

# Recommandations pour la récolte de fèces de grands canidés dans le cadre d'inventaires par SCR avec ADN fécal



**Coordination et rédaction**

Cette publication a été réalisée par la Direction de la gestion de la faune du Bas-Saint-Laurent 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.

**Auteurs :**

Jérôme Laliberté, biologiste, M. Sc., DGFa-01

Jonathan Frenette, technicien de la faune, DGFa-01

**Révision scientifique :**

Michaël Bonin, biologiste, Ph. D., DPEFT

Sophie Massé, biologiste, M. Sc., DGFa-03

**Renseignements**

Téléphone : 418 521-3830  
1 800 561-1616 (sans frais)

Formulaire : [www.environnement.gouv.qc.ca/formulaires/reenseignements.asp](http://www.environnement.gouv.qc.ca/formulaires/reenseignements.asp)

Internet : [www.environnement.gouv.qc.ca](http://www.environnement.gouv.qc.ca)

Photo de couverture : Direction de la gestion de la faune du Bas-Saint-Laurent, MELCCFP

Dépôt légal – 2023  
Bibliothèque et Archives nationales du Québec  
ISBN 978-2-555-01108-3

Tous droits réservés pour tous les pays.  
© Gouvernement du Québec – 2025

## Résumé

Les méthodes d'estimation de l'abondance de populations animales permettent aux gestionnaires de la ressource faunique d'obtenir des portraits de populations animales pour des aires ou secteurs définis. Toutefois, les méthodes conventionnelles sont peu adaptées aux espèces difficilement identifiables à l'individu ou présentes en faible densité. L'une des méthodes qui gagne en popularité pour estimer les densités chez les espèces difficilement capturables est la méthode basée sur les modèles de capture-recapture spatialement explicites (*Spatially explicit capture recapture models*; SCR). De façon plus précise, cette méthode, combinée avec un inventaire de capture-recapture par génotypage d'ADN fécal, peut être une solution intéressante en remplacement des inventaires par caméras fondés sur les modèles de rencontres aléatoires (*Random encounter models*). Nous avons donc testé l'efficacité de la méthode SCR pour réaliser des inventaires de densité des coyotes dans les réserves fauniques de Matane et de Dunière à l'été 2023. L'objectif était de rendre compte de l'effet du temps écoulé depuis le dernier passage sur le taux d'identification individuelle par génotypage de l'ADN fécal. Nous avons été en mesure de récolter 77 fèces en trois passages espacés d'un nombre croissant de jours entre chaque passage (3, 5 et 7 jours). Le taux d'identification individuelle variait en fonction du nombre de jours écoulés depuis le dernier passage, atteignant 64,29 % lors du premier passage, 20 % lors du deuxième et 31,58 % lors du troisième. Nos résultats montrent la sensibilité de la méthode à la dégradation de l'ADN contenu dans le mucus qui enveloppe les fèces en fonction du temps écoulé depuis le dernier passage.

## Introduction

La gestion des populations animales implique la prise de décisions éclairées selon les indicateurs de tendance ou d'abondance des populations en question. Cette prise de décisions vise généralement à maintenir les populations à des niveaux durables dans le cas de populations exploitées. Toutefois, dans certains cas, des objectifs de conservation peuvent orienter des décisions qui favoriseront la croissance de certaines populations d'espèces à statut ou qui restreindront la croissance d'espèces compétitrices ou prédatrices. Afin de prendre des décisions éclairées, il est nécessaire d'obtenir les données les plus à jour possible et les plus exactes possible sur les niveaux d'abondance des populations concernées.

Plusieurs méthodes d'estimation de l'abondance (c.-à-d. le décomptes d'individus) ou de la densité (c.-à-d. le nombre d'individus par unité de superficie) permettant aux gestionnaires d'obtenir des portraits des populations animales pour des aires ou des secteurs ciblés ont été développées. Ces méthodes comprennent entre autres les points d'écoute de chants d'oiseaux (Link et collab., 2020), les inventaires aériens (Conn et collab., 2021) et les inventaires par capture-marquage-recapture (CMR; Lindberg, 2012). Cette dernière méthode consiste à déployer un effort de capture dans une aire d'inventaire afin de marquer une portion de la population. Des phases de capture supplémentaires ont ensuite lieu afin de calculer la proportion d'individus marqués recapturés et la proportion d'individus non marqués capturés, ce qui permet d'estimer l'abondance relative de la population dans le secteur ciblé (Lindberg, 2012).

