

Inventaire de l'ours noir dans l'érablière à bouleau jaune en Outaouais – Secteur du lac Dumont

Rapport d'inventaire – Été 2022



Coordination et rédaction

Cette publication a été réalisée par la Direction principale de l'expertise sur la faune terrestre et la Direction de la gestion de la faune de l'Outaouais du ministère de l'Environnement, de la Lutte contre les changements climatiques, de la Faune et des Parcs (MELCCFP). Elle a été produite par la Direction des communications du MELCCFP.

Équipe de réalisation

Auteurs : Christian Dussault, biologiste, Ph. D., Direction de la gestion des espèces et des habitats terrestres, MELCCFP

Kathleen Bédard, biologiste, Direction de la gestion des espèces et des habitats terrestres, MELCCFP

André Dumont, biologiste, Ph. D., Direction de la gestion de la faune de l'Outaouais, MELCCFP

Aurélien Renard, biologiste, M. Sc., Direction de la gestion des espèces et des habitats terrestres, MELCCFP

Sandra Hamel, professeure, Ph. D., Département de biologie, Université Laval

Renseignements

Téléphone : 418 521-3830

1 800 561-1616 (sans frais)

Internet : www.environnement.gouv.qc.ca

Référence à citer

C. DUSSAULT, K. BÉDARD, A. DUMONT, A. RENARD et S. HAMEL (2024). *Inventaire de l'ours noir dans l'érablière à bouleau jaune en Outaouais – Secteur du lac Dumont : rapport d'inventaire, été 2022*, Québec, Direction principale de l'expertise sur la faune terrestre, Direction générale de la gestion de la faune, ministère de l'Environnement, de la Lutte contre les changements climatiques, de la Faune et des Parcs, 27 p.

Photo de couverture : MELCCFP

Dépôt légal – 2025

Bibliothèque et Archives nationales du Québec

ISBN 978-2-555-00571-6 (PDF)

Tous droits réservés pour tous les pays.

© Gouvernement du Québec – 2025

Résumé

Ce document présente les résultats d'un inventaire de l'ours noir (*Ursus americanus*) réalisé en 2022 dans l'érablière à bouleau jaune en Outaouais, dans un secteur d'environ 760 km² situé au nord de la municipalité d'Otter Lake. La technique d'inventaire utilisée est celle de capture-marquage-recapture avec reconnaissance individuelle par génotypage des poils. Nous assumons que les oursons de l'année n'ont pas été échantillonnés par le dispositif utilisé.

Toutes les étapes de l'inventaire ont été réalisées avec succès. Soixante-dix-sept pour cent (77/100) des stations de collecte de poils ont été visitées par un ours au moins une fois au cours des cinq semaines de l'inventaire. Les analyses génétiques ont permis de déterminer que 57 mâles et 58 femelles (115 génotypes) ont visité au moins une fois une des stations. Les ours ont été capturés d'une à treize fois chacun, et la plupart des recaptures ont eu lieu dans une station voisine située à moins de 5 km de la station où est survenue la capture initiale.

Nous avons estimé la densité dans le secteur d'étude à 2,63 ours d'un an ou plus par 10 km² à l'aide de modèles spatialement explicites (intervalle de confiance [IC] à 90 % = 1,85 à 3,40, précision = 29 %). Cette densité semble inférieure à celle qui a été estimée en 2014 dans le même secteur (3,45 ours/10 km²; IC 90 % = 2,53 à 4,37). Selon les données enregistrées dans le Système d'enregistrement de la faune au Québec (SEFAQ) lors des saisons de récolte antérieures à l'inventaire (2017 à 2021, sauf l'année 2020 où la récolte était atypique en raison de la COVID-19), le taux d'exploitation annuel moyen de la population dans le secteur d'inventaire peut être estimé à environ 15,7 % (entre 22,3 % et 12,2 %, selon que l'on utilise la marge inférieure ou supérieure de l'intervalle de confiance de la densité). Les données de SEFAQ suggèrent que la récolte est à la hausse dans ce secteur depuis 2010, bien qu'elle soit variable d'une année à l'autre. Le taux d'exploitation semble plus élevé que l'objectif de 12 % qui correspond au potentiel de croissance théorique maximal pour la zone de chasse 10 en l'absence de prélèvement, et pourrait faire partie des divers facteurs pouvant expliquer une baisse de densité depuis le dernier inventaire. De plus, un taux de mortalité additionnel associé au contrôle de la déprédation et à des actes de braconnage pourrait influencer la dynamique de cette population.

Table des matières

Résumé	ii
Table des matières	iii
Liste des tableaux	iv
Liste des figures	v
Remerciements	vi
1. Introduction	1
2. Site d'étude	1
3. Méthodes	2
3.1 Établissement des stations	2
3.2 Utilisation des leurres et visites des stations pour la collecte des poils	3
3.3 Analyses génétiques	7
3.4 Analyses statistiques	9
4. Résultats	9
5. Discussion	14
6. Références bibliographiques	16
Annexes	19

Liste des tableaux

TABLEAU 1	Nombre d'ours d'un an ou plus (selon les analyses génétiques) capturés et recapturés chaque semaine de l'inventaire. Certains ours ont été capturés à plus d'une station lors de la même semaine d'échantillonnage (ours capturés plusieurs fois).....	10
TABLEAU 2	Caractéristiques des 7 locus microsatellites basées sur les 115 individus identifiés.....	12
TABLEAU 3	Distribution de fréquence du nombre de captures par ours, y compris les recaptures du même ours à plus d'une station lors de la même semaine d'échantillonnage	12
TABLEAU 4	Résultats des modèles de capture-recapture spatialement explicites évalués pour estimer la densité d'ours d'un an ou plus. Chaque modèle est présenté avec le nombre de paramètres (K), le critère d'information d'Akaike corrigé pour la faible taille d'échantillon (AICc), la différence avec le modèle ayant l'AICc le plus faible ($\Delta AICc$), le poids AICc (w_i) ainsi que l'estimation de densité avec son intervalle de confiance à 90 %. Les modèles supportés ($\Delta AICc < 10$) ayant servi à l'estimation finale de la densité grâce à un modèle moyen (<i>model averaging</i>) sont en caractères gras dans le tableau. La description complète des modèles est présentée à l'annexe 6.....	14

Liste des figures

FIGURE 1	Carte du secteur d'étude montrant les cellules de la grille d'échantillonnage, les stations de collecte de poils, les principaux plans d'eau et les voies d'accès.....	5
FIGURE 2	Schéma illustrant une station typique de collecte de poils. Les deux fils barbelés étaient accrochés à au moins quatre arbres et des broches étaient utilisées dans chaque coin pour augmenter la tension. Un arbre situé à au moins 2 m du contour de la station était choisi pour supporter les boîtes de sardines.	6
FIGURE 3	Schéma montrant la disposition des appâts.	6
FIGURE 4	Schéma illustrant la façon d'identifier les échantillons de poils collectés aux stations. Les échantillons étaient entreposés individuellement dans des enveloppes en papier et ils étaient identifiés de façon séquentielle avec une lettre (A, B, C... Y, Z, AA, AB...) et selon la présence d'un autre échantillon à proximité. Dans cet exemple, l'échantillon B-B (A) était situé à une pointe de barbelé de l'échantillon A alors que l'échantillon H-C était situé à plus d'une pointe de barbelé de l'échantillon B. Deux échantillons situés sur deux tronçons différents (donc n'étant pas situés entre deux mêmes arbres) ou étant situés à une distance équivalant à plus d'une pointe de barbelé ne devaient pas être associés. Voir la section 3.2 pour plus de détails.	8
FIGURE 5	Carte du secteur d'étude montrant le nombre d'ours différents détectés dans les cellules de la grille d'échantillonnage pour la durée totale du projet.	11
FIGURE 6	Distribution de fréquence de la distance (km) entre la recapture d'un ours et le site de sa capture initiale.	13

Remerciements

Nous remercions sincèrement toutes les personnes qui ont participé aux différentes phases du projet. Soulignons l'excellent travail de l'équipe sur le terrain : Marilou Côté, Dominic Grenier, Sinah Hausmann, Tyler Miller, Simon Pelletier et Martin Plante. Les analyses génétiques ont été réalisées par l'équipe du Dr David Paetkau de Wildlife Genetics International.

1. Introduction

Depuis 2012, le gouvernement du Québec s'est engagé dans un vaste projet d'acquisition de connaissances sur l'ours noir (*Ursus americanus*) visant à mieux comprendre cette espèce et à en faire une gestion durable. Puisque l'ours noir est une espèce dont la dynamique de population est influencée par la disponibilité des ressources (Obbard et Howe, 2008; Bridges et collab., 2011), les secteurs choisis pour cette étude sont répartis dans quatre domaines bioclimatiques représentatifs des forêts du sud du Québec (annexe 1). Ces secteurs possèdent des caractéristiques variées en matière de végétation et de conditions météorologiques, ce qui permet d'étudier le comportement et la reproduction des ours dans des milieux où la quantité et la qualité des ressources alimentaires sont variables.

