

UNIVERSITÉ DU QUÉBEC À RIMOUSKI

**Estimation des densités d'ours noirs par CMR et
génotypage des poils : améliorations et perspectives liées
au suivi télémétrique GPS**

Mémoire présenté

dans le cadre du programme de maîtrise en Gestion de la faune et de ses habitats
en vue de l'obtention du grade de M. Sc. maître ès sciences

PAR

© **CHRISTINE CHICOINE**

Mai 2014

Composition du jury :

Dominique Berteaux, président du jury, Université du Québec à Rimouski

Martin-Hugues St-Laurent, directeur de recherche, Université du Québec à Rimouski

**Christian Dussault, codirecteur de recherche, Ministère du Développement durable,
de l'Environnement, de la Faune et des Parcs**

**Claude Dussault, examinateur externe, Ministère du Développement durable, de
l'Environnement, de la Faune et des Parcs**

Dépôt initial le 22 janvier 2014

Dépôt final le [28 mai 2014]

UNIVERSITÉ DU QUÉBEC À RIMOUSKI
Service de la bibliothèque

Avertissement

La diffusion de ce mémoire ou de cette thèse se fait dans le respect des droits de son auteur, qui a signé le formulaire « *Autorisation de reproduire et de diffuser un rapport, un mémoire ou une thèse* ». En signant ce formulaire, l'auteur concède à l'Université du Québec à Rimouski une licence non exclusive d'utilisation et de publication de la totalité ou d'une partie importante de son travail de recherche pour des fins pédagogiques et non commerciales. Plus précisément, l'auteur autorise l'Université du Québec à Rimouski à reproduire, diffuser, prêter, distribuer ou vendre des copies de son travail de recherche à des fins non commerciales sur quelque support que ce soit, y compris l'Internet. Cette licence et cette autorisation n'entraînent pas une renonciation de la part de l'auteur à ses droits moraux ni à ses droits de propriété intellectuelle. Sauf entente contraire, l'auteur conserve la liberté de diffuser et de commercialiser ou non ce travail dont il possède un exemplaire.

REMERCIEMENTS

En premier lieu, j'aimerais remercier mon directeur de recherche Martin-Hugues St-Laurent qui m'a permis de réaliser cette étape importante de ma vie. Martin-Hugues, bien que nos personnalités soient très différentes, nous avons su mener à terme ce projet grâce à ta disponibilité, ta grande compréhension et à la pertinence de tes conseils scientifiques. Merci infiniment pour ton aide. Merci également à mon co-directeur Christian Dussault qui a été très présent tout au long du déroulement de ma maîtrise. Christian, j'ai été agréablement surprise par tes qualités pédagogiques, tes généreux conseils et la clarté de tes explications.

J'aimerais également remercier Dany Garant, Fanie Pelletier et Hélène Presseault-Gauvin de l'Université de Sherbrooke pour leur accueil prolongé dans les laboratoires de génétique. Un merci tout spécial à Karine Robert qui est venue faire progresser mes analyses et égayer mes journées solitaires. Merci d'avoir travaillé aussi fort! Sans ton aide, je n'en serais jamais venue à bout! Également, un gros merci à Glenn Yannic qui a croisé mon chemin de façon inattendue. Merci pour ton approche pleine de générosité et de patience qui m'a permis d'avancer rapidement lors de mon dernier automne.

Merci à toute l'équipe du laboratoire St-Laurent, les anciens comme les nouveaux : Mathieu L., Rémi, Fred, Limoilou, Solène, Martin, William, David, Marie-Audrey, Alexandra, Jonathan et Mathieu B.. Merci pour les bons moments partagés et pour votre soutien technique et moral. Merci aussi aux membres de l'équipe Bêty-Berteaux car, je l'avoue, je me permettais aussi d'aller demander conseils dans d'autres laboratoires que le mien parfois... Un merci tout spécial à Rémi pour le terrain et à mes assistants Kathleen, Nicolas, Jean, Jean-Philippe et Francis. J'ai été choyée d'avoir une équipe aussi performante et dynamique. Merci aussi à Claude Dussault, Serge Gravel, Carol Harvey et

Gilles Lupien de l'équipe du MDDEF du Saguenay-Lac-St-Jean. Travailler et vivre avec vous a été une très belle expérience.

Je voudrais également remercier Alain Caron et Robert Schneider de m'avoir fait découvrir l'enseignement qui fut sans contredit un des points forts de mes deux années de maîtrise et, qui sait, peut-être une future vocation. Merci aussi à Yves Lemay, Corinne et Monique pour leur bonté, leur générosité, leur présence rassurante et leur compréhension sans limites. Vous représenterez toujours à mes yeux un exemple d'harmonie et d'équilibre que je chercherai à atteindre dans ma vie familiale. Je vise aussi d'avoir un beau potager comme le vôtre un jour...

Maintenant, à titre encore plus personnel, j'aimerais remercier les membres de ma famille. D'abord, merci à mes parents et à ma sœur pour leur soutien moral indispensable. Merci d'être toujours en accord avec ce que j'entreprends et de me faire confiance, peu importe l'étrangeté de mes décisions. Merci également à Francis qui a été sans l'ombre d'un doute un pilier dans le choix de ce projet. Merci d'avoir patienté durant mes absences prolongées. Désolée pour les sautes d'humeur et les périodes de crise. Je dois te donner la part qui te revient, ce mémoire n'aurait jamais vu le jour sans toi. Finalement, un immense merci à mon cousin Sylvain et sa conjointe Noëlla chez qui je m'étais naïvement présentée à Sherbrooke avec l'intention de rester « maximum deux mois ». Sylvain, après cinq mois de colocation, je peux définitivement dire que tu es le meilleur cousin du monde! Et Noëlla merci infiniment pour tes cours sur le comportement humain, ces notions me serviront toute ma vie...

Un grand merci à tous mes amis pour leur écoute et leur soutien. Ces années m'ont permis de découvrir des personnes exceptionnelles qui, je l'espère, resteront dans ma vie. Un merci tout spécial à Catherine Dou, Catherine Mo et Marie-Audrey qui m'ont beaucoup entendue chialer durant les derniers mois et qui ont continué à m'encourager malgré tout. Sincèrement, merci à tous d'avoir été la sphère sur laquelle je pouvais m'appuyer de tout mon poids. Votre présence dans ma vie m'a permis d'atteindre l'équilibre dont j'avais besoin pour m'attaquer à la rédaction de mon mémoire.

Pour finir, ce projet n'aurait pu être réalisé sans le soutien financier de plusieurs organismes : le Ministère du Développement durable, de l'Environnement, de la Faune et des Parcs (MDDEFP), l'Université du Québec à Rimouski (UQAR), le Conseil national de la recherche en sciences naturelles et en génie du Canada (CRSNG) et le Fonds québécois de recherche sur la nature et les technologies (FQRNT). Merci.