La méthode CMR a récemment fait l'objet d'adaptations et de modifications afin d'être applicable aux espèces à faible densité, difficilement capturables ou difficilement identifiables à l'individu, comme les grands carnivores (Ausband et collab., 2014; Lopez-Bao et collab., 2018) et les ongulés (Brazeal, 2018; Poutanen et collab., 2019). Par exemple, des modèles faisant appel à des caméras automatisées permettent d'estimer la densité des populations de cervidés en fonction d'un taux de déplacement, sans nécessiter l'identification des individus à l'aide de modèles de rencontres aléatoires (*Random encounter models*; Rowcliffe et collab., 2014). D'autres modèles basés sur l'identification individuelle à l'aide de marqueurs génétiques contenus dans le poil ont été adaptés pour permettre d'estimer l'abondance d'espèces à faible densité (ex. : ours noir, *Ursus americanus*; Mowat et Strobeck, 2000). Cependant, ce type d'inventaire implique l'installation de pièges à poils appâtés, ce qui rend son utilisation difficile pour faire l'inventaire d'espèces craintives comme les grands canidés.

Pour l'estimation des abondances de grands canidés, les modèles de capture-recapture spatialement explicites (*Spatially explicit capture recapture models*; Efford et Fewster, 2013) basés sur l'identification individuelle à l'aide de marqueurs génétiques contenus dans l'ADN fécal connaissent un engouement récent. Ce type de modèle se base sur quelques prémisses pour être applicable : 1) on considère que la population cible est fermée pendant la période d'échantillonnage (c.-à-d. qu'il n'y a pas d'immigration, d'émigration, de naissances ou de morts); 2) les détections d'individus sont spatialement indépendantes, ce qui signifie que la probabilité de détecter un individu n'est pas influencée par la présence d'autres individus; 3) on considère que les individus ont un centre d'activité et que leurs déplacements sont centrés sur ce centre d'activités; 4) l'identification d'un individu n'influence pas la probabilité de recapturer cet individu; 5) la localisation des points d'échantillonnage est fixe et précise (Royle et collab., 2005; Efford et collab., 2009). Des équipes des États américains de la Virginie (Morin et collab., 2016) et de l'Arizona (Woodruff et collab., 2021) ont utilisé cette méthode afin d'estimer la densité des populations de coyotes (*Canis latrans*). Cette méthode est peu exigeante sur le plan de l'effort d'inventaire, relativement peu coûteuse et facilement applicable sur le terrain. Cependant, l'effet de certains facteurs environnementaux (ex. : lessivage par les précipitations, détérioration de l'ADN par le rayonnement UV) reste à documenter pour évaluer l'applicabilité de cette méthode aux réalités du Québec, et dans ce cas-ci, en forêt boréale tempérée. Ce rapport présente des recommandations pour la récolte de fèces de coyotes dans le but d'estimer les densités selon une approche CMR utilisant l'ADN fécal comme voie d'identification individuelle. De façon plus précise, nous avons évalué l'effet du temps de passage pour la récolte de fèces et l'impact des conditions environnementales sur l'efficacité de l'identification individuelle par génotypage.