Les objectifs spécifiques de l'étude sur l'ours noir sont les suivants :

- Mettre à jour nos valeurs références sur la dynamique des populations d'ours noir au Québec;
- Améliorer la précision des modèles de simulation de populations d'ours noirs;
- Valider les paramètres de suivi (exploitation et productivité);
- Optimiser le potentiel de récolte indiqué dans les futurs plans de gestion dans le but de maximiser les retombées économiques de l'activité;
- Satisfaire les utilisateurs et les partenaires par une meilleure expérience de chasse et de piégeage;
- Améliorer la gestion des conflits ours-humains par la diffusion d'une information de qualité.

Dans la continuité des plans précédents, le troisième Plan de gestion de l'ours noir (2020-2027) a souligné l'importance de maintenir les populations à l'équilibre et d'élargir les possibilités pour les chasseurs et les piégeurs afin d'optimiser les retombées économiques liées à son exploitation (Bédard, 2023). Cependant, l'ours noir est une espèce sensible à l'exploitation, notamment en raison de sa faible productivité. Idéalement, la gestion de l'ours noir devrait donc reposer sur les données les plus précises possible afin d'établir des objectifs de récolte permettant une mise en valeur optimale sans mettre en péril les populations à court et à long terme. L'abondance des populations est l'un des paramètres les plus utiles pour les gestionnaires de la faune (Nichols et Hines, 2002; Schwartz et collab., 2007). Il permet entre autres d'établir les cibles de récolte, de suivre les fluctuations d'abondance et aide à comprendre la dynamique des populations animales (Sawaya et collab., 2013).

Cet inventaire de l'ours noir en Outaouais s'inscrit dans le cadre du projet d'acquisition de connaissances sur l'ours noir au Québec. L'objectif de cet inventaire est d'estimer la densité d'ours dans un secteur situé dans le domaine bioclimatique de l'érablière à bouleau jaune où des ours ont été suivis par télémétrie entre 2017 et 2023. La technique d'inventaire appliquée est celle de capture-marquage-recapture (CMR) avec reconnaissance individuelle par génotypage des poils. Cette approche est la plus répandue pour estimer la taille et la densité des populations d'ursidés (Boulanger et collab., 2002; Romain-Bondi et collab., 2004; Roy et collab., 2007) et elle est utilisée au Québec depuis le début des années 2000 (Courtois et collab., 2004; Plante et collab., 2014; Dussault et collab., 2014a; Roy et collab., 2007; Dussault et collab., 2016; Chicoine, 2014; Dussault et collab., 2014b).

2. Site d'étude

Le secteur d'inventaire (760 km²) est situé dans la région administrative de l'Outaouais dans la zone de chasse 10 ouest (46,20°N - 76,47°O) (figure 1 et annexe 1). La forêt est typique de l'érablière à bouleau

jaune (MRNF, 2022). La végétation potentielle sur les sites mésiques est typique de l'érablière à bouleau jaune et parfois aussi de l'érablière à tilleul (Robitaille et Saucier, 1998). Les principales essences sont l'érable à sucre (*Acer saccharum*), le chêne rouge (*Quercus rubra*), le bouleau jaune (*Betula alleghaniensis*) et le bouleau blanc (*Betula papyrifera*) en association avec le pin blanc (*Pinus strobus*), le sapin baumier (*Abies balsamea*) et les épinettes (*Picea spp.*). Le sous-étage est assez riche et il est composé principalement de diverses plantes herbacées, comme le cornouiller du Canada (*Cornus canadensis*) et le maianthème du Canada (*Maianthemum canadense*), et d'arbustes d'espèces variées. Le relief est moyennement accidenté et formé de collines aux sommets arrondis avec des pentes faibles à modérées. L'altitude moyenne est d'environ 260 m et l'amplitude altitudinale dépasse rarement 100 m (Robitaille et Saucier, 1998). Les précipitations annuelles moyennes sont de l'ordre de 1000 mm, dont environ 25 % tombent sous forme de neige (Robitaille et Saucier, 1998).

3. Méthodes

3.1 Établissement des stations

Le secteur d'inventaire a été établi au cœur du secteur où des ours ont été munis d'un collier GPS depuis 2017. Ce territoire a été subdivisé en sous-parcelles de 2,25 km² (ci-après nommées cellules de la grille d'échantillonnage, soit un carré de 1,5 km × 1,5 km). Les sous-parcelles ont facilité la distribution des stations pour la collecte des poils dans le secteur d'inventaire. Les stations ont été établies le long des axes routiers principaux, mais aussi sur les chemins secondaires en périphérie de ceux-ci. La distance entre les deux stations les plus éloignées était supérieure à 40 km à vol d'oiseau, une condition nécessaire pour que le dispositif permette d'estimer la densité des mâles (Ontario Ministry of Natural Resources, *Barbed wire hair trap protocol*, non publié).

Les principales caractéristiques recherchées pour l'établissement d'une station étaient:

- 1) la proximité du centre de la cellule de la grille d'échantillonnage;
- 2) une distance respectable des stations voisines (idéalement environ 1,5 km, mais toujours plus de 1 km et moins de 2 km);
- 3) l'accessibilité, car on doit pouvoir s'y rendre assez près en véhicule (à un minimum de 30 m du chemin et en tout temps à <75 m);
- 4) la qualité de l'habitat pour l'ours noir, idéalement un site en régénération devait être à proximité;
- 5) une distance >500 m des sites d'activité humaine comme les campings, les camps forestiers et les regroupements de chalets.

À plus fine échelle spatiale, nous visions aussi l'installation des stations:

- 6) dans un endroit ombragé avec un couvert arborescent pour limiter la détérioration des leurres et de l'ADN dans les échantillons de poils;
- 7) avec un terrain relativement plat et suffisamment d'arbres sur lesquels les fils barbelés peuvent être attachés (circonférence de 25 à 30 m). Un terrain plat est important, car cela empêche les ours de pouvoir passer sous ou par-dessus les fils barbelés à certains endroits autour de la station.

Des cellules adjacentes à des stations pouvaient être laissées vacantes, s'il s'avérait impossible d'établir une station en respectant les critères mentionnés ci-dessus. Dans ce cas, la distance vacante devait être inférieure à 6 km (p. ex., pas plus de 3 cellules adjacentes laissées vacantes).

Nous nous sommes efforcés d'utiliser le moins de signes visuels possible en bordure des chemins pour éviter d'attirer l'attention du public. Nous avons installé une affiche entre le chemin et la station pour avertir les utilisateurs du territoire de la tenue du projet, de façon à ce qu'elle soit bien visible pour un passant qui se serait aventuré en forêt à proximité d'une station.

L'installation et le premier appâtage des stations ont été réalisés dans la semaine du 16 mai. La circonférence des stations était de 25 à 30 m (jamais moins de 20 m). Nous avons installé deux rangées de fils barbelés, respectivement à une hauteur à partir du sol de 65-70 cm et 35-40 cm. Chaque fil barbelé était solidement fixé aux arbres avec des crampes à clôture et bien tendu (figure 2 et annexe 2). Un formulaire permettant de décrire la station a été rempli lors de l'installation (annexe 3).

Nous avons installé des caméras déclenchées par le mouvement sur plusieurs stations pour observer le comportement des ours. Selon nos observations, et comme le suggèrent Laufenberg et ses collaborateurs (2016) et Alston et ses collaborateurs (2022), les oursons de l'année n'ont pas été échantillonnés avec ce dispositif. Les résultats présentés dans ce rapport se rapportent donc aux ours d'un an ou plus.

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

Nous avons utilisé un leurre olfactif (huile de poisson) et une petite quantité d'appât pour éviter de conditionner les ours à un site appâté en leur donnant accès à une source de nourriture à chaque visite à la station. Au centre de la station, nous avons choisi un arbre pour recevoir les appâts/leurres. Cet arbre devait être à plus de 2 m des fils barbelés dans tous les sens (figure 2 et annexe 2). Les leurres utilisés étaient 3 boîtes de sardines dans l'huile partiellement ouvertes. Chaque boîte devait être suspendue à une broche dont l'extrémité était fixée sur un morceau de bois de 1" x 3" d'une longueur de 2 à 3 pieds, fixé à l'arbre « central » à environ 2,5 m de hauteur (figure 3 et annexe 2). Le crochet pour retenir les boîtes de sardines était fait de broche relativement flexible (la même broche que celle qui est utilisée pour tendre le barbelé). Ainsi, si un ours ou un autre animal tentait de faire tomber les boîtes de sardines, la tension pliait la broche et la boîte de sardines tombait au sol, tout en réduisant les risques d'endommager le morceau de bois. Pour ajouter des odeurs, nous avons aussi vaporisé environ 100 ml d'huile de poisson sur l'arbre « central ».