RÉSUMÉ

La gestion de l'ours noir au Québec est basée sur des modèles de simulation offrant moins de précision que des inventaires. L'objectif principal de ce projet était d'améliorer la méthode d'inventaire des populations d'ours noirs basée sur la reconnaissance individuelle par l'analyse génétique de poils. Plus précisément, nous voulions évaluer le respect de la prémisse d'équiprobabilité de capture entre les individus et étudier les facteurs spatio-temporels influençant l'utilisation d'une station par les ours tels que la date de son installation, la période de l'été et les caractéristiques de l'habitat entourant la station. Pour ce faire, nous avons simultanément récolté des poils d'ours et réalisé un suivi télémétrique GPS d'individus au nord-est du Saguenay-Lac-St-Jean à l'été 2011. L'inventaire nous a permis d'estimer la densité d'ours noirs à 2,56 individus/10 km² (IC95% : 1,53 – 4,26) dans l'aire d'étude. Le modèle le plus parcimonieux indique que la probabilité de capture était influencée par le temps et hétérogène entre les individus et que l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminuait était également hétérogène entre les individus. Nos résultats suggèrent que tous les ours sélectionnaient les stations, peu importe leurs caractéristiques individuelles. La probabilité d'utilisation des stations augmentait avec le temps écoulé depuis leur installation et ces dernières étaient davantage utilisées durant la période de forte abondance en petits fruits. Ces résultats pourraient être liés à l'augmentation des taux de déplacement observée durant cette période. La probabilité d'utilisation des stations se stabilisait toutefois à partir de 39,7 jours suivant leur installation. Aucune variable d'habitat en périphérie des stations n'était liée à leur probabilité d'utilisation. De nos résultats découlent certaines recommandations permettant d'améliorer ce type d'inventaire, notamment la réduction de la durée d'inventaire à un maximum de 6 semaines, le démarrage plus tardif de l'échantillonnage (~fin juillet – début août), l'augmentation de la densité des stations (jusqu'à 1 station/10 km²) et l'installation des stations à proximité des chemins. Nous jugeons cette méthode très prometteuse à condition de réduire au maximum les sources d'erreurs de génotypage.

Mots clés : méthodes non invasives d'estimation d'abondance, ours noir, génotypage des poils, suivi télémétrique GPS, capture-marquage-recapture, analyse de sélection d'habitat, caractéristiques individuelles, équiprobabilité de capture, facteurs spatio-temporels, réponse comportementale.

ABSTRACT

Management of black bear in Quebec is based on simulation models that give less accurate population estimates than field surveys. The main purpose of this project was to improve the black bear survey method based on individual identification by genotyping hair samples to estimate population size. More precisely, we wanted to evaluate the equiprobability of capture postulate and to examine the spatio-temporal factors influencing the use of a station by bears like the installation date, the period of summer and the habitat characteristics around the station. To do so, we simultaneously collected hairs and conducted a GPS telemetry survey on individuals in northeastern Saguenay-Lac-St-Jean in summer 2011. The survey allowed us to estimate black bear density to 2.56 individuals/10 km² (95% CI: 1.53 – 4.26) in our study area. The most parsimonious model indicates that the probability of capture was influenced by the time elapsed and was heterogeneous between individuals; the spatial extent on which the capture probability decreases was also heterogeneous between individuals. Our results demonstrated that bears selected baited stations, no matter their individual characteristics. The probability of using a station increased with time elapse since its installation and was higher during the period of high abundance of berries. These results could be related to increased rates of movement observed during that period. The probability of using a station stabilized 39.7 days after installation, and was not related to specific habitat characteristics at proximity. Based on our results, we recommend, in order to improve the survey protocol, to reduce survey duration to a maximum of 6 weeks, to begin sampling in late July or early August, to increase the hair snag station density up to 1 station/10 km², and to install stations along roads. We believe that the method we propose is very promising, but specific attention should be devoted to minimise sources of genotyping errors.

Keywords : noninvasive survey methods, black bear, genotyping hair samples, GPS telemetry monitoring, capture-mark-recapture, resource selection function, individual characteristics, equiprobability of capture, spatio-temporal factors, behavioral response.

TABLE DES MATIÈRES

REMERCIEMENTS	vii
RÉSUMÉ	xi
ABSTRACT	xiii
TABLE DES MATIÈRES	xv
LISTE DES TABLEAUX	xvii
LISTE DES FIGURES	xix
CHAPITRE 1. INTRODUCTION GÉNÉRALE	1
CHAPITRE 2. UTILISATION DE LA TÉLÉMÉTRIE GPS POUR AMÉLIORER L'ESTIMATION DES DENSITÉS D'OURS NOIRS PAR CMR ET GÉNOTYPAGE DES POILS	13
Résumé	13
Introduction	15
Méthodes	17
Résultats	26
Discussion	28
Implications pour la gestion de l'ours noir	33
Remerciements	34
Références	35
CHAPITRE 3. CONCLUSION	55
RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES	63

LISTE DES TABLEAUX

- Tableau 1.** Caractéristiques génétiques des 7 loci microsatellites basées sur les 150 individus identifiés. PI = probabilité d'identité frère-sœur, PIsibs = probabilité d'identité entre individus hautement apparentés, H_O = hétérozygotie observée, H_E = hétérozygotie attendue.43
- Tableau 2.** Modèles utilisés pour estimer la densité de population par maximisation de la vraisemblance pour des captures-recaptures spatialement explicites. g = la fonction de probabilité de détection en fonction de la distance à une station et s = l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de détection diminue. Les modèles peuvent inclure les effets suivants : réponse comportementale à une première capture (b), hétérogénéité individuelle de la probabilité de capture (h) et influence du temps sur la probabilité de capture (t).44
- Tableau 3.** Densité d'ours estimée (individu/10km²) avec les modèles de population par maximisation de la vraisemblance pour des captures-recaptures spatialement explicites. AIC_C = critère d'information d'Akaike corrigé, ΔAIC_C = différence d' AIC_C par rapport au modèle le plus parcimonieux, IC 95% = intervalle de confiance à 95% [limite inférieure : limite supérieure] et C.V. = coefficient de variation.46
- Tableau 4.** Résultats du processus de sélection des modèles candidats utilisés pour évaluer la réponse comportementale des ours face aux stations de capture de poils. K = nombre de paramètres, LL = Log Likelihood, AIC_C = critère d'information d'Akaike corrigé, ΔAIC_C = différence d' AIC_C par rapport au modèle le plus parcimonieux et ω = poids d'Akaike ($n = 18$ individus).47
- Tableau 5.** Estimation des coefficients (β) et des intervalles de confiance à 95% [limite inférieure : limite supérieure] des variables incluses dans le meilleur modèle expliquant la réponse comportementale des ours aux stations de capture de poils. Les coefficients dont l'effet était significatif (c.-à-d. pour lesquels l'intervalle de confiance à 95% n'incluait pas zéro) sont en caractères gras.48

Tableau 6. Résultats du processus de sélection des modèles candidats utilisés pour évaluer l'influence des facteurs spatio-temporels sur la probabilité d'utilisation des stations par les ours. K = nombre de paramètres, LL = Log Likelihood, AIC_C = critère d'information d'Akaike corrigé, ΔAIC_C = différence d' AIC_C par rapport au modèle le plus parcimonieux et ω = poids d'Akaike ($n = 82$ stations)..... 49

Tableau 7. Estimation des coefficients (β) et des intervalles de confiance à 95% [limite inférieure : limite supérieure] des variables incluses dans le meilleur modèle décrivant l'influence des facteurs spatio-temporels sur l'utilisation des stations par les ours. Les coefficients dont l'intervalle de confiance n'inclue pas zéro sont en caractères gras. 50

LISTE DES FIGURES

- Figure 1.** Localisation de l'aire d'étude au Saguenay-Lac-Saint-Jean, Québec. Les stations de capture de poils ainsi que les domaines vitaux (MCP 100%) des ours suivis par télémétrie sont indiqués.....51
- Figure 2. a)** Distribution des fréquences absolues du nombre de jours écoulés depuis l'installation d'une station en fonction de la période. La période de faible abondance est comprise entre le 18 juin et le 31 juillet, alors que la période de forte abondance s'étend du 1 au 21 août. **b)** Relation entre la probabilité qu'une station ait été fréquentée par un ours et l'interaction entre le nombre de jours écoulés depuis son installation et la période. Les relations ont été modélisées à l'intérieur des plages de valeurs observées.52
- Figure 3. a)** Nombre d'individus suivis par télémétrie en fonction de la date et selon leur sexe. **b)** Taux de déplacement moyen \pm SE (m/h) des mâles et des femelles suivis par télémétrie en fonction de la date.53

CHAPITRE 1.