## Méthodes

### Aire d'étude

L'aire d'étude se situait dans les réserves fauniques de Matane et de Dunière (dans la province de Québec, au Canada), plus précisément dans le secteur des étangs à la truite. Les densités des populations de coyotes sont inconnues dans ce secteur. Toutefois, on y effectue un contrôle des populations de prédateurs du caribou de la Gaspésie, notamment le coyote, sur une période quasi annuelle (principalement en automne et en hiver) depuis 1990. Tenant compte du contexte expérimental de cette évaluation de l'applicabilité et de la faisabilité de la méthode CMR par récolte de fèces et identification individuelle basée sur l'ADN fécal, nous avons initialement parcouru plusieurs chemins forestiers afin d'identifier et de présélectionner des secteurs présentant une bonne quantité de fèces de coyotes. Dans un contexte d'inventaire réel sans *a priori*, des chemins devraient être sélectionnés aléatoirement pour s'assurer de la représentativité du paysage. L'ensemble des travaux sur l'aire d'étude ont eu lieu entre le 10 et le 25 juillet 2023. Au total, les chemins sélectionnés s'étendaient sur 43 km linéaires (figure 1).

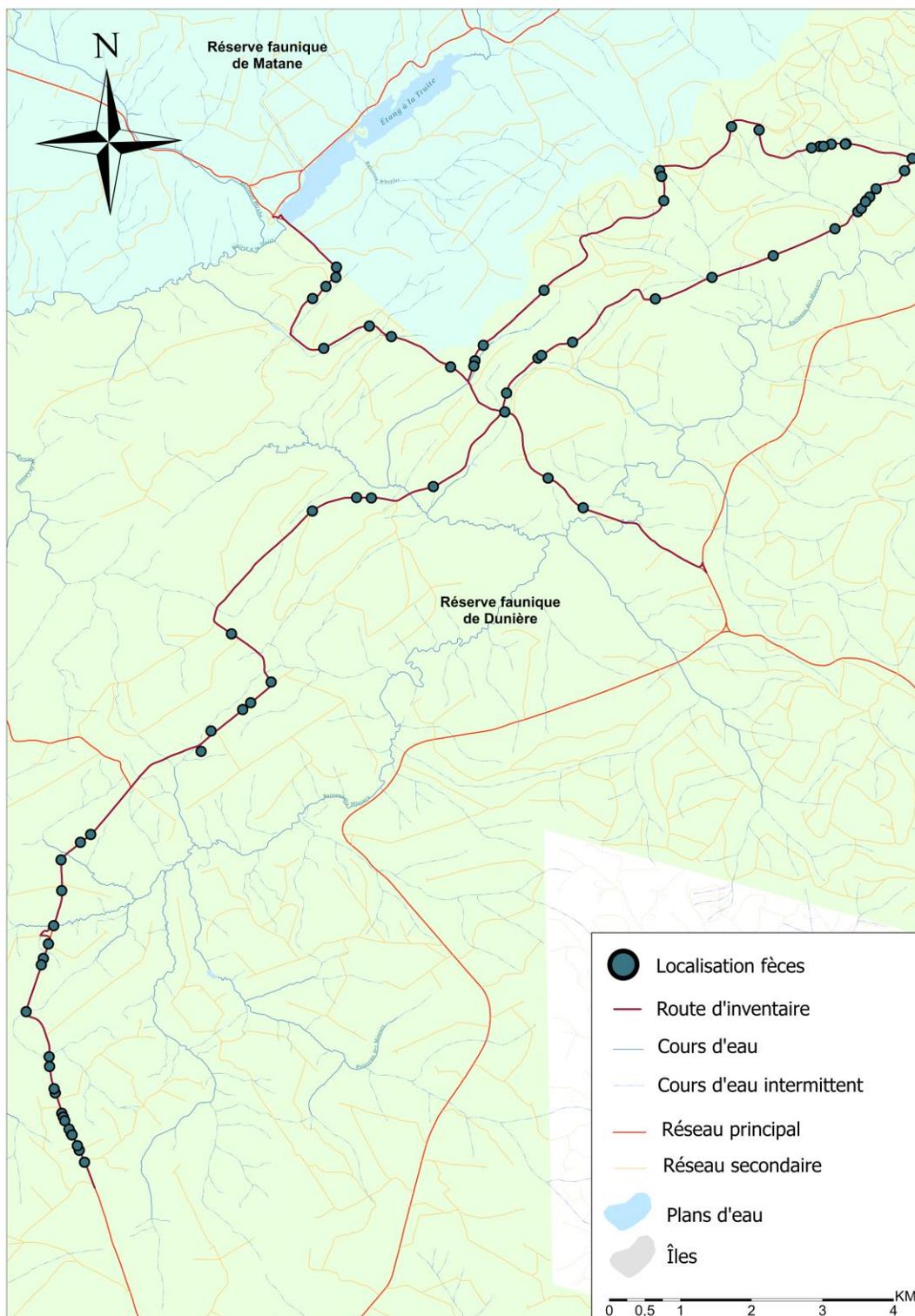


Figure 1. Route d'inventaire et localisation des fèces récoltées lors de l'inventaire du coyote par SCR avec ADN fécal réalisé à l'été 2023 dans les réserves fauniques de Matane et Dunière (Québec, Canada).

## Récolte de fèces

Une fois les chemins sélectionnés, nous avons effectué un premier passage afin de retirer toutes les fèces observées pour obtenir un temps zéro. Nous sommes retournés parcourir les mêmes chemins trois jours après notre premier passage. Lors de ce second passage, nous avons récolté les fèces observées à l'aide d'un sac étanche de type *Whirl-Pak*. Nous avons été rigoureux dans la recherche de fèces afin de nous assurer que nous avons récupéré la totalité de celles-ci, pour éviter que des fèces soient laissées sur place. La date de récolte et la position géographique ont été notées sur le sac d'échantillon afin d'en assurer le suivi. La même méthode a été appliquée pour un troisième et un quatrième passage, après cinq et sept jours respectivement (tableau 1). Comme le loup (*Canis lupus*) est absent de la région du Bas-Saint-Laurent, les fèces de grands canidés échantillonnées ne peuvent qu'appartenir au coyote. Une fois revenus en laboratoire, nous avons placé tous les sacs d'échantillons au congélateur (-20 °C).