À la suite de l'activation des stations, chacune était revisitée précisément tous les 7 jours, pendant 5 semaines consécutives (entre le 25 mai et le 23 juin 2022). Lors d'une visite, toutes les pointes du fil barbelé étaient examinées afin de collecter les échantillons de poils s'y trouvant. Pour faciliter la collecte des poils, nous avons utilisé une planche de plastique de couleur pâle pour mettre en évidence les poils sur les barbelés. Chaque échantillon était inséré individuellement dans une enveloppe en papier. Les poils trouvés sur une même pointe du fil barbelé étaient considérés comme appartenant au même échantillon. Les poils étaient prélevés avec les mains ou des pinces à sourcils, en prenant soin de porter des gants de latex pour éviter la contamination par l'ADN humain. La présence ou l'absence de racines était vérifiée à l'aide d'une loupe. Les poils étaient récoltés en évitant de casser les racines et insérés dans une enveloppe de papier. Seuls les échantillons de plus de 3 poils étaient récoltés afin de maximiser le succès des analyses génétiques. Finalement, toutes les données nécessaires à l'identification des échantillons (p. ex., nombre approximatif de poils, présence ou absence de racine) étaient inscrites sur le formulaire récapitulatif de visite des stations (annexe 4) et sur les enveloppes (annexe 5). Une fois les poils récoltés, le fil barbelé était brûlé avec un chalumeau pour détruire toutes les traces de poils restantes et ainsi prévenir la contamination des futurs échantillons.

Pour optimiser l'efficacité du sous-échantillonnage des échantillons de poils lors des analyses génétiques (voir section 3.3), une démarche logique était suivie pour leur identification : chaque échantillon était d'abord identifié avec la lettre « H » ou « B », selon qu'il était prélevé sur le fil barbelé du haut ou du bas, puis par une lettre séquentielle en ordre alphabétique (d'abord avec une lettre simple de A à Z et ensuite avec des doubles lettres au besoin : AA, AB...). Ensuite, si cet échantillon était précédé d'un autre échantillon situé sur la pointe de barbelé adjacente sur le même tronçon (un tronçon = ligne de fil barbelé entre deux arbres),

il suffisait d'ajouter entre parenthèses l'identification de l'échantillon précédent (figure 4). Les échantillons accrochés au fil du bas à la même hauteur (moins d'une pointe de barbelé de distance) qu'un autre échantillon sur le fil du haut devaient être associés à ce dernier, puisqu'ils avaient de bonnes chances de provenir du même ours. Cet échantillon était identifié avec la même lettre que l'échantillon sur le fil du haut, mais précédée d'un « B » pour indiquer qu'il s'agit du fil du bas.

Secteur d'étude
Lac Dumont, Outaouais, 2022

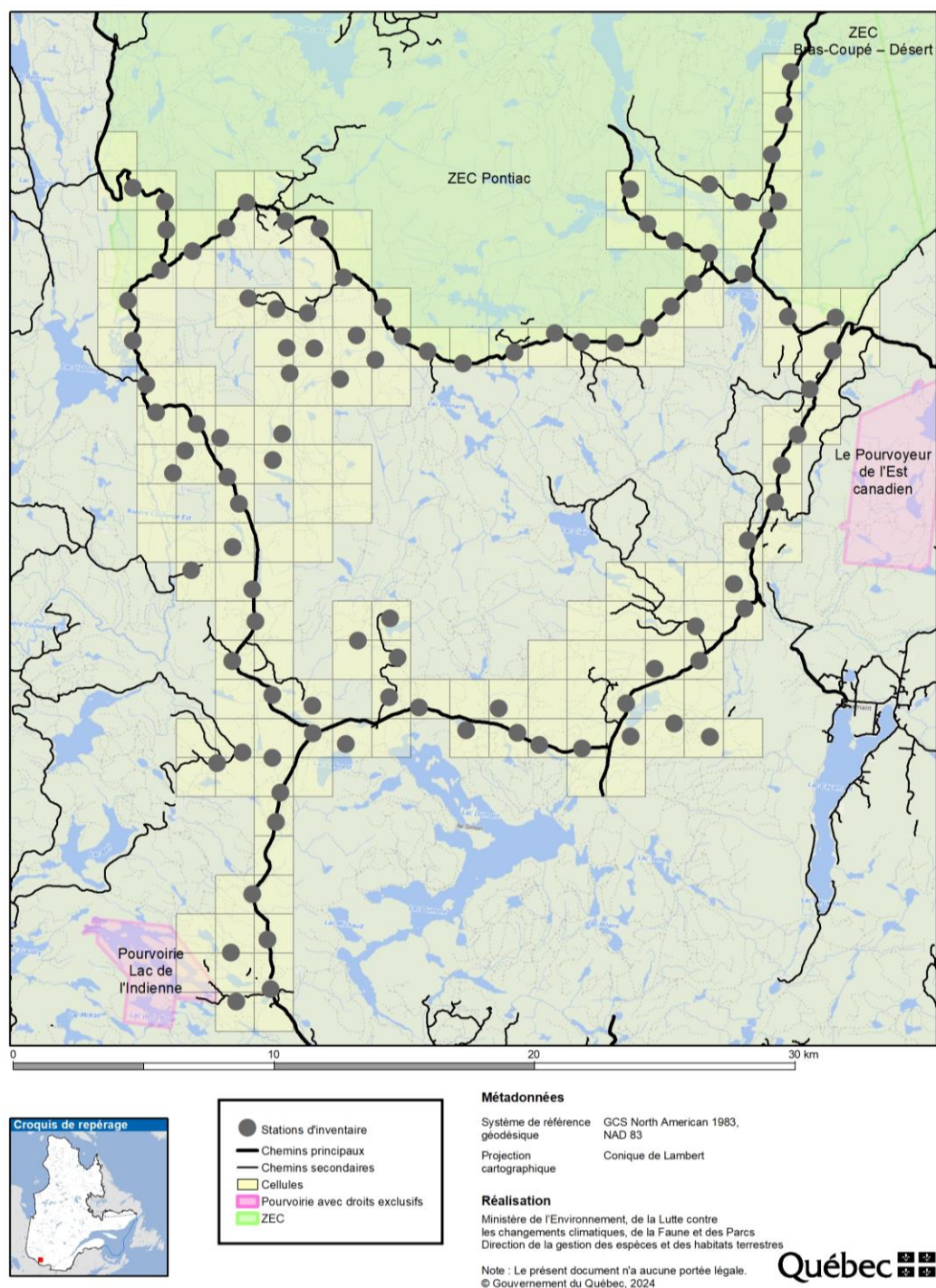


FIGURE 1 Carte du secteur d'étude montrant les cellules de la grille d'échantillonnage, les stations de collecte de poils, les principaux plans d'eau et les voies d'accès.

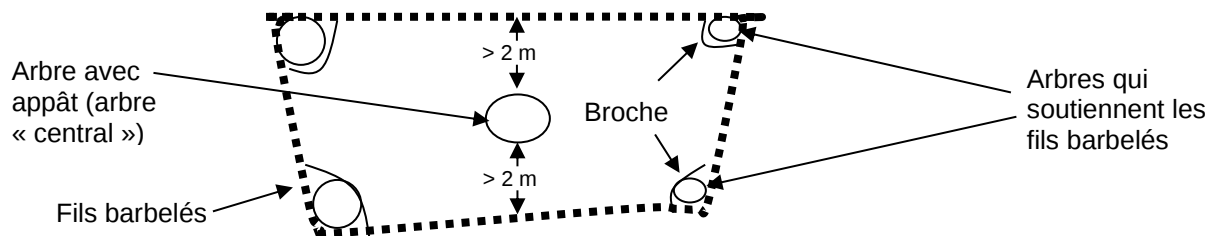


FIGURE 2 Schéma illustrant une station typique de collecte de poils. Les deux fils barbelés étaient accrochés à au moins quatre arbres et des broches étaient utilisées dans chaque coin pour augmenter la tension. Un arbre situé à au moins 2 m du contour de la station était choisi pour supporter les boîtes de sardines.

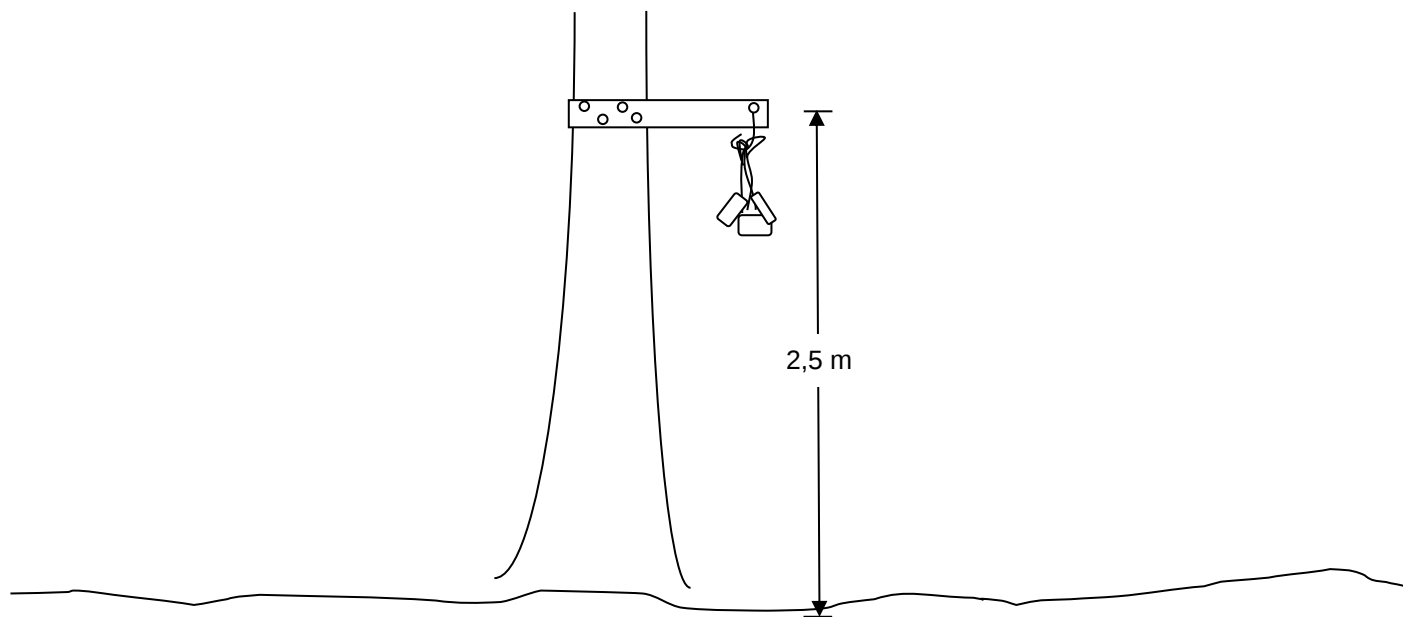


FIGURE 3 Schéma montrant la disposition des appâts.