INTRODUCTION GÉNÉRALE

Il y a quelques décennies, la gestion de la faune visait principalement à encadrer l'exploitation des espèces de gibier. Aldo Leopold (1933) définissait cette science comme « *l'art de faire produire à la nature une quantité soutenue d'animaux sauvages pour des fins d'exploitation récréative* ». La gestion de la faune a bien évolué et s'intéresse aujourd'hui non seulement à son exploitation, mais également à ses impacts sur l'environnement. Ainsi, le gestionnaire de la faune doit travailler avec les concepts de gestion intégrée des ressources, de capacité de support sociale et de conservation, mais il doit aussi utiliser des techniques de pointe pour assurer le suivi des populations animales et veiller à ce que l'exploitation d'une espèce ne la mette pas en péril.

Une saine gestion des espèces fauniques exploitées implique le suivi des populations (Boitani et Fuller 2000). Ce suivi vise à connaître l'état actuel d'une population et son évolution dans le temps, ce qui permet de mesurer l'impact des modalités d'exploitation. Idéalement, le gestionnaire doit pouvoir établir le taux de prélèvement qui permet à la population de se maintenir à une densité cible (rendement soutenu). Le suivi peut être réalisé grâce à des inventaires qui permettent de dénombrer les individus et même parfois de connaître la structure d'une population (p. ex. : recrutement, rapport des sexes) ou à partir d'indicateurs biologiques (p. ex. : condition physique, rapport des sexes) et/ou d'exploitation (p. ex. : récolte, effort de chasse, succès de chasse) (Thompson 2004). Les indicateurs nécessitent cependant une bonne connaissance de l'écologie de l'espèce et leur intérêt se limite principalement à évaluer la tendance d'une population. Les inventaires offrent donc une information de meilleure qualité, mais exigent davantage de ressources humaines et monétaires, ce qui limite leur utilisation (Boitani et Fuller 2000). La gestion

d'une population faunique devient toutefois hasardeuse si son abondance ou sa densité n'a pas été déterminée au préalable (Boitani et Fuller 2000). En effet, l'estimation des niveaux de population est sans contredit au premier plan des stratégies de gestion des espèces fauniques, car elle permet l'établissement du rendement maximal à l'équilibre et elle sert d'information de base dans les modèles de simulation de population (Getz et Haight 1989). Ainsi, la saine gestion d'une population passe par la détermination de son abondance.

Les méthodes d'estimation de l'abondance

Avant même de déterminer son abondance, une population doit être bien définie dans le temps et dans l'espace (Thompson *et al.* 1998). L'abondance doit être considérée comme un paramètre qui caractérise une population vivant sur une aire d'étude définie et pendant une période de temps précise (Thompson *et al.* 1998). La valeur de ce paramètre peut être obtenue par recensement ou par inventaire, c'est-à-dire par le dénombrement de chacun des spécimens ou par l'estimation de leur nombre en s'appuyant sur la détection d'une partie des individus ou l'observation de signes de présence (Thompson *et al.* 1998; Seber 2002). Puisqu'il s'avère généralement difficile de réaliser des recensements chez plusieurs espèces, il est nécessaire d'estimer leur abondance (Boitani et Fuller 2000; Sutherland 2008). En effet, effectuer un recensement implique la détection de tous les individus dans l'aire d'étude, ce qui peut s'avérer difficilement réalisable dans le cas d'espèces mobiles et cryptiques ou lorsque la végétation du milieu est dense (MacKenzie *et al.* 2002; Sutherland 2008). L'estimation d'abondance peut alors s'effectuer par dénombrement, par des méthodes impliquant la capture des individus ou avec des indices d'abondance. Chacune de ces méthodes présente des avantages et des inconvénients et s'applique à certains groupes d'espèces.

Les dénombrements de population peuvent être effectués à l'aide de plusieurs méthodes telles que l'échantillonnage double (lib. *double sampling*), le sous-échantillonnage avec individus marqués (lib. *marked subsample*), l'échantillonnage à plus d'un observateur (lib. *double survey*) et les transects (lib. *line transect*). Ces démarches sont

moins coûteuses que les recensements, mais sont aussi moins précises, car l'estimation de l'abondance de population obtenue s'accompagne d'une variance qui est plus ou moins élevée selon les ressources investies (Seber 2002). De telles méthodes sont utilisées, par exemple, afin d'estimer l'abondance de populations d'oiseaux coloniaux et de cervidés (Potvin et Breton 2005).

Les méthodes d'estimation d'abondance par capture peuvent être basées sur le retrait des individus ou sur leur marquage puis leur recapture. Le retrait d'individus peut se faire de manière sélective en effectuant un changement de ratio des sexes (p. ex. : prélèvement des mâles par des activités de chasse) ou non sélective (p. ex. : capture par unité d'effort, modèle de retrait et retrait jumelé à un indice d'abondance) (Krebs 1999). Les techniques de Capture-Marquage-Recapture (ci-après CMR) représentent une autre famille de méthodes qui peuvent être de nature invasive si elles impliquent l'observation directe ou la manipulation préalable d'individus (p. ex. : pour le baguage, la pose d'un émetteur de télémétrie ou l'implantation de traceurs radioactifs) ou non invasive si les animaux n'entrent jamais en contact avec l'équipe responsable de l'inventaire (p. ex. : par l'utilisation de caméras à détection de mouvement ou la récolte de fèces ou de poils; Jorgenson *et al.* 1997, Woods *et al.* 1999). En général, les méthodes d'estimation non invasives ont l'avantage de minimiser les stress induits à l'animal ainsi que les risques de blessure (Taberlet et Luikart 1999; Long *et al.* 2008). Ces méthodes sont grandement utilisées entre autres pour les inventaires d'oiseaux, de sciuridés, de bovidés et d'ursidés.

Finalement, l'utilisation des indices d'abondance s'appuie sur le principe que certaines espèces sont extrêmement difficiles, voire impossibles à observer ou à capturer et qu'il est donc plus facile d'utiliser un indice de densité relatif et non un indice de densité absolu (Boitani et Fuller 2000; Seber 2002). On a alors recours à des indices qui doivent refléter les variations d'abondance de la population et qui doivent être validés et calibrés afin de s'assurer qu'ils sont réellement corrélés avec l'abondance de celle-ci (Boitani et Fuller 2000; St-Laurent et Ferron 2008). S'ils sont fiables, ces indices permettent des estimations à plus faibles coûts, car ils sont généralement moins dispendieux à récolter (Boitani et Fuller 2000). Les indices d'abondance peuvent être estimés de manière directe,

en échantillonnant une fraction des individus dans des unités d'échantillonnage, ou de manière indirecte en observant des signes de présence (Boitani et Fuller 2000; Seber 2002). Malheureusement, plusieurs indices d'abondance sont utilisés sans être validés, ce qui mène souvent à une mauvaise estimation de la trajectoire démographique des populations étudiées (Boitani et Fuller 2000). Les indices d'abondance comprennent, par exemple, les inventaires de chants (oiseaux nicheurs; Riddle *et al.* 2010), les décomptes de fèces (micromammifères, ongulés; Nelson et Clark 1973, Krebs *et al.* 1987, St-Laurent et Ferron 2008), les décomptes de huttes ou de nids (castor, oiseaux; Payne 1981) et la récolte d'animaux à fourrure (Lamontagne *et al.* 2006).

Le choix de la méthode d'inventaire appropriée et éventuellement la sélection d'un modèle d'estimation doit reposer sur la qualité des résultats attendus en termes d'exactitude (c.-à-d. la distance entre la valeur prédite et la valeur réelle), de précision (c.-à-d. l'inverse de la distance entre les valeurs prédites suivant plusieurs estimations), de puissance statistique (c.-à-d. la probabilité de rejeter l'hypothèse nulle quand elle est fausse et doit être rejetée), ainsi que des ressources disponibles et des postulats de chaque méthode (Seber 2002). En considérant le fait qu'une estimation très précise (c.-à-d. présentant une variance faible) peut tout de même s'avérer inexacte, il est préférable d'obtenir des estimations moins précises, mais dont la valeur réelle d'abondance est comprise à l'intérieur de l'intervalle de confiance de l'estimé.