Tableau 1. Dates des passages et nombre de jours écoulés depuis la dernière visite lors de l'inventaire du coyote par SCR avec ADN fécal réalisé à l'été 2023 dans les réserves fauniques de Matane et Dunière (Québec, Canada).

# passage	Date	Nombre de jours écoulés depuis le dernier passage
0	10-07-2023	0
1	13-07-2023	3
2	18-07-2023	5
3	25-07-2023	7

## Échantillonnage ADN et analyses

Pour chaque échantillon, nous avons prélevé des cellules épithéliales de l'intestin contenues dans le mucus fécal. Pour y arriver, nous avons laissé les fèces dégeler pendant de 30 à 120 minutes à l'air libre, dépendamment du moment de la manipulation de chacune des fèces. L'objectif était de faire décongeler les fèces pour que le mucus soit dégelé sans que les fèces elles-mêmes le soient, et ce, afin d'éviter de contaminer l'échantillon avec de la matière fécale. Nous avons attribué une cote de qualité à chacune des fèces en laboratoire (tableau 2).

Tableau 2. Descriptif de la cote de qualité attribuée aux fèces récoltées lors de l'inventaire du coyote par SCR avec ADN fécal réalisé à l'été 2023 dans les réserves fauniques de Matane et Dunière (Québec, Canada).

Cote	Description
1	Excellente qualité, mucus visible
2	Semble fraîche, sans nécessairement que du mucus soit visible
3	Semble plutôt sèche

4	Sèche, ne semble pas contenir d'humidité à l'intérieur
5	Cuite par le soleil, très desséchée, écrasée par un véhicule

Nous avons ensuite utilisé des cure-dents plats en bois et frotté les fèces sur au moins deux faces. Il ne doit pas y avoir de transfert de matières fécales sur le cure-dent, mais celui-ci peut être légèrement coloré. Il est important d'utiliser des cure-dents plats et non ronds, car ces derniers ne sont pas suffisamment poreux pour prélever le matériel génétique (David Paetkau, Wildlife Genetics International, comm. pers.). Nous avons fait deux frottis par fèces et avons placé les cure-dents dans des enveloppes de papier (ex. : enveloppes pour pièces de monnaie ou enveloppes pour dents de cervidés) avec un identifiant unique. Les enveloppes de papier peuvent être conservées à température ambiante, à l'abri des rayons du soleil et de l'humidité. Nous avons ensuite envoyé toutes les enveloppes contenant les cure-dents au laboratoire *Wildlife Genetics International* (Colombie-Britannique, Canada; <https://wildlifegenetics.ca/index.html>) pour génotypage et identification individuelle grâce à l'ADN fécal. Les méthodes de séquençage d'ADN ne seront pas abordées dans ce rapport vu la spécificité de telles analyses. Il est fortement recommandé de faire appel à un laboratoire d'expertise.