Si plusieurs échantillons sur le fil du bas pouvaient être associés au même échantillon sur le fil du haut, ils étaient différenciés avec un numéro séquentiel (voir l'exemple de la figure 4 où B-D-1 et B-D-2 sont associés à H-D). Si aucun échantillon ne se trouvait sur le fil du haut à moins d'une pointe de barbelé d'un échantillon sur le fil du bas, ce dernier était identifié par une nouvelle lettre. S'il y avait des poils sur le sol en dessous du fil barbelé, ils étaient récoltés et attribués à la pointe du fil barbelé la plus proche. Les poils trouvés dans le périmètre clôturé, de même que sur les arbres, n'étaient pas collectés.

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

3.3 Analyses génétiques

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

L'ADN a été extrait à l'aide d'une trousse d'extraction QIAGEN DNeasy (Qiagen Inc., Valencia, Californie) en utilisant la méthode suggérée par le fabricant. Lorsque c'était possible, 10 racines prélevées sur des poils de garde ont été utilisées. Lorsque seuls des poils de bourre étaient disponibles, tous les poils, et non seulement leurs racines, étaient utilisés. Les échantillons ont été génotypés à sept locus microsatellites de l'ADN nucléaire avec des marqueurs propres à l'ours : G10L, G1A (Paetkau et Strobeck, 1994), G10C, G10H, G10P, G10M, G10X (Paetkau et collab., 1995), MSUT-2 (Kitahara et collab., 2000), Mu23 et Mu50 (Taberlet et collab., 1997). Le marqueur ZFX/ZFY a également été utilisé pour déterminer le sexe (Shaw et collab., 2003).

Le processus d'analyse comprenait trois phases : une première passe, un nettoyage et une vérification des erreurs. Les échantillons qui n'ont produit des résultats satisfaisants que pour moins de 3 marqueurs ou qui ont amplifié plus de 3 allèles à plus de 3 locus n'ont pas été retenus puisqu'ils étaient susceptibles d'engendrer des erreurs de génotypage. Durant la phase de nettoyage, tous les génotypes incomplets ou les marqueurs difficiles à lire ont été analysés de nouveau avec 5 µL d'ADN par réaction au lieu de 3 µL durant la première passe. À la fin de cette deuxième phase, certains échantillons ont été rejetés à cause de résultats jugés insatisfaisants après plusieurs tentatives. Durant la phase de vérification des erreurs, nous avons analysé de nouveau les marqueurs différents pour les paires de génotypes qui étaient tellement semblables qu'ils étaient susceptibles de résulter d'une erreur de génotypage (Paetkau, 2003). Cette étape permet d'éviter la création de faux individus à cause d'erreurs de génotypage (Kendall et collab., 2009). Cette vérification a permis de corriger toutes les erreurs, de telle sorte qu'il n'y avait pas de génotypes qui correspondaient à tous les locus, sauf un (« 1MM-pair », Paetkau, 2003; Kendall et collab., 2009).

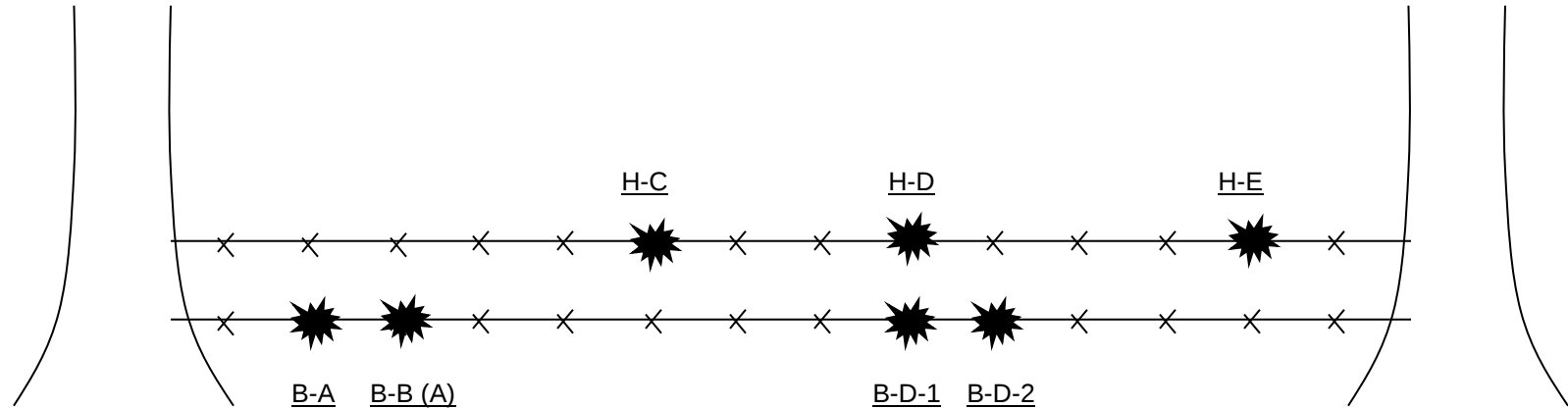


FIGURE 4 Schéma illustrant la façon d'identifier les échantillons de poils collectés aux stations. Les échantillons étaient entreposés individuellement dans des enveloppes en papier et ils étaient identifiés de façon séquentielle avec une lettre (A, B, C... Y, Z, AA, AB...) et selon la présence d'un autre échantillon à proximité. Dans cet exemple, l'échantillon B-B (A) était situé à une pointe de barbelé de l'échantillon A alors que l'échantillon H-C était situé à plus d'une pointe de barbelé de l'échantillon B. Deux échantillons situés sur deux tronçons différents (donc n'étant pas situés entre deux mêmes arbres) ou étant situés à une distance équivalant à plus d'une pointe de barbelé ne devaient pas être associés. Voir la section 3.2 pour plus de détails.

Une fois les génotypes déterminés et vérifiés afin de déceler les erreurs potentielles, une identité individuelle a été attribuée à chaque génotype unique. Tous les génotypes étaient basés sur les huit marqueurs, ce qui est plus que suffisant pour obtenir des résultats fiables (Paetkau, 2003).

3.4 Analyses statistiques

Pour estimer la densité, nous avons utilisé les modèles de capture-recapture spatialement explicites (SECR) qui permettent de considérer l'hétérogénéité spatiale de la probabilité de capture des individus en fonction du positionnement des pièges (Efford, 2009). L'approche SECR permet aussi de modéliser les effets du temps (variation entre les semaines d'échantillonnage, T , ou un effet linéaire du temps, t), d'une réponse comportementale à une station de piégeage spécifique (bk), du sexe et de l'hétérogénéité individuelle (modélisée avec une distribution de mélange à deux niveaux ou *two-point finite mixture distribution*, $h2$) sur la probabilité de capture ($g0$) et l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue (σ) (Obbard et collab., 2010; Efford, 2009). Un des principaux avantages des modèles SECR est qu'ils permettent d'estimer la densité sans avoir à calculer l'aire effective de piégeage (Borchers et Efford, 2008). Nous avons utilisé la fonction *secr.fit()* de la librairie SECR du logiciel R pour estimer la densité de la population en évaluant le support des modèles candidats décrits dans l'annexe 6 avec le critère d'information d'Akaike corrigé pour les petits échantillons (AICc). Les modèles ont été estimés par la maximisation de la vraisemblance conditionnelle (*conditional likelihood*), permettant ainsi d'estimer les paramètres $g0$ et σ . Chaque modèle a fait l'objet d'un test de qualité d'ajustement (*goodness-of-fit*) avec la fonction *secr.test()* permettant de vérifier sa validité. La procédure de validation consiste à simuler 99 jeux de données à partir du modèle et de réappliquer le modèle à chaque jeu de données simulées. La statistique calculée par défaut est la déviance divisée par les degrés de liberté résiduels. La probabilité rapportée (p) est le rang de la valeur observée (le vrai jeu de données) dans le vecteur combinant les valeurs observées et les valeurs simulées, divisé par 100 (nombre de simulations + 1). Les modèles ont été jugés non valides, c'est-à-dire qu'ils ne correspondaient pas de manière adéquate aux données, lorsque p était égal à 0,01 ou 1,0, ce qui signifie que les simulations n'ont pas permis de répliquer le vrai jeu de données au moins une fois. Ces modèles ont été mis de côté pour la suite. Puisque la densité n'est pas une variable directement incluse dans les modèles calculés avec la vraisemblance conditionnelle, celle-ci a été calculée *a posteriori* en utilisant la fonction *derived()*. Les modèles recevant un certain support ($\Delta AICc < 10$) ont ensuite été utilisés pour calculer la densité finale, l'erreur standard inconditionnelle (*unconditional standard error*) et l'intervalle de confiance avec la moyenne des résultats de ces modèles (*model averaging*).