La gestion de l'ours noir

L'ours noir (*Ursus americanus*) a deux statuts d'exploitation au Québec; il est considéré comme un gros gibier et un animal à fourrure (Lamontagne *et al.* 2006). Il est donc exploité par la chasse sportive et par le piégeage. De son exploitation découlent des retombées économiques non négligeables qui étaient estimées à environ 5,6 millions de dollars en 2000 et ce, pour les activités de chasse seulement (MRNF 2004). De plus, les rencontres ours – humains semblent avoir augmenté dans certaines régions au cours des dernières décennies (Lamontagne *et al.* 2006; Plante *et al.* 2013). Cela pourrait s'expliquer

par une hausse de l'accessibilité aux milieux forestiers liée à la création de chemins voués à l'exploitation forestière ainsi que par l'augmentation des activités et infrastructures de villégiature (Hristienko et McDonald 2007). Ces deux facteurs augmenteraient les contacts ours – humains de telle sorte qu'ils sont plus souvent observés. Selon certains gestionnaires, il semblerait que cette augmentation ne soit pas directement associée à une croissance de la densité d'ours sur le territoire québécois (Lamontagne *et al.* 2006); cependant, cette hypothèse demeure à être démontrée. Dans un contexte où l'ours noir est reconnu comme une importante espèce gibier au Québec et considérant l'augmentation d'occurrence des interactions ours – humains dans l'est du Canada, une bonne gestion des populations de cette espèce s'avère prioritaire.

Malheureusement, le recensement de l'ours noir est impensable puisqu'il s'agit d'un animal discret au comportement solitaire, ayant un grand domaine vital et fréquentant majoritairement des milieux boisés difficiles d'accès (Feldhamer *et al.* 2003; Bellemain *et al.* 2005; Obbard *et al.* 2010; Harris *et al.* 2011). Le dénombrement des ours polaires (*Ursus maritimus*) (U.S. Fish and Wildlife Service 1994) et des grizzlys (*Ursus arctos*) (Keating 1986) peut être effectué par observation directe, car ces espèces fréquentent des milieux très ouverts. Cependant, l'ours noir habite en forêt et il demeure dans sa tanière durant tout l'hiver au moment où les animaux sont plus faciles à détecter par inventaire aérien (Lamontagne *et al.* 2006).

Afin de pallier cette lacune, de nombreuses méthodes d'estimation d'abondance de l'ours noir ont été explorées. Les techniques utilisées incluent le décompte des pistes et des fèces sur des routes préétablies de même que le décompte de la fréquence de visites d'ours à des stations d'odeur ou à des sites appâtés (Novak *et al.* 1987). Ces deux méthodes s'avèrent toutefois peu précises, sensibles aux intempéries et à plusieurs facteurs abiotiques tels que le type de sol et la topographie, sans compter qu'elles nécessitent des habiletés spécifiques afin d'interpréter les signes de présence de l'ours; en conséquence, ces méthodes ne sont plus beaucoup utilisées de nos jours.

Plusieurs autres méthodes développées pour inventorier les populations d'ours noirs ont impliqué la capture d'individus (Feldhamer *et al.* 2003). La recapture de l'animal s'avère cependant très difficile puisque l'ours a une grande capacité d'apprentissage, de telle sorte qu'il a tendance à éviter les engins de capture, ce qui induit des biais dans les estimations (Jolicoeur et Lemieux 1990). Les techniques de CMR les plus utilisées faisaient donc appel à différents outils de recapture comme des traceurs radioactifs (Jolicoeur et Lemieux 1984; Jolicoeur et Lemieux 1990; Jolicoeur 2004), la télémétrie (Miller *et al.* 1997; Vashon *et al.* 2003; Koehler et Pierce 2005; Solberg *et al.* 2006) ou encore des caméras sensibles au mouvement (Mace *et al.* 1994; Grogan et Lindzey 1999; Martorello *et al.* 2001; Matthews *et al.* 2008; Gardner *et al.* 2010). En plus d'impliquer une capture initiale des ours et donc, de pouvoir induire un stress non négligeable à l'animal (Cattet *et al.* 2003), ces techniques présentent d'autres désavantages. Les traceurs radioactifs ont été très peu employés en raison des contraintes administratives liées à l'achat et à la manipulation de ces substances et possiblement de la crainte d'une mauvaise opinion publique face aux risques associés à cette technique (Jolicoeur et Lemieux 1990). La télémétrie implique quant à elle des coûts très élevés liés aux survols aériens et à l'achat des équipements télémétriques (Solberg *et al.* 2006), tandis que les caméras, beaucoup moins coûteuses, sont difficiles à utiliser avec les ours noirs puisque ces derniers présentent peu de signes distinctifs permettant d'identifier les individus (Long *et al.* 2008; Foster et Harmsen 2012).

Une autre méthode de CMR utilisée s'appuyait sur un marquage à la tétracycline, un antibiotique jaunissant les dents et les os de l'ours (Jolicoeur 1996; Lemieux et Desrosiers 2002; Garshelis et Noyce 2006; Peacock *et al.* 2011). Cette fois, les ours n'étaient pas capturés, mais des appâts de viande contenant de la tétracycline étaient plutôt répartis systématiquement sur un territoire et une analyse d'un échantillon de la population provenant de la récolte des chasseurs et des piégeurs permettait d'établir la proportion d'individus recapturés (c.-à-d., ours porteurs de marques jaunes; Jolicoeur 1996). L'utilisation de cette méthode était toutefois limitée par le degré d'accessibilité du territoire, et plus particulièrement par la récolte suffisante d'échantillons de dents et de

fragments d'os par les chasseurs et les piégeurs (Jolicoeur 1996). La qualité des échantillons obtenus via la récolte sportive influençait grandement la variance de l'estimation et celle-ci était élevée lorsque la récolte globale d'individus était faible (Seber 2002).

Pour le moment, au Québec, le suivi des populations d'ours noirs s'appuie principalement sur les données de récolte et sur les indicateurs d'exploitation et de productivité qui en découlent (Lamontagne *et al.* 2006). La densité et la récolte potentielle d'ours noirs sont estimées dans plusieurs zones du Québec au moyen de simulations informatiques réalisées à l'aide du logiciel Riskman 1.9 (Taylor *et al.* 2003). Les informations de base fournies au modèle sont la structure d'âge des ours, la récolte par la chasse et le piégeage ainsi que des paramètres biologiques comme la mortalité et la reproduction (Lamontagne *et al.* 2006). Ce modèle de simulation est économique et permet l'obtention d'une densité relative pour de grands territoires (Lamontagne *et al.* 2006). Par contre, cette approche n'offre pas une précision équivalente aux inventaires et s'appuie sur des données potentiellement variables entre les régions et les années. Effectivement, la récolte peut être fortement influencée par les conditions saisonnières et la disponibilité en nourriture, qui modifient subséquemment la vulnérabilité de l'ours à la chasse et au piégeage (Feldhamer *et al.* 2003), ainsi que par la demande des fourrures sur le marché. Cette dernière variable s'est avérée très dynamique par le passé, ce qui influençait grandement la précision de l'estimation (Lamontagne *et al.* 2006). Faute de mieux, le Ministère du Développement durable, de l'Environnement, de la Faune et des Parcs (ci-après MDDEFP) utilise cet outil pour établir les modalités d'exploitation par la chasse et le piégeage de l'ours noir pour l'ensemble du territoire québécois. Toutefois, le MDDEFP vient de s'engager dans un nouveau programme d'inventaire de l'ours noir qu'il souhaite effectuer à l'aide d'une méthode non invasive d'estimation des populations.