## Résultats

Nous avons récolté un total de 77 fèces au cours des trois passages (tableau 3; 14 fèces au 1<sup>er</sup> passage, 25 fèces au 2<sup>e</sup> passage, 38 fèces au 3<sup>e</sup> passage). Nous avons classé 34 fèces dans la catégorie de qualité 1, 24 fèces dans la catégorie de qualité 2, 9 fèces dans la catégorie de qualité 3, 4 fèces dans la catégorie de qualité 4 et 6 fèces dans la catégorie de qualité 5 (tableau 4). La qualité des fèces était la meilleure durant le premier passage (85,7 % des fèces étaient de qualité 1 au premier passage, 32 % au deuxième passage et 36,8 % au troisième passage). Des 77 fèces récoltées, 26 étaient suffisamment fraîches pour être identifiables à l'individu par l'analyse de l'ADN fécal. Le meilleur taux de succès d'identification à l'individu a été atteint lors du premier passage (3 jours d'accumulation de fèces), avec un taux d'identification de 64,29 %. Il est important de noter que des pluies abondantes ont eu lieu durant la dernière période, ce qui peut avoir contribué à la détérioration des fèces et donc de l'ADN présent. Les données de précipitation proviennent des relevés de la station météo de Saint-Jean-de-Cherbourg (Québec, Canada) du ministère de l'Environnement, de la Lutte contre les changements climatiques, de la Faune et des Parcs du Québec.

Tableau 3. Taux de succès (%) de l'identification à l'individu à partir de l'ADN fécal selon les passages lors de l'inventaire du coyote par SCR avec ADN fécal réalisé à l'été 2023 dans les réserves fauniques de Matane et Dunière (Québec, Canada).

# passage	Date	Jours depuis le dernier passage	Précipitations depuis le dernier passage (mm)	Fèces identifiées	Fèces récoltées	Taux de succès (%)
2	13-07-2023	3	17,4	9	14	64,29
3	18-07-2023	5	17,6	5	25	20,00
4	25-07-2023	7	45,6	12	38	31,58

La qualité des fèces influençait fortement le succès de l'identification à l'individu. La moitié des fèces classées dans la catégorie de qualité la plus élevée (cote de qualité de 1) ont pu être identifiées à l'individu, alors que le taux de succès des fèces de qualité 2 diminuait pour atteindre 29,17 % (tableau 4). La faible taille d'échantillons des fèces ayant les cotes de qualité 3, 4 et 5 limite notre capacité de juger de leur valeur pour l'identification individuelle par ADN fécal dans ce projet. En ce qui concerne ces cotes de qualité, les résultats pour la proportion de fèces identifiées doivent être considérés avec prudence. Cependant, il serait justifié de croire qu'un patron décroissant de succès d'identification serait observable pour les fèces ayant ces cotes de qualité, comme pour les fèces de qualité 2.

Tableau 4. Taux de succès (%) d'identification à l'individu à partir de l'ADN fécal selon la cote de qualité lors de l'inventaire du coyote par SCR avec ADN fécal réalisé à l'été 2023 dans les réserves fauniques de Matane et Dunière (Québec, Canada).

Cote	Fèces identifiées	Fèces récoltées	Taux de succès (%)
1	17	34	50,00
2	7	24	29,17
3	0	9	0,00
4	2	4	50,00
5	0	6	0,00

Cet inventaire non aléatoire a permis d'identifier 15 individus distincts. De ce nombre, sept ont généré plus d'un échantillon et six ont été identifiés lors de plus d'un passage (recapture) d'après leur ADN (tableau 5).