4. Résultats

Au total, nous avons fait parvenir 755 échantillons de poils au laboratoire pour les analyses génétiques. Parmi ceux-ci, 241 échantillons (32 %) ont été exclus par les règles de sous-échantillonnage et 106 autres (14 %) ont été rejetés pour différentes raisons, par exemple parce que l'amplification de l'ADN n'a pas fonctionné ($n = 55$) ou parce que les poils n'avaient pas de racine ($n = 51$). Finalement, les analyses génétiques ont été réalisées avec succès sur 408 échantillons (soit 54 % des échantillons envoyés au laboratoire) qui ont servi à bâtir les historiques de capture-recapture et à estimer la densité. Les analyses génétiques ont révélé la présence de 115 génotypes, dont 57 mâles (50 %) et 58 femelles (50 %) d'un an ou plus.

En tout, 77 stations parmi les 100 ont reçu la visite d'au moins un ours d'un an ou plus (77 %). La figure 5 montre la répartition du nombre d'ours capturés aux stations d'échantillonnage dans l'aire d'étude. Le nombre d'ours différents capturés chaque semaine était de 17 et 19 pour les deux premières semaines et il a varié de 28 à 44 pour les trois dernières semaines de l'inventaire. Le nombre de recaptures par semaine a varié de 3 à 17. Le pourcentage de recaptures était de 15 % durant les deux premières semaines de l'inventaire et il a ensuite augmenté progressivement pour atteindre 39 % lors de la dernière semaine (tableau 1).

L'identification des individus a permis de caractériser les locus microsatellites (tableau 2). La probabilité d'identité entre individus hautement apparentés (PIsibs), qui indique la probabilité de déclarer deux individus identiques alors qu'ils sont en réalité différents, était de 0,00043 pour l'ensemble des locus, ce qui traduit un niveau de précision d'assignation des génotypes acceptable (Mills et collab., 2000). De plus, les valeurs d'hétérozygotie observée (HO : 0,852-0,913) sont semblables aux valeurs d'hétérozygotie attendue (HE : 0,813-0,894), ce qui suggère une reproduction aléatoire des individus au sein de la population (Roy et collab., 2012).

La majorité des ours ont été capturés une ($n = 83$; 72 %) ou deux ($n = 20$; 17 %) fois, alors que les autres l'ont été plus de deux fois (tableau 3). Dans 76 % des cas ($n = 47/62$), les individus ont été recapturés à la même station où ils avaient été capturés la fois précédente ou à une station voisine (figure 6). Très peu d'individus se sont déplacés sur de grandes distances, puisque seulement 24 % des recaptures ($n = 15/62$) ont eu lieu à une station située à plus de 5 km du lieu de la capture précédente. La distribution des mouvements entre les stations entre la capture et les recaptures était similaire pour les mâles et les femelles (figure 6).

Les modèles d'estimation de la densité qui ont le mieux performé considéraient 1) que la probabilité de capture variait surtout selon une réponse comportementale à une station de piégeage spécifique (bk), mais aussi entre les sexes, et 2) que l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue variait entre les sexes et dans le temps (T ou t) (annexe 6 et tableau 4). Selon la moyenne des modèles supportés ($\Delta AICc < 10$), la densité dans le secteur d'étude était estimée à 2,63 ours d'un an ou plus par 10 km² (IC 90 % = 1,85 à 3,40). La précision de cette estimation (calculée comme [marge supérieure de l'IC à 90 % - estimation de densité]/estimation de densité*100) est de 29 %.

TABEAU 1 Nombre d'ours d'un an ou plus (selon les analyses génétiques) capturés et recapturés chaque semaine de l'inventaire. Certains ours ont été capturés à plus d'une station lors de la même semaine d'échantillonnage (ours capturés plusieurs fois).

	Semaine 1	Semaine 2	Semaine 3	Semaine 4	Semaine 5
Ours capturés					
- une seule fois	15	17	27	38	39
- plusieurs fois	2	2	1	6	5
- TOTAL	17	19	28	44	44
Ours recapturés	s. o.	3	4	13	17
% recaptures	s. o.	16 %	14 %	30 %	39 %

s. o. : sans objet.

Secteur d'étude
Lac Dumont, Outaouais, 2022

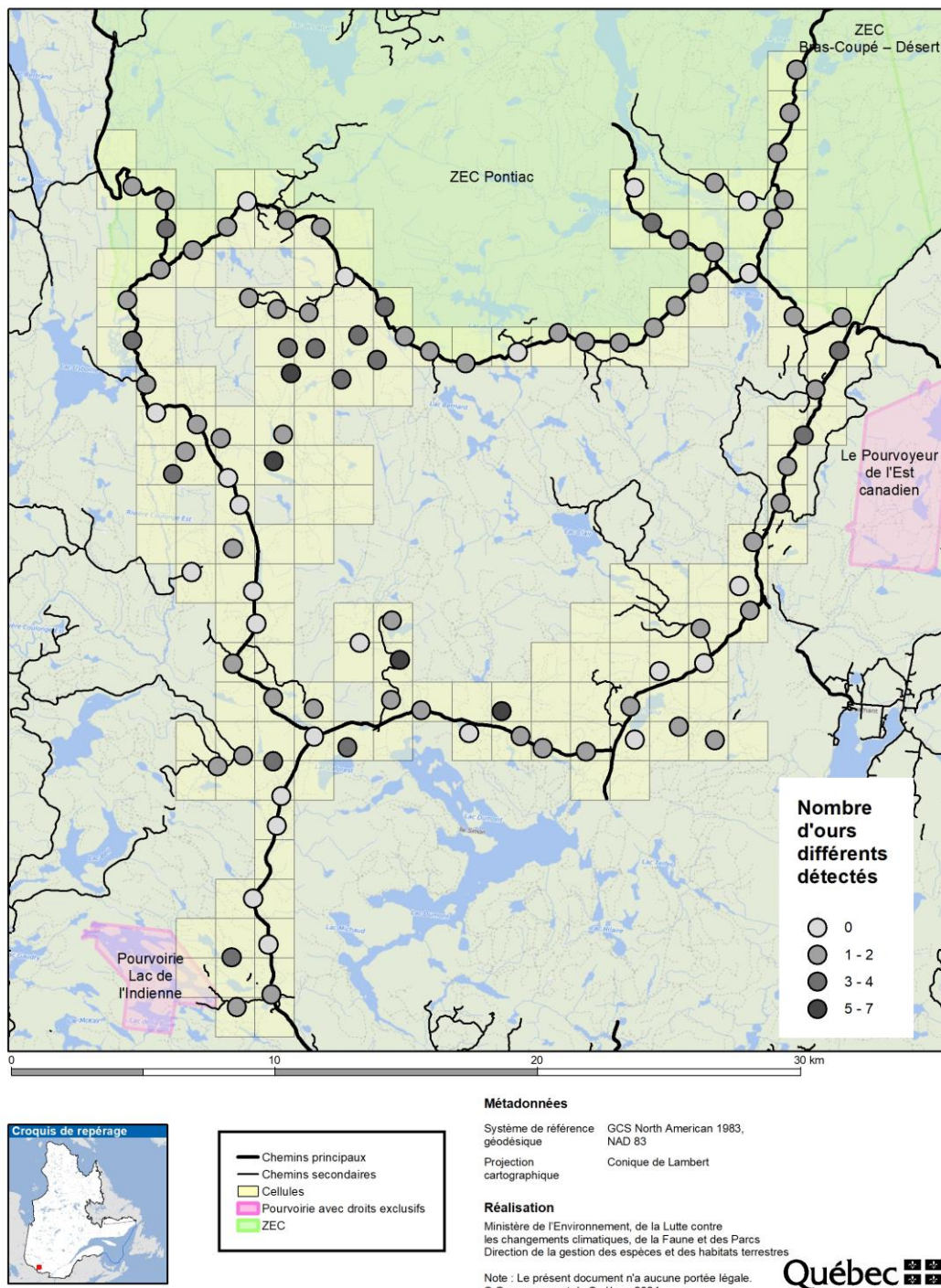


FIGURE 5 Carte du secteur d'étude montrant le nombre d'ours différents détectés dans les cellules de la grille d'échantillonnage pour la durée totale du projet.

TABLEAU 2 Caractéristiques des 7 locus microsatellites basées sur les 115 individus identifiés.