Le génotypage comme technique de marquage

Depuis quelques années, les techniques moléculaires sont de plus en plus accessibles et abordables (Varas-Nelson 2010; Stetz *et al.* 2011; Sawaya *et al.* 2012). Combinées à une approche de CMR, ces techniques utilisent l'ADN des individus comme « marquage » à partir de poils, de fèces, d'urine, de sang menstruel ou d'autres échantillons de tissus, facilitant du coup l'émergence de plusieurs méthodes non invasives (Luikart *et al.* 2010). À cet effet, l'échantillonnage de poils représente une des approches de plus en plus utilisée pour étudier les populations d'ursidés à partir d'indicateurs indirects tant au Canada (Courtois *et al.* 2004; Roy *et al.* 2007; Obbard *et al.* 2010; Proctor *et al.* 2010; Marshall *et al.* 2011; Sawaya *et al.* 2012) qu'aux États-Unis (Boersen *et al.* 2003; Triant *et al.* 2004; Dreher *et al.* 2007; Wills 2008; Robinson *et al.* 2009; Tredick et Vaughan 2009; Coster *et al.* 2011; Drewry *et al.* 2013; Stetz *et al.* 2014). En effet, il s'agit d'une méthode sécuritaire pour les animaux et les humains et donc plus éthique (Taberlet et Luikart 1999), permettant la capture d'espèces rares et élusives comme les ursidés (Mills *et al.* 2000; Miller *et al.* 2005; Roy *et al.* 2012). Cette méthode, basée sur le potentiel d'identification des individus à partir de l'ADN contenu dans la racine de leurs poils, a été élaborée au début des années '90 (Taberlet et Bouvet 1992; Taberlet *et al.* 1993, 1997; Paetkau et Strobeck 1994). Certains protocoles expérimentaux ont été testés afin de développer une technique efficiente et rigoureuse de récolte des échantillons (Woods *et al.* 1999). Développée pour le grizzly en Colombie-Britannique (Woods *et al.* 1999; Poole *et al.* 2001; Mowat *et al.* 2005), cette approche consistait à prélever des poils sur des sites appâtés à l'intérieur d'une grille d'échantillonnage systématique. En effet, l'aire d'étude était subdivisée en parcelles à l'intérieur desquelles étaient installées des stations d'échantillonnage constituées d'un piège collecteur de poils (Woods *et al.* 1999). Une rotation des stations à l'intérieur des parcelles à chacune des visites permettait quant à elle de réduire le biais lié à l'échantillonnage des mêmes individus à plusieurs reprises (White *et al.* 1982; Woods *et al.* 1999; Boulanger *et al.* 2002). Certains auteurs ont par la suite souligné les contraintes logistiques liées à un tel protocole et suggéré qu'il n'était pas nécessaire d'effectuer des rotations, mais qu'on pouvait plutôt opter pour une diminution de la taille des parcelles afin que tous les

individus occupant la grille d'échantillonnage puissent être capturés (Roy *et al.* 2007; Long *et al.* 2008).

Puisque les calculs d'estimation d'abondance sont ensuite basés sur la technique de CMR, les modèles d'estimation diffèrent selon si la population est considérée comme « fermée » (c.-à-d. où les processus de natalité, de mortalité, d'émigration et d'immigration n'ont pas cours) ou « ouverte » (c.-à-d. où les processus de natalité, de mortalité, d'émigration et d'immigration sont considérés et modélisés) (Otis *et al.* 1978; Schwarz et Seber 1999). Aussi, certains postulats sont importants lors de l'utilisation de modèles de CMR comme la fermeture démographique de la population, la fermeture géographique de la population et l'équiprobabilité de capture pour tous les individus présents sur l'aire d'étude.

Tel qu'énoncé précédemment, la fermeture démographique de la population requiert l'absence de naissance, de mortalité, d'immigration et d'émigration durant la période de l'étude. Les biais engendrés par une transgression de ce postulat peuvent être minimisés en restreignant la durée de l'échantillonnage entre 6 et 10 semaines (Mowat et Strobeck 2000) et en délimitant l'aire d'étude par des frontières naturelles (Boulanger *et al.* 2004a). La fermeture géographique requiert quant à elle l'absence d'effet de bordure et par conséquent, l'absence de domaines vitaux chevauchant les limites de l'aire d'étude (Boulanger et McLellan 2001). Afin de minimiser l'effet de bordure et, par le fait même, les biais d'estimation, la superficie de la zone d'étude doit être augmentée pour ainsi réduire le ratio « périmètre de la grille / superficie totale de la grille » (Mowat et Strobeck 2000; Boulanger *et al.* 2002). Finalement, l'équiprobabilité de capture des individus requiert que tous les individus au sein de l'aire d'étude aient la même probabilité d'être « capturés » aux stations d'échantillonnage. La probabilité de capture individuelle peut être affectée par des facteurs intrinsèques (p. ex. : sexe et âge des individus, statut reproducteur, mouvements, superficie du domaine vital; Boulanger *et al.* 2004b, Petit et Valière 2006) ou par une réponse comportementale (p. ex. : trapphobie : un animal marqué a moins de probabilités d'être capturé qu'un animal non marqué ou trappophilie : un animal marqué a plus de probabilités d'être capturé qu'un animal non marqué; Pollock *et al.* 1990). Ainsi, afin d'augmenter la

probabilité d'une capture équivalente de tous les individus, il serait préférable de déterminer la superficie des parcelles d'échantillonnage en fonction de la taille des domaines vitaux des femelles car ces derniers sont plus petits que ceux des mâles (Boulangier *et al.* 2004b).

Considérant la popularité grandissante de la méthode d'inventaire par CMR et géotypage des poils et la volonté du MDDEFP de se doter d'un programme d'inventaire de l'ours noir utilisant cette approche pour le Québec, il est primordial de documenter et de tester certains postulats sous-jacents à cette méthode comme l'équiprobabilité de capture entre les individus. De plus, il pourrait être possible d'améliorer la technique d'inventaire en identifiant les facteurs temporels (p. ex. : date d'installation des stations, durée et période les plus propices à la réalisation d'un inventaire, intervalle entre les récoltes de poils) et spatiaux (p. ex. : habitats propices à la capture de poils, emplacement par rapport aux chemins forestiers) affectant les probabilités de capture des individus.

Objectifs et résultats

Quoique les inventaires par récolte de poils soient couramment utilisés pour certaines populations d'ours en Amérique du Nord, ce n'est pas encore le cas au Québec. Dans un contexte où les inventaires sont à la base d'une saine gestion des espèces et où nos connaissances sur les densités de population d'ours noirs sont limitées, il s'avère prioritaire d'affiner nos méthodes d'estimation d'abondance pour bien gérer cette espèce. L'objectif principal de cette étude était d'améliorer la méthode non invasive d'inventaire de population d'ours noirs en forêt boréale utilisant la reconnaissance individuelle par l'analyse génétique de poils. Pour ce faire, nous avons évalué le respect de la prémisse d'équiprobabilité de capture entre les individus et nous avons observé certains facteurs spatio-temporels influençant l'utilisation d'une station par les ours (p. ex. : la date d'installation de la station, la durée et la période de l'inventaire et les caractéristiques de l'habitat entourant la station).