Tableau 5. Nombre d'individus et de recaptures par individu identifié lors de l'inventaire du coyote par SCR avec ADN fécal réalisé à l'été 2023 dans les réserves fauniques de Matane et Dunière (Québec, Canada), selon le nombre de passages (voir le tableau 1).

Identifiant	Nombre d'échantillons	Passage 2	Passage 3	Passage 4
2	1	1		
3	2	1		1
4	1	1		
8	1	1		
9	2	1		1
10	5	3	1	1
13	2	1	1	
22	3		2	1
30	2		1	1
47	1			1
49	2			2
59	1			1
61	1			1
67	1			1
77	1			1

## Recommandations et conclusion

Nous avons observé une diminution du taux de succès de l'identification génétique par l'ADN fécal en fonction du temps depuis le dernier passage sur les chemins forestiers visés pour la récolte de fèces de coyotes dans les réserves fauniques de Matane et Dunière (Québec, Canada) à l'été 2023. D'après nos observations, nous recommandons de limiter le temps écoulé entre les passages à un maximum de 3 jours. Ce délai semble suffisant pour permettre la déposition d'un nombre de fèces relativement élevé. Il contribue fortement à la qualité élevée des fèces récoltées et par le fait même, au succès de l'identification à l'individu à l'aide de l'approche par ADN fécal. Selon cette recommandation pour l'aire d'étude de ce projet, en appliquant un temps d'accumulation de 2 à 3 jours, il serait possible de planifier de 4 à 6 routes d'inventaire totalisant un maximum de 100 km afin de combler une demi-journée chacune, et ces routes seraient toutes visitées dans un délai de 3 jours.

L'un des facteurs qui semblait avoir une influence importante sur la qualité des fèces était les précipitations. La pluie a pour effet de lessiver les fèces de tout mucus et donc du matériel génétique contenu dans ce mucus (Brinkman et collab., 2010). De plus, une fois le mucus retiré, les fèces sont beaucoup plus vulnérables à la dessiccation par le soleil. Nous recommandons donc de sélectionner une période d'inventaire où les précipitations sont faibles, autant en fréquence qu'en volume.

Finalement, le modèle mathématique utilisé pour analyser ce type d'inventaire (capture-recapture spatialement explicite) a comme prémisse qu'il s'agit d'une population fermée (c.-à-d. aucune entrée ni sortie d'individus dans la population). Il est donc important de sélectionner une période d'inventaire hors de la période des naissances pour éviter l'apport de nouveaux individus dans le secteur d'étude, et hors des périodes de piégeage ou de contrôle pour éviter le retrait d'individus du secteur d'étude. Si ces deux éléments ne sont pas respectés, ils auront pour effet une surestimation de l'abondance de la population dans l'aire d'étude ciblée. Il est d'autant plus important d'éviter la période des naissances, car les grands canidés comme le coyote sont peu mobiles durant cette période afin de répondre aux besoins des jeunes (Bekoff et Gese, 2003). Ceci fera diminuer la probabilité de détection des individus en raison d'un taux de déposition de fèces potentiellement plus faible au sein de l'aire d'études (ex. : sur les chemins forestiers), ce qui se traduira par une estimation biaisée de l'abondance de la population.

Malgré les contraintes mentionnées précédemment, nous sommes d'avis que cette méthode pourrait être une avenue efficace et efficiente pour évaluer la densité des populations d'espèces à faible densité, difficilement observables ou difficilement capturables. La méthode est relativement facile à appliquer sur le terrain et est relativement peu énergivore. De plus, cette méthode ne nécessite pas l'achat de matériel spécialisé. Cependant, des coûts sont à prévoir pour les analyses génétiques (voir l'annexe I).

## Remerciements

Nous tenons à remercier Karen Savard et Sophie Proudfoot pour leur aide lors des périodes de récolte de fèces. Nous remercions également Michaël Bonin et Sophie Massé pour leurs commentaires constructifs sur des versions précédentes de ce rapport.