Locus	N ^{bre} d'allèles	Étendue allélique	PI ^a	Plsibs ^b	HO ^c	HE ^d
G10H	19	231-271	0,023	0,315	0,878	0,886
G10L	15	129-167	0,022	0,310	0,913	0,894
G10M	8	206-222	0,062	0,361	0,870	0,813
MSUT-2	12	181-215	0,034	0,329	0,870	0,862
MU23	10	187-209	0,033	0,326	0,852	0,869
MU50	13	114-144	0,044	0,343	0,861	0,840
G10X	17	121-165	0,032	0,329	0,870	0,862

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

TABLEAU 3 Distribution de fréquence du nombre de captures par ours, y compris les recaptures du même ours à plus d'une station lors de la même semaine d'échantillonnage

Nombre de captures	Nombre d'ours	Proportion des ours
1	83	72 %
2	20	17 %
3	7	6 %
4 ou plus	5	4 %

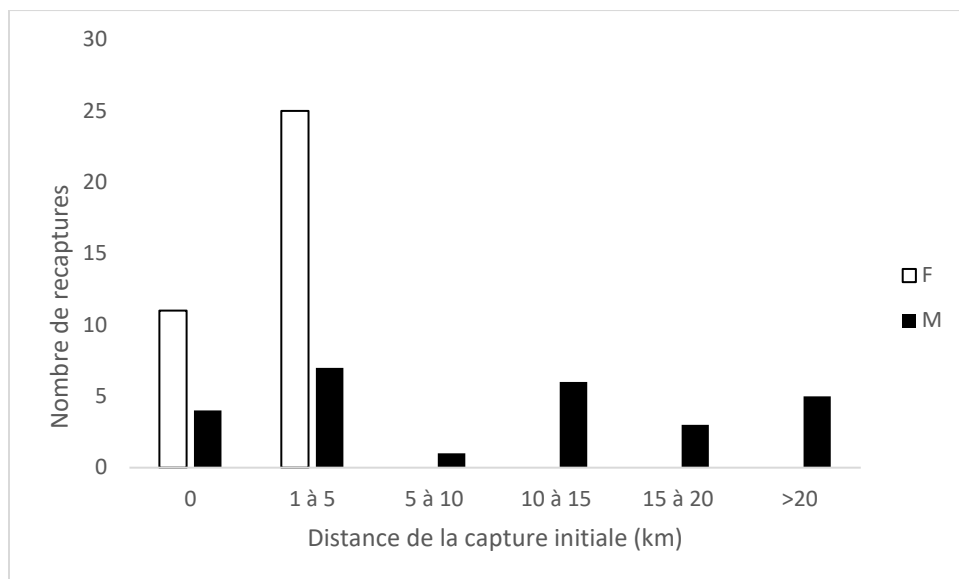


FIGURE 6 Distribution de fréquence de la distance (km) entre la recapture d'un ours et le site de sa capture initiale.

TABLEAU 4 Résultats des modèles de capture-recapture spatialement explicites évalués pour estimer la densité d'ours d'un an ou plus. Chaque modèle est présenté avec le nombre de paramètres (K), le critère d'information d'Akaike corrigé pour la faible taille d'échantillon (AICc), la différence avec le modèle ayant l'AICc le plus faible ($\Delta AICc$), le poids AICc (w_i) ainsi que l'estimation de densité avec son intervalle de confiance à 90 %. Les modèles supportés ($\Delta AICc < 10$) ayant servi à l'estimation finale de la densité grâce à un modèle moyen (*model averaging*) sont en caractères gras dans le tableau. La description complète des modèles est présentée à l'annexe 6.

Modèle ^a	K	AICc	$\Delta AICc$	w_i	Densité (ours/10 km ²)	Intervalle de confiance 90 %
1	2	1368,2	175,6	0,00	1,57	1,26 - 1,97
2	3	1323,6	131,1	0,00	3,50	2,40 - 5,10
3	7	1311,1	118,5	0,00	3,57	2,42 - 5,26
4	4	1306,7	114,2	0,00	3,60	2,42 - 5,34
8	4	1246,2	53,6	0,00	4,58	2,80 - 7,48
9	8	1244,2	51,7	0,00	4,70	2,83 - 7,81
10	5	1238,3	45,8	0,00	4,70	2,83 - 7,81
21	9	1206,4	13,8	0,00	2,76	1,97 - 3,86
22	6	1200,9	8,3	0,01	2,78	1,99 - 3,87
26	8	1234,8	42,3	0,00	4,55	2,79 - 7,41
27	12	1224,5	32,0	0,00	3,64	2,40 - 5,52
28	6	1220,2	27,6	0,00	3,38	2,23 - 5,14
38	9	1199,2	6,6	0,03	2,77	2,00 - 3,82
39	13	1199,7	7,2	0,03	2,70	2,00 - 3,63
40	7	1192,6	0,0	0,92	2,62	1,96 - 3,50
41	10	1207,4	14,8	0,00	1,84	1,20 - 2,82
Moyen					2,63	1,85 - 3,40

^a les modèles qui n'ont pas convergé ou qui n'ont pas passé le test de la validation ne sont pas présentés dans le tableau.

5. Discussion

Un inventaire de l'ours noir a été réalisé dans le même secteur en 2014 (Dussault et collab., 2016). Il s'agissait donc du deuxième inventaire d'ours noirs dans ce secteur situé dans le domaine bioclimatique de l'érablière à bouleau jaune, le dernier ayant été réalisé à l'été 2014. Il s'est écoulé 8 ans entre les deux inventaires. Selon une analyse visuelle de la carte écoforestière, la composition de l'aire d'étude en matière de peuplements forestiers était relativement homogène et caractéristique de ce domaine bioclimatique, avec une majorité de peuplements feuillus (53 % de la superficie), mais aussi des peuplements mélangés (27 %) ou résineux (8 %) ou des coupes en régénération (8 %). En tout, 77 % des stations de collecte de poils ont reçu la visite d'au moins un ours d'un an ou plus, ce qui est très élevé pour de tels inventaires (Courtois et collab., 2004; Roy et collab., 2007; Dussault et collab., 2014a, 2014b, 2016, 2017). Le degré de fréquentation des stations d'inventaire dans l'aire d'étude a semblé homogène, ce qui suggère une répartition relativement uniforme des ours.

L'erreur relative autour de l'estimation de densité (29 % avec un IC 90 %) est un peu plus élevée que ce qui est généralement recherché pour la gestion (environ 20 %; Boitani et Fuller, 2000). La précision de cet inventaire était moins bonne que celle de l'inventaire de 2014 (22 %). Les analyses génétiques ont pourtant produit de très bons résultats (D. Paetkau, Wildlife Genetics International, communication personnelle) et le protocole a été respecté à la lettre. Le taux de succès de l'amplification de nos échantillons était très élevé, ce qui indique que notre protocole de collecte et de conservation des échantillons était performant afin de prévenir la dégradation de l'ADN.

L'objectif de l'inventaire a été atteint avec succès. La densité estimée par l'inventaire, soit 2,63 ours d'un an ou plus par 10 km² (IC 90 % = 1,85 à 3,40), est 24 % plus faible que celle qui a été obtenue en 2014 (3,45 ours/10 km²; IC 90 % = 2,53 à 4,37). Pour estimer le taux d'exploitation de la population d'ours noirs dans ce secteur, nous avons dénombré dans le Système d'enregistrement de la faune au Québec (SEFAQ) le nombre d'ours récoltés à la chasse ou au piégeage au cours des cinq années précédant l'inventaire (2017 à 2021) dans un territoire d'environ 6340 km² centré sur le secteur d'inventaire. En moyenne, la récolte a varié entre 192 et 344 ours au cours de cette période, pour une moyenne de 250,2 ours par année. Cependant, la récolte de 192 individus en 2020 est peu représentative de la réalité puisqu'il s'agit de l'année où des mesures sanitaires ont forcé la fermeture des pourvoiries en raison de la COVID-19. Si l'on fait abstraction de cette année atypique, la récolte moyenne est plutôt de 261,8 ours. Cela représente une densité de récolte de 0,41 ours/10 km² et un taux d'exploitation probable de 15,7 %. Si l'on utilise les marges inférieure (1,85 ours/10 km²) et supérieure (3,40 ours/10 km²) de l'intervalle de confiance pour estimer la taille de la population, le taux d'exploitation s'établit à 22,3 % et 12,1 %, respectivement. Un taux d'exploitation de presque 16 % est plus élevé que l'objectif de 12 % qui correspond au potentiel de croissance théorique maximal en l'absence de prélèvement pour le secteur d'inventaire (Lamontagne et collab., 2006; Bédard, 2023).

Un taux d'exploitation trop élevé peut potentiellement expliquer la baisse de densité observée depuis 2014. Ces chiffres doivent être interprétés avec vigilance puisque la zone d'inventaire et la zone utilisée pour estimer la récolte ne sont pas identiques. La récolte dans l'aire d'étude semble à la hausse depuis 2010, mais est passablement variable d'une année à l'autre. La récolte observée au cours des dernières années semble donc un peu trop élevée pour maintenir une population d'ours stable dans ce secteur. De plus, un certain taux de mortalité, associé au contrôle de la déprédation et possiblement à des actes de braconnage, s'ajoute à la récolte sportive. En conclusion, la population du secteur d'inventaire pourrait être en faible décroissance, et nous recommandons de porter une attention particulière à la récolte dans les prochaines années. Il faut être prudent avant d'extrapoler ces résultats à d'autres secteurs de la zone de chasse, car on ne connaît pas les variations spatiales de la qualité de l'habitat et l'importance de chacune des causes de mortalité.

