	197197	130130	133157	117123	177179	155157	124134	198206	ZP04 SeA		1-0-0-0
123 (♀)		178184	197205	130136	133151	117117	171179	155167	126138		ZP04 SeB		0-1-0-0
124 (♂)	252260	178178	197197	130140	133157	111117	177179	155167	132134	198198	ZP04 SeB		0-1-0-0
125 (♀)	236252	178186	195201	130130	155159	131133	165179	169169	130130	194198	ZP04 SeC		0-0-1-0
126 (♀)	230236	174186	197205	130134	133155	123123	177179	155163	134134	196206	ZP04 SeD		0-0-0-1
127 (♂)	238240	178186	203207	132136	147151	111119	173183	153169	130138	200202	ZP05 SeC	ZP05 SeD	0-0-1-1
128 (♀)	232260	178188	197207	132132	135151	131133	173177	153157	130132	196198	ZP07 SeA	ZP07 SeB	1-1-0-0
129 (♀)	232238	186186	197205	134142	147159	133139	173179	157171	130130	200200	ZP09 SeB	ZP09 SeC, ZP09 SeD	0-1-1-1
130 (♂)	242258	178186	203203	128142	133137	131133	173179	157169	130138	192198	ZP11 SeA	ZP11 SeB, ZP11 SeC	1-1-1-0
131 (♂)	252266	180188	207207	134140	155155	117119	165179	153157	128130	198198	ZP11 SeB		0-1-0-0
132 (♂)	238248	178178	203205	130142	133151	119123	175179	171175	130134	194198	ZP11 SeD		0-0-0-1

Individu	Génotypes des individus aux 10 marqueurs considérés										Capture (code de la station)	Cas de recapture(s) (code de la station)	Historique de capture
	G10H	G1D	MU09	MU15	G10L	MU50	G10P	MU23	MU10	G10M			
133 (♀)	244254	186188	203207	132132	137159	131133	165183	155155	116124	200202	ZP12 SeB	ZP12 SeC	0-1-1-0
134 (♀)	244254	180188	203205	132132	157159	123131	165169	155167	116130	192200	ZP12 SeD		0-0-0-1
135 (♀)	250254	178186	197197	130138	133133	123141	165173	155155	124126	192204	ZP13 SeA	ZP13 SeB, ZP13 SeD	1-1-0-1
136 (♀)	256266	186186	195203	132134	135151	131131	173181	161169	126130	200204	ZP14 SeC	ZP08 SeD	0-0-1-1
137 (♂)	240252	178186	197207	134138	157157	119129	173177	153157	126130	196204	ZP15A SeA / ZP15C SeA	ZP05 SeB, ZP15A SeB, ZP15C SeB	1-1-0-0
138 (♂)	238250	178186	201205	130134	135151	131133	175177	161169	116128	198204	ZP15A SeC		0-0-1-0
139 (♂)	252254	176178	203203	134138	133137	111131	177177	167169	130130	198198	ZP15A SeD		0-0-0-1
140 (♀)	238254	178186	205207	134134	149157	119123	171177	153157	128132	192198	ZP15B SeA / ZP19 SeA	ZP15B SeD	1-0-0-1
141 (♀)	238252	178186	201205	130142	147155	125139	173179	165169	130134	194200	ZP15B SeB	ZP15C SeC, ZP15B SeD	0-1-1-1
142 (♀)	240260	178178	203207	130134	141151	117119	177179	155167	128136	194200	ZP15B SeC		0-0-1-0
143 (♀)	238248	176178	203205	128142	137151	119135	181183	169169	134138	198202	ZP15D SeA	ZP15D SeD	1-0-0-1
144 (♀)	252266	178186	201201	130140	155155	111125	179181	163165	128130	196200	ZP15E SeB	ZP15E SeC	0-1-1-0
145 (♀)	250266	180186	201205	138140	135155	111123	177181	161165	126130	192200	ZP15E SeD		0-0-0-1
146 (♀)	232262	178178	203203	130138	133153	117119	173179	153169	128132	194200	ZP16 SeA	ZP16 SeC	1-0-1-0
147 (♂)	232240	178188	197203	138142	135153	117131	173177	153171	128132		ZP16 SeC		0-0-1-0
148 (♀)	254256	178178	207207	136138	137151	111131	179183	169171	124132	192198	ZP18 SeB	ZP18 SeC	0-1-1-0
149 (♀)	248254	178188	197205	130134	151165	131131	173177	169169	124126	198204	ZP19 SeA	ZP19 SeB, ZP19 SeC, ZP19 SeD	1-1-1-1
150 (♀)	240252	178186	201205	140142	151155	123125	173179	163169	128130	194196	ZP20 SeA	ZP20 SeB	1-1-0-0
151 (♀)	236260	178178	191205	130130	135151	119131	171177	161167	128128	192204	ZP20 SeD		0-0-0-1

* Le génotype des "recaptures" de ces individus était identique au génotype présenté sauf à un allèle d'un locus; nous supposons qu'il s'agit du même individu et que ce résultat provient d'une erreur de génotypage.