## Références bibliographiques

- Ausband, D. E., L. N. Rich, E. M. Glenn, M. S. Mitchell, P. Zager, D. A. W. Miller, L. P. Waits, B. B. Ackerman et C. M. Mack. (2014). Monitoring gray wolf populations using multiple survey methods. *The Journal of Wildlife Management*, 78(2), 335-346.
- Bekoff, M., & Gese, E. M. (2003). Coyote (*Canis latrans*) Dans : Feldhamer, G. A., Thompson, B. C., & Chapman, J. A. (Eds.). (2003). *Wild mammals of North America: biology, management, and conservation*. JHU Press.
- Brazeal, J. L. (2018). *Utilization of Spatial Capture-Recapture and Non-Invasive Sampling Methods for Monitoring Ungulate Populations*. University of California, Davis.
- Brinkman, T. J., Schwartz, M. K., Person, D. K., Pilgrim, K. L., & Hundertmark, K. J. (2010). Effects of time and rainfall on PCR success using DNA extracted from deer fecal pellets. *Conservation Genetics*, 11, 1547-1552.
- Conn, P. B., Chernook, V. I., Moreland, E. E., Trukhanova, I. S., Regehr, E. V., Vasiliev, A. N., ... & Boveng, P. L. (2021). Aerial survey estimates of polar bears and their tracks in the Chukchi Sea. *PLoS One*, 16(5), e0251130.
- Efford, M. G., & Fewster, R. M. (2013). Estimating population size by spatially explicit capture–recapture. *Oikos*, 122(6), 918-928.
- Efford, M. G., Borchers, D. L., & Byrom, A. E. (2009). Density estimation by spatially explicit capture–recapture: likelihood-based methods. *Modeling demographic processes in marked populations*, 255-269.
- Lindberg, M. S. (2012). A review of designs for capture–mark–recapture studies in discrete time. *Journal of Ornithology*, 152(Suppl 2), 355-370.
- Link, W. A., Sauer, J. R., & Niven, D. K. (2020). Model selection for the North American breeding bird survey. *Ecological Applications*, 30(6), e02137.
- Lopez-Bao, J. V., R. Godinho, C. Pacheco, F. J. Lema, E. Garcia, L. Llaneca, V. Palacios & J. Jimenez. (2018). Toward reliable population estimates of wolves by combining spatial capture-recapture models and non-invasive DNA monitoring. *Scientific reports*, 8(1), 2177.
- Mowat, G., & Strobeck, C. (2000). Estimating population size of grizzly bears using hair capture, DNA profiling, and mark-recapture analysis. *The Journal of wildlife management*, 183-193.
- Poutanen, J., Pusenius, J., Wikström, M., & Brommer, J. E. (2019). Estimating population density of the white-tailed deer in Finland using non-invasive genetic sampling and spatial capture–recapture. In *Annales Zoologici Fennici* (Vol. 56, No. 1-6, pp. 1-16). Finnish Zoological and Botanical Publishing Board.
- Rowcliffe, J. M., Carbone, C., Kays, R., Kranstauber, B., Jansen, P. A., Meek, P., & Fleming, P. (2014). Density estimation using camera trap surveys: the random encounter model. *Camera trapping: wildlife management and research*. CSIRO Publishing, Melbourne, Australia, 317-324.
- Royle, J. A., Nichols, J. D., & Kéry, M. (2005). Modelling occurrence and abundance of species when detection is imperfect. *Oikos*, 110(2), 353-359.
- Woodruff, S. P., Eacker, D. R., & Waits, L. P. (2021). Estimating coyote densities with local, discrete Bayesian capture-recapture models. *The Journal of Wildlife Management*, 85(1), 73-86.

## ANNEXE I

### Coût des analyses

Description	Coût unitaire
Frais d'ouverture de dossier	930,00 \$
Génotypage des microsatellites	69,50 \$

Liste des loci utilisés pour géotyper les individus :

ZFX/ZFY (marqueur de sexe)

REN105L03

REN144A06

REN145P07

REN16E23

REN68B08

REN94H15

AHT121