6. Références bibliographiques

ALSTON, J. D., J. D. CLARK, D. B. GIBBS et J. HAST. 2022. « Density, harvest rates, and growth of a reintroduced American black bear population », *Journal of Wildlife Management*, vol. 86, e22298, DOI: 10.1002/jwmg.22298.

BÉDARD, K. 2023. *Plan de gestion de l'ours noir au Québec 2020-2027*, Québec, Direction de l'expertise sur la faune terrestre, l'herpétofaune et l'avifaune, Direction générale de la gestion de la faune et des habitats, ministère de l'Environnement, de la Lutte contre les changements climatiques, de la Faune et des Parcs, 37 p.

BOITANI, L., et T. K. FULLER. 2000. *Research techniques in animal ecology*, New York, Columbia University Press.

BORCHERS, D. L., et M. G. EFFORD. 2008. « Spatially explicit maximum likelihood methods for capture–recapture studies », *Biometrics*, vol. 64, p. 377-385.

BOULANGER, J., G. C. WHITE, B. N. MCLELLAN, J. WOODS, M. PROCTOR et S. HIMMER. 2002. « A meta-analysis of grizzly bear DNA mark-recapture projects in British Columbia, Canada: invited paper », *Ursus*, vol. 13, p. 137-152.

BRIDGES, A. S., M. R. VAUGHAN et J. A. FOX. 2011. « Reproductive ecology of American black bears in the Alleghany Mountains of Virginia, USA », *Journal of Wildlife Management*, vol. 75, p.1137-1144.

CHICOINE, C. 2014. Estimation des densités d'ours noirs par CMR et génotypage des poils : améliorations et perspectives liées au suivi télémétrique GPS, mémoire de maîtrise, Université du Québec à Rimouski, 94 p.

COURTOIS, R., J. P. HAMEL, G. LAMONTAGNE, R. LEMIEUX, J. MERCIER et A. DESROSIERS. 2004. *Inventaire de l'ours noir en Abitibi-Témiscamingue à l'été 2001* (premier rapport d'étape), Québec, ministère des Ressources naturelles, de la Faune et des Parcs, 58 p.

DUSSAULT, C., S. MASSÉ, C. CHICOINE, C. DUSSAULT, S. LEFORT et M.-H. ST-LAURENT. 2014a. *Inventaire de l'ours noir dans la pessière noire au Saguenay–Lac-Saint-Jean à l'été 2012* – Deuxième édition, Québec, ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs, 34 p.

DUSSAULT, C., S. MASSÉ, M. DORAIS et S. LEFORT. 2017. *Inventaire de l'ours noir dans la sapinière à bouleau blanc en Gaspésie à l'été 2015*, Québec, ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs, 22 p.

DUSSAULT, C., S. MASSÉ, J. MILETTE, et S. LEFORT. 2014b. *Inventaire de l'ours noir dans la sapinière à bouleau jaune en Mauricie à l'été 2013* – Deuxième édition, Québec, ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs, 30 p.

DUSSAULT, C., S. MASSÉ, A. DUMONT, S. LEFORT et O. TRUDEL. 2016. *Inventaire de l'ours noir dans l'érablière à bouleau jaune en Outaouais à l'été 2014*, Québec, ministère des Forêts, de la Faune et des Parcs, 23 p.

EFFORD, M. G. 2009. *DENSITY 4.4: software for spatially explicit capture-recapture*, Department of Zoology, University of Otago, Dunedin, New Zealand.

KENDALL, K. C., J. B. STETZ, J. BOULANGER, A. C. MACLEOD, D. PAETKAU et G. C. WHITE. 2009. « Demography and genetic structure of a recovering grizzly bear population », *Journal of Wildlife Management*, vol. 73, p. 3-17.

- KITAHARA, E., Y. ISAGI, Y. ISHIBASHI et T. SAITOH. 2000. « Polymorphic microsatellite DNA markers in the Asiatic black bear *Ursus thibetanus* », *Molecular Ecology*, vol. 9, p. 1661-1662.
- LAMONTAGNE, G., H. JOLICŒUR et S. LEFORT. 2006. *Plan de gestion de l'ours noir 2006-2013*, Québec, ministère des Ressources naturelles et de la Faune, 487 p.
- LAUFENBERG, J. S., J. D. CLARK, M. J. HOOKER, C. L. LOWE, K. C. O CONNELL-GOODE, J. C. TROXLER, M. M. DAVIDSON, M. J. CHAMBERLAIN et R. B. CHANDLER. 2016. « Demographic rates and population viability of black bears in Louisiana », *Wildlife Monographs*, vol. 194, p. 1–37.
- MILLS, L. S., J. J. CITTA, K. P. LAIR, M. K. SCHWARTZ et D. A. TALLMON. 2000. « Estimating animal abundance using non-invasive DNA sampling: promise and pitfalls », *Ecological Applications*, vol. 10, p. 283-294.
- MINISTÈRE DES RESSOURCES NATURELLES ET DES FORÊTS (MRNF). 2022. Zones de végétation et domaines bioclimatiques du Québec, [En ligne], mffp.gouv.qc.ca/nos-publications/zones-vegetation-domaines-bioclimatiques/ (consulté le 7 septembre 2023).
- NICHOLS, J. D., et J. E. HINES. 2002. « Approaches for the direct estimation of K, and demographic contributions to K, using capture-recapture data », *Journal of Applied Statistics*, vol. 29, p. 539–568.
- OBBARD, M. E., et E. J. HOWE. 2008. « Demography of black bears in hunted and unhunted areas of the boreal forest of Ontario », *Journal of Wildlife Management*, vol. 72, p. 869-880.
- OBBARD, M. E., E. J. HOWE et C. J. KYLE. 2010. « Empirical comparison of density estimators for large carnivores », *Journal of Applied Ecology*, vol. 47, p. 76-84.
- PAETKAU, D. 2003. « An empirical exploration of data quality in DNA-based population inventories », *Molecular Ecology*, vol. 12, p. 1375-1387.
- PAETKAU, D., et C. STROBECK. 1994. « Microsatellite analysis of genetic variation in black bear populations », *Molecular Ecology*, vol. 3, p. 489-495.
- PAETKAU, D., W. CALVERT, I. STIRLING et C. STROBECK. 1995. « Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears », *Molecular Ecology*, vol. 4, p. 347-354.
- PLANTE, S., C. DUSSAULT, S. MASSÉ et S. LEFORT. 2014. Estimation de la densité d'ours noirs avec la technique de capture-marquage-recapture par génotypage des poils : revue de la littérature, résultats des inventaires réalisés en Abitibi-Témiscamingue de 2001 à 2003 et recommandations, ministère du Développement durable, de l'Environnement, de la Faune et des Parcs, Direction générale de l'expertise sur la faune et ses habitats, 126 p.
- ROBITAILLE, A., et J.-P. SAUCIER. 1998. *Paysages régionaux du Québec méridional*, ministère des Ressources naturelles du Québec, Direction de la gestion des stocks forestiers et Direction des relations publiques, Les Publications du Québec.
- ROMAIN-BONDI, K. A., R. B. WIELGUS, L. WAITS, W. F. KASWORM, M. AUSTIN et W. WAKKINEN. 2004. « Density and population size estimates for North Cascade grizzly bears using DNA hair-sampling techniques », *Biological Conservation*, vol. 117, p. 417-428.
- ROY, J., V. ALBERT et L. BERNATCHEZ. 2007. *Projet d'inventaire de l'ours noir dans la zone 10 par la technique de capture-recapture à l'aide de marqueurs génétiques* (projet Outaouais 2005), Québec, Université Laval et ministère des Ressources naturelles et de la Faune, 164 p.

ROY, J., G. YANNIC, S. CÔTÉ et L. BERNATCHEZ. 2012. « Negative density-dependent dispersal in the American black bear (*Ursus americanus*) revealed by non-invasive sampling and genotyping », *Ecology and Evolution*, vol. 2, p. 525-537.

SAWAYA, M. A., J. B. STETZ, F. T. VAN MANEN, et J. D. CLARK. 2013. *Population monitoring options for American black bears in the Northeastern United States and Canada*. A technical publication of the Northeastern Black Bear Technical Committee. 187 p. + annexes.

SCHWARTZ, M. K., G. LUIKART et R. S. WAPLES. 2007. « Genetic monitoring as a promising tool for conservation and management », *Trends in Ecology and Evolution*, vol. 22, p. 25-33.

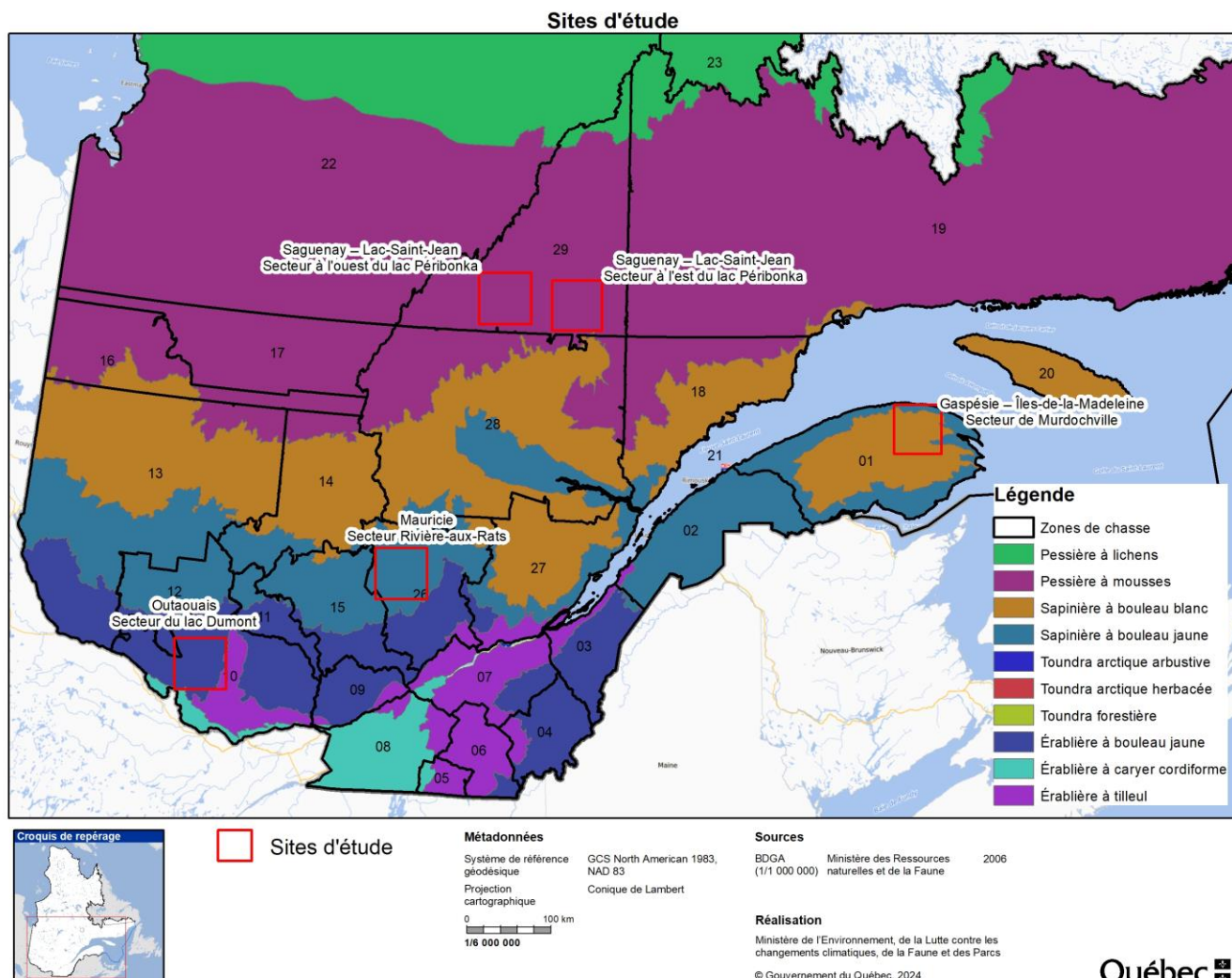
SHAW, C. N., P. J. WILSON et B. WHITE. 2003. « A reliable molecular method of gender determination for mammals », *Journal of Mammalogy*, vol. 84, p. 123-128.

TABERLET, P., J. J. CAMARRA, S. GRIFFIN, E. UHRES, O. HANOTTE, L. P. WAITS, C. DUBOIS-PAGANON, T. BURKE et J. BOUVET. 1997. « Non-invasive genetic tracking of the endangered Pyrenean brown bear population », *Molecular Ecology*, vol. 6, p. 869-876.

Annexes

-

Annexe 1 – Sites sélectionnés pour étudier l'ours noir, répartis dans quatre domaines bioclimatiques



Annexe 2 – Photos d'une station d'échantillonnage typique



Station d'échantillonnage avec les arbres qui permettent de soutenir les fils barbelés installés à deux hauteurs différentes à partir du sol.



Les boîtes de sardines sont suspendues à un arbre « central » à environ 2,5 m de hauteur.



Des arbres sont utilisés pour niveler le sol sous les fils barbelés et éviter que des ours puissent s'introduire dans le périmètre clôturé sans les toucher.

Annexe 3 – Formulaire de terrain pour l'installation des stations

Informations sur la station

Région :	Outaouais	Mauricie	Saguenay
Numéro de la cellule de la grille d'échantillonnage (ex. : M1)* : _____			
*Ceci deviendra le numéro officiel de la station.			
Coordonnées GPS de la station (UTM zone 19 NAD83) : LAT _____ / LONG _____			
Date d'installation: AN _____ MOIS _____ JOUR _____			
Membres de l'équipe : _____			
Distance (m) du chemin le plus près (encercler): <15 m 15-30 m 30-50 m >50 m			
Caméra installée? OUI NON Marque/Modèle : _____ #ID_caméra : _____			

Annexe 4 – Formulaire de terrain pour les visites des stations

Région : _____

Numéro de la station (ex. : M1): _____

Numéro de la visite	Date de la visite	Initiales membres équipe	État du site à l'arrivée				Nb d'échantillons (nb d'enveloppes) de poils d'ours noir – inscrire 0 si la station n'a pas été visitée	Réactivation des leurres/appâts (cochez)	
			Fil barbelé écrasé au sol (cochez)		Appâts dérangés (cochez)			Boîtes de sardines	Leurres olfactifs
			Oui	Non	Oui	Non			
1									
2									
3									
4									
5									

Commentaires supplémentaires au besoin (préciser le numéro de la visite) :

Annexe 5 – Étiquette pour les enveloppes avec échantillon de poils

Numéro de la station : _____

Date de la visite: AN _____ MOIS _____ JOUR _____

Membres de l'équipe : _____

Numéro de la pointe du fil barbelé : _____

Nombre approximatif de poils : 3-15 >15 Présence de racines? oui non

Annexe 6 – Modèles de candidats utilisés pour estimer la densité d'ours noirs d'un an ou plus dans le secteur au nord de Otter Lake en Outaouais, Québec, 2022. La probabilité de capture (g_0) et l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminue (σ) pouvaient être une constante (dénotée par “~1”) ou varier selon le sexe, les individus (h_2), une réponse comportementale à une station de piégeage spécifique (bk) ou le temps. Le temps a été intégré dans les modèles sous forme soit de facteur (t), soit de variable continue sur une échelle logarithmique (T) indiquant une tendance temporelle linéaire. Tous les modèles assumaient une fonction de probabilité de détection demi-normale (*half-normal*).

Modèle	g_0	σ	Modèle	g_0	σ
1	~ 1	~ 1	25	~ $bk + h_2$	~ $h_2 + T$
2	~ 1	~ sexe	26	~ $bk + t$	~ sexe
3	~ 1	~ sexe + t	27	~ $bk + t$	~ sexe + t
4	~ 1	~ sexe + T	28	~ $bk + T$	~ sexe + T
5	~ 1	~ h_2	29	~ $bk + t$	~ h_2
6	~ 1	~ $h_2 + t$	30	~ $bk + t$	~ $h_2 + t$
7	~ 1	~ $h_2 + T$	31	~ $bk + T$	~ $h_2 + T$
8	~ bk	~ sexe	32	~ sexe + t	~ sexe
9	~ bk	~ sexe + t	33	~ sexe + t	~ sexe + t
10	~ bk	~ sexe + T	34	~ sexe + T	~ sexe + T
11	~ bk	~ h_2	35	~ $h_2 + t$	~ h_2
12	~ bk	~ $h_2 + t$	36	~ $h_2 + t$	~ $h_2 + t$
13	~ bk	~ $h_2 + T$	37	~ $h_2 + T$	~ $h_2 + T$
14	~ sexe	~ sexe	38	~ $bk + sexe + t$	~ sexe
15	~ sexe	~ sexe + t	39	~ $bk + sexe + t$	~ sexe + t
16	~ sexe	~ sexe + T	40	~ $bk + sexe + T$	~ sexe + T
17	~ h_2	~ h_2	41	~ $bk + h_2 + t$	~ h_2
18	~ h_2	~ $h_2 + t$	42	~ $bk + h_2 + t$	~ $h_2 + t$
19	~ h_2	~ $h_2 + T$	43	~ $bk + h_2 + T$	~ $h_2 + T$
20	~ $bk + sexe$	~ sexe			
21	~ $bk + sexe$	~ sexe + t			
22	~ $bk + sexe$	~ sexe + T			
23	~ $bk + h_2$	~ h_2			
24	~ $bk + h_2$	~ $h_2 + t$			

***Environnement,
Lutte contre
les changements
climatiques,
Faune et Parcs***

Québec 