L'inventaire réalisé à l'été 2011 et basé sur la collecte et le géotypage de poils a permis d'estimer la densité de population d'ours noirs au nord-est du Saguenay-Lac-St-Jean à 2,56 individus/10 km² (IC95% : 1,53 – 4,26). Le modèle le plus parcimonieux indiquait que la fonction de probabilité de capture était influencée par le temps et hétérogène entre les individus et que l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminuait était également hétérogène entre les individus. L'analyse de sélection d'habitat a permis de démontrer que les individus suivis par télémétrie ont réagi à la présence des stations de capture de poils en s'approchant de celles-ci. De plus, les ours sélectionnaient davantage les coupes forestières âgées de 6 à 20 ans, les milieux en régénération et les peuplements mixtes ou feuillus que les forêts de conifères matures. Par contre, nous n'avons observé aucun effet des caractéristiques individuelles (c.-à-d. poids, sexe et statut reproducteur) sur la réponse comportementale des ours. La probabilité qu'une station soit visitée par un ours dépendait du nombre de jours écoulés depuis son installation, de la période de l'été ainsi que de l'interaction entre ces deux variables, mais pas des caractéristiques de l'habitat en périphérie de celle-ci. En effet, l'utilisation des stations par les ours augmentait avec le temps écoulé depuis l'installation d'une station et ces dernières étaient davantage utilisées durant la période de forte abondance de petits fruits. Ces résultats pourraient s'expliquer par l'augmentation des taux de déplacement observée durant la même période. Par contre, après 39,7 jours, la probabilité d'utilisation d'une station atteignait un plateau. Il est donc suggéré de réaliser des inventaires d'au plus six semaines durant la période de forte abondance de petits fruits afin de maximiser les probabilités de capture et de recapture des individus et ainsi augmenter la précision des estimations de densités. Nous recommandons également d'augmenter la densité de stations d'échantillonnage à 1 station/10 km² afin d'assurer la présence de plusieurs stations dans le domaine vital de chaque individu et d'accroître les probabilités de détection des ours de même que la précision des estimés de densité.

CHAPITRE 2.
UTILISATION DE LA TÉLÉMÉTRIE GPS POUR AMÉLIORER
L'ESTIMATION DES DENSITÉS D'OURS NOIRS PAR CMR ET
GÉNOTYPAGE DES POILS

RÉSUMÉ

Le respect des prémisses associées à la technique de CMR est une condition recherchée pour la réalisation d'inventaires d'ours par génotypage des poils. Cette étude visait à évaluer le respect de la prémisse d'équiprobabilité de capture entre les individus en s'appuyant sur des données provenant à la fois d'un inventaire de population et d'un suivi télémétrique réalisés au même moment dans la même aire d'étude. Une analyse de sélection d'habitat suggérait que les ours sélectionnaient les stations de collecte des poils sans égard à leurs caractéristiques individuelles (c.-à-d. poids, sexe et statut reproducteur). De plus, la probabilité de visite d'une station par un ours était influencée par le nombre de jours écoulés depuis son installation, par la période de l'été ainsi que par l'interaction entre ces deux variables, mais pas par les caractéristiques de l'habitat en périphérie de celle-ci. La probabilité d'utilisation des stations atteignait un plateau après 39,7 jours, ce qui suggère qu'un inventaire de plus longue durée ne serait pas pertinent. La plus grande probabilité d'utilisation des stations durant la période de forte abondance en petits fruits pourrait être liée à l'augmentation du taux de déplacement des ours durant cette saison qui provoquerait davantage d'opportunités de rencontre causées par des mouvements plus fréquents entre les parcelles d'habitat riches en végétation. Il est donc recommandé d'effectuer des inventaires d'au plus 6 semaines durant la période de forte abondance en petits fruits afin de maximiser les probabilités de capture et de recapture des individus, et ainsi augmenter la précision des estimations de densité de population.

J'ai corédigé cet article en collaboration avec mon directeur de recherche, Martin-Hugues St-Laurent, et mon co-directeur, Christian Dussault. Il sera traduit sous peu afin d'être soumis pour une éventuelle publication dans la revue *The Journal of Wildlife Management*. Une partie des résultats obtenus a été présentée sous forme d'affiche au 21st *Eastern Black Bear Workshop* à Millinocket, Maine (États-Unis), au printemps 2013. En tant que première auteure, ma contribution à ce travail a été la planification et la récolte des données sur le terrain, la réalisation des analyses génétiques, géomatiques et statistiques, ainsi que la rédaction de l'article et l'intégration des commentaires de mon directeur et de mon co-directeur. Martin-Hugues St-Laurent et Christian Dussault ont été impliqués dans l'ensemble des étapes indispensables à la réalisation de ce projet, c.-à-d. autant au niveau de son élaboration (p. ex. : idée originale, objectifs et hypothèses de recherche), de sa supervision, de sa rédaction que de son financement.

INTRODUCTION

L'estimation des densités de population est sans contredit à la base des stratégies de gestion des espèces fauniques (Boitani et Fuller 2000; Gardner *et al.* 2009). Obtenir cette information peut, cependant, s'avérer difficile dans le cas d'espèces cryptiques ayant de grands domaines vitaux comme les ursidés, les félidés, les mustélidés et certaines autres espèces de carnivores (Bellemain *et al.* 2005; Downey *et al.* 2006; Mulders *et al.* 2007; Harris *et al.* 2011). Différentes techniques peuvent être utilisées pour y parvenir (p. ex. : Capture-Marquage-Recapture (ci-après CMR), survol aérien, décompte de pistes...), mais depuis une quinzaine d'années, une méthode non invasive d'estimation des densités de population est de plus en plus sélectionnée : le génotypage d'ADN provenant d'échantillons de poils (Gardner *et al.* 2010; Proctor *et al.* 2010). En effet, grâce aux avancements des techniques moléculaires d'analyses génétiques, cette méthode est devenue plus efficace et plus abordable (Sawaya *et al.* 2012). Celle-ci permet non seulement la détermination des espèces, mais aussi l'identification des individus et de leur sexe à partir de l'ADN contenu dans la racine de leurs poils (Stetz *et al.* 2011; Sawaya *et al.* 2012). Il est ainsi possible de réaliser des estimations d'abondance d'une population basées sur des calculs de CMR en utilisant l'ADN pour le « marquage » (Stetz *et al.* 2011). Cette méthode non-invasive est une alternative au comptage direct ne nécessitant ni la capture ni la manipulation des animaux car seuls les poils ont besoin d'être récoltés.

L'approche par CMR implique toutefois le respect de certains postulats (Schwarz et Seber 1999). Les principales prémisses de ces modèles sont une fermeture démographique (c.-à-d. une absence de natalité, de mortalité, d'émigration et d'immigration), une fermeture géographique (c.-à-d. une absence de domaines vitaux chevauchant les limites de l'aire d'étude de la population), ainsi qu'une équiprobabilité de capture entre les individus. Cette dernière nécessite l'absence de réponse individuelle aux stations d'échantillonnage pouvant être liée à des caractéristiques de l'individu (p. ex. : âge, sexe, poids, statut reproducteur) ou par une modification du comportement suite à une première capture (p. ex. : trapphobie : la probabilité qu'un animal marqué soit recapturé est moins élevée que pour un animal non

marqué; ou trappophilie : la probabilité qu'un animal marqué soit recapturé est plus élevée que pour un animal non marqué; Pollock *et al.* 1990).

Le respect de ces prémisses influence directement les modalités de réalisation des inventaires (Roy *et al.* 2007). En effet, la durée des inventaires est généralement restreinte entre 6 à 10 semaines pour minimiser les possibilités de natalité, de mortalité, d'émigration et d'immigration (Mowat et Strobeck 2000), l'utilisation d'appât aux stations d'échantillonnage n'est pas recommandée pour éviter le développement d'une réponse trappophile chez les individus (Woods *et al.* 1999) et la répartition ainsi que le nombre de stations d'échantillonnage sur un territoire sont basés sur la superficie des domaines vitaux des femelles, car ces dernières sont reconnues pour être moins mobiles (Boulanger *et al.* 2004a; Proctor *et al.* 2010).

De plus, le succès d'un suivi par marquage génétique dépend de la probabilité de détection des individus et conséquemment, de leur fréquentation des stations d'échantillonnage (Long *et al.* 2008). En effet, la précision de ce type d'inventaire est liée au taux de première détection (capture) et de redétection (recapture) des individus (Seber 2002; Long *et al.* 2008). Certains facteurs pourraient possiblement affecter l'utilisation des stations par l'espèce et ainsi affecter les probabilités de détection des individus. Ces facteurs peuvent être, entre autres, liés aux caractéristiques du milieu entourant la station (p. ex. : habitat, distance de la station au chemin le plus près) ou aux conditions de réalisation de l'inventaire (p. ex. : date d'installation des stations, durée et période de l'inventaire, intervalle entre les récoltes de poils).

L'accroissement de l'utilisation du CMR – génotypage des poils est attribuable à son utilisation pour la gestion de plusieurs espèces, notamment de l'ours noir. En effet, l'estimation des densités de population des ursidés devient parfois inévitable pour des raisons de sécurité publique avec les ours importuns ou pour la conservation de cette espèce sensible à l'exploitation (Triant *et al.* 2004). Par contre, l'importance du respect des prémisses de la méthode par CMR est souvent marginalisée sans que nous en connaissions les impacts. En effet, rares sont les études ayant permis d'évaluer les réactions

comportementales des ours face aux dispositifs d'inventaire alors que cette information est cruciale à l'amélioration de la technique d'inventaire (Boulanger *et al.* 2004b, 2008).

Notre étude avait comme principal objectif la réalisation d'un inventaire d'ours noir en utilisant la méthode non invasive de CMR par génotypage des poils et le suivi simultané d'ours par télémétrie dans l'aire d'étude afin d'évaluer le respect de la prémisses d'équiprobabilité de capture entre les individus et, au besoin, de proposer des améliorations à la technique d'inventaire. Plus spécifiquement, en plus d'estimer la densité d'ours noirs sur le territoire, nous avons étudié la réaction des ours équipés de colliers GPS face à des stations de collecte des poils, en considérant leur poids, leur sexe et leur statut reproducteur. Aussi, pour préciser certains paramètres de l'inventaire, nous avons évalué la relation entre la probabilité qu'une station soit visitée par un ours et la date de son installation, la période de l'été ainsi que les caractéristiques de l'habitat entourant celle-ci. Nos hypothèses étaient que les caractéristiques individuelles des ours ainsi que l'habitat entourant les stations auraient une influence sur la sélection des stations d'échantillonnage par les ours équipés de colliers GPS. Nous pensons également que les conditions entourant la réalisation de l'inventaire auraient un impact sur la probabilité d'utilisation des stations par les ours (date d'installation des stations, durée et période de l'inventaire, intervalle entre les récoltes de poils) Nos résultats permettront de formuler des recommandations pouvant être utilisées par les gestionnaires lors de la planification et de la réalisation de ce type d'inventaires afin de faciliter leur réalisation principalement au niveau du terrain et de réduire les biais associés à cette méthode.

MÉTHODES

Aire d'étude

Le territoire à l'étude (2 880 km²) se situe au nord-est de la région administrative du Saguenay-Lac-Saint-Jean, Québec, Canada, dans la zone de chasse 28 (Ministère des Ressources naturelles et de la Faune (ci-après MRNF) 2012a) et plus précisément dans le secteur du lac Portneuf (49°30'N, 70°30'O) (Figure 1). L'aire d'étude se retrouve en forêt

boréale dans le domaine bioclimatique de la sapinière à bouleau blanc de l'Est (MRNF 2012b). Les espèces arborescentes dominantes sont le sapin baumier (*Abies balsamea*) et le bouleau blanc (*Betula papyrifera*); elles sont généralement accompagnées par l'épinette noire (*Picea mariana*) et le peuplier faux-tremble (*Populus tremuloïdes*). Le climat continental humide de l'aire d'étude est caractérisé par une température moyenne annuelle variant de -2,5 à 0,0°C et par des précipitations annuelles moyennes variant de 1 000 à 1 300 mm, dont ~35% sont des chutes de neige (Robitaille et Saucier 1998).

Collecte des échantillons

Nous avons divisé l'aire d'étude en parcelles d'échantillonnage de 5 × 5 km (25 km²) réparties systématiquement sur le territoire. La dimension des parcelles est basée sur des estimations de la superficie du domaine vital moyen des femelles adultes estimées à 12 km² (Samson 1996) puis à 45 km² (Jolicoeur *et al.* 2004) en forêt mixte et feuillue, un milieu plus productif en termes de nourriture pour l'ours noir. Chacune des parcelles contenait une station d'échantillonnage constituée d'un piège collecteur de poils. Les pièges, composés d'un fil de barbelés placé à une hauteur d'environ 50 cm, avaient un périmètre d'environ 35 m et étaient appâtés en leur centre afin d'attirer les ours (Woods *et al.* 1999).

Au total, nous avons installé 82 stations que nous avons visitées pendant quatre à huit semaines. L'inventaire s'est déroulé entre le 21 juin 2011 et le 16 août 2011 et nous avons attendu la fin de la chasse dans chaque secteur de l'aire d'étude avant l'installation des stations. La moitié des stations étaient visitées à un intervalle régulier de 7 jours et l'autre moitié de 14 jours. Cependant pour des raisons de logistique, ces dernières ont parfois été visitées dans un intervalle compris entre 4 à 17 jours. Le nombre de sessions d'échantillonnage pouvait varier d'une station à l'autre puisque certaines ont été installées plus tardivement. Durant les visites, nous avons enveloppé individuellement les échantillons de poils retrouvés sur chacun des barbelés et nous les avons classés en quatre catégories en fonction de la quantité de poils récoltés. La catégorie 1 correspondait aux échantillons de 1 à 4 poils, alors que les échantillons de catégorie 2 contenaient 5 à 10

poils, ceux de catégorie 3 environ 11 à 25 poils et finalement, la catégorie 4 avait plus de 25 poils. Nous avons ensuite enveloppé les échantillons avec des billes de silicate afin de les protéger contre l'humidité, reconnue pour accélérer la dégradation des poils (Roon *et al.* 2003), et nous les avons entreposés à température ambiante. Après chaque récolte d'échantillons, le fil de barbelés était brûlé à la torche pour s'assurer qu'aucun poil n'était laissé sur place et ainsi réduire les risques de contamination de l'ADN des échantillons futurs (McCall 2002; Triant *et al.* 2004). Les stations ont été appâtées (gâteaux, viande de castor; Lemieux et Desrosiers 2002, Boersen *et al.* 2003) et des leurres olfactifs (sang de phoque, essence d'anis et de vanille; Lemieux et Desrosiers 2002, Roy *et al.* 2007) ont été utilisés afin d'attirer les ours vers les stations. Les appâts étaient disponibles en petite quantité pour éviter le développement d'une réponse trappophile chez les individus. Environ 1,5 kg de gâteaux et 1,0 kg de viande de castor saumuré étaient laissés sur les lieux et remplacés lorsque ces derniers avaient été consommés ou semblaient défraîchis (c.-à-d. à une fréquence moyenne de 10 jours).

Suivi télémétrique

Du 23 juin au 8 août 2011, 23 ours noirs adultes (femelles de plus de 55 kg et mâles de plus de 68 kg) ont été capturés dans l'aire d'étude et munis de colliers GPS/Argos (Telonics modèle TGW-4583H-2) qui enregistraient des localisations télémétriques GPS aux 2 h. Les méthodes de capture ont été approuvées par un comité de bons soins aux animaux du MRNF (#CPA-FAUNE-2011-30). Ce suivi télémétrique nous a permis d'évaluer la réponse comportementale de huit femelles et dix mâles dont les domaines vitaux chevauchaient au moins une station de capture de poils. Nous avons d'abord filtré les localisations télémétriques obtenues durant la période d'échantillonnage des poils afin de ne conserver que les données dont l'indice PDOP (*Positional Dilution of Precision*) était < 10 , offrant ainsi un biais de < 20 m (Dussault *et al.* 2001). Nous avons ensuite calculé des domaines vitaux individuels pour les 18 individus en utilisant la méthode des polygones minimums convexes (MCP) à 100%. Cette méthode permettait d'inclure toutes les localisations obtenues durant la période d'échantillonnage des poils et s'avérait préférable à

la méthode de Kernel. En effet, bien que les MCPs surestiment la taille des domaines vitaux (Grueter *et al.* 2009), ils offrent une manière intéressante d'estimer la disponibilité des habitats dans une étude de sélection d'habitats en permettant un contraste plus large entre les types d'habitat utilisés versus disponibles (Burgman et Fox 2003; Leclerc *et al.* 2012). Nous avons réalisé les analyses spatiales à l'aide du logiciel ArcGIS 10 (ESRI 2011) et de l'extension Geospatial Modelling Environment (Beyer 2012).

Analyses génétiques

Nous avons récolté 3 295 échantillons de poils sur lesquels nous avons effectué un sous-échantillonnage. La sélection des échantillons analysés dépendait du nombre de poils qu'ils contenaient (catégories décrites ci-haut) et de leur emplacement sur le fil de barbelés (Mowat et Strobeck 2000; Proctor *et al.* 2010). En effet, puisque le taux de succès d'amplification augmente avec le nombre de poils comportant des racines (Goossens *et al.* 1998; Waits et Paetkau 2005), nous avons priorisé les échantillons de grandes tailles (catégories 2, 3 et 4, donc ≥ 5 poils). De plus, lorsque plusieurs échantillons de poils ont été récoltés successivement sur un même fil barbelé lors d'une seule visite, nous avons analysé seulement un échantillon sur trois tel que prescrit par Proctor *et al.* (2010). Au final, nous avons extrait l'ADN de 985 échantillons à l'aide d'une trousse d'extraction QIAGEN (Qiagen Inc., Valencia, Californie). Nous avons incubé les échantillons dans le tampon d'extraction durant 48 heures avec ajout de 20 μ L de protéinase K (20 mg/mL) après 24 heures d'incubation. Les volumes utilisés pour l'élution de l'ADN ont été modifiés en s'inspirant de Roy *et al.* (2012), c-à-d. que la quantité de tampon d'élution que nous avons utilisée dépendait de la taille des échantillons : 60 μ L de tampon étaient ajoutés aux échantillons de petite taille (catégorie 2), 80 μ L à ceux de catégorie 3 et 100 μ L à ceux de catégorie 4.

Nous avons ensuite génotypé les échantillons à sept loci microsatellites avec des marqueurs spécifiques à l'ours : G10L (Paetkau et Strobeck 1994), G10H, G10M (Paetkau *et al.* 1995), UarMu10, UarMu15, UarMu23 et UarMu50 (Taberlet *et al.* 1997). Le

protocole préconisé par Roy *et al.* (2012) représentait le point départ des conditions de réaction en chaîne par polymérase (lib. *Polymerase chain reaction*, ci-après PCR). Toutefois, nous avons effectué une optimisation de la concentration des différents réactifs avec pour principales modifications une augmentation du volume d'ADN à 2,5 μL et une diminution de moitié de la quantité de *Taq* polymérase utilisée. Nous avons réalisé les PCRs individuellement dans un volume total de 15 μL avec un thermocycleur GeneAmp PCR System 9700 (Life technologies, Rockville, MD, USA) et des cycles d'amplification identiques à Roy *et al.* (2012). Nous avons ensuite analysé les produits PCR en créant deux associations de marqueurs post-PCR (Mix 1 : G10H, G10L et G10M ; Mix 2 : UarMU10, UarMU15, UarMU23 et UarMU50) et en utilisant un séquenceur AB 3130 (Life Technology). Nous avons réalisé la lecture des allèles avec le logiciel GeneMapper 4.1 (Applied Biosystems 2010).

Analyses statistiques

Pour l'ensemble des analyses statistiques décrites ci-dessous, la sélection de modèles était basée sur le critère d'information d'Akaike corrigé pour les petits échantillons (ci-après AIC_c ; Hurvich et Tsai 1989). Aucun modèle moyen n'a été calculé bien que certains ΔAIC_c étaient < 2 , soit parce que les modèles suivants contenaient les mêmes variables que les modèles les plus parcimonieux ou parce qu'ils différaient seulement par l'ajout de variables d'interactions non significatives (Arnold 2010).

Estimation de la densité de population

Le logiciel Cervus 3.0.3 (Marshall *et al.* 1998; Kalinowski *et al.* 2007) a servi à l'identification des individus et à l'estimation de la présence d'allèles nuls. Nous avons inclus dans nos analyses les échantillons pour lesquels nous avons un génotype complet à 6 ou 7 loci ($n = 529$). De plus, le même logiciel nous a permis d'effectuer un tri des données, c'est-à-dire que lorsque deux échantillons différaient à seulement un locus (1 MM) ou deux loci (2 MM) et que l'un d'eux n'avait jamais été observé dans l'ensemble des

échantillons récoltés à la même station, nous l'avons retiré puisqu'il avait de fortes probabilités de résulter d'une erreur de génotypage avec pour résultat d'augmenter artificiellement le nombre d'individus (Creel *et al.* 2003; Paetkau 2003; Waits et Paetkau 2005; Lampa *et al.* 2013). Nous avons ensuite réalisé les tests de bimodalité et de différence d'historique de capture avec le logiciel Dropout (McKelvey et Schwartz 2005) afin de nous assurer que les génotypes étaient libres d'erreurs (McKelvey et Schwartz 2004). Nous avons également calculé les valeurs d'hétérozygotie attendue (H_E) et observée (H_O) ainsi que la probabilité d'identité (PI, soit la probabilité que deux individus différents aient le même patron génotypique aux loci étudiés) et la probabilité d'identité entre individus apparentés (PIsib) (Tableau 1). L'ensemble de ces tests n'ont pas révélé de loci ou d'échantillons problématiques, permettant de conclure que notre jeu de données était sans erreur.

Une fois la liste des individus établie, le logiciel CloseTest (Stanley et Richards 2004) a permis la vérification du respect de la prémisse de population fermée requise pour plusieurs estimateurs de CMR (e.g. voir les tests statistiques d'Otis *et al.* 1978 et de Stanley et Burnham 1999). Dans le cas où cette prémisse n'était pas respectée, des modèles spatialement explicites pour population ouverte étaient préconisés. Pour ce faire, nous avons utilisé la plateforme *SECR* (*Spatially Explicit Capture-Recapture*) car plusieurs estimateurs de cette plateforme d'analyse s'appliquent à une population ouverte en tenant compte de l'effet de bordure, en plus d'inclure une composante spatialement explicite dans la probabilité de détection des individus (Efford 2009; Obbard *et al.* 2010). La méthode avec maximisation de la vraisemblance pour des captures-recaptures spatialement explicites (ML SECR) permet de considérer l'hétérogénéité spatiale de la probabilité de capture des individus en fonction du positionnement des pièges (Efford 2009). L'extension *SECR* (Efford 2011), utilisée sur la plateforme d'analyse R 2.15.0 (R Core Team 2012), nous a permis de calculer les estimés de densité de population pour les modèles décrits au Tableau 2, où la variable g représentait la fonction de probabilité de détection en fonction de la distance à une station et la variable s désignait l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité

de détection diminue. Les modèles pouvaient considérer les effets d'une réponse comportementale à une première capture (b), d'une hétérogénéité individuelle de la probabilité de capture (h) et d'une hétérogénéité temporelle dans la probabilité de capture (t).

Réponse comportementale des ours aux stations

Nous avons utilisé une fonction de sélection des ressources (lib. *Resource selection function*, ci-après RSF; Manly *et al.* 2002) afin de déterminer la réponse des ours porteurs d'un collier télémétrique à la présence de stations de capture de poils dans leur domaine vital ainsi que l'influence des caractéristiques individuelles sur cette réponse. Pour y parvenir, nous avons généré autant de points aléatoires qu'il y avait de localisations dans le domaine vital de chaque individu. Nous avons inclus quatre variables indépendantes dans les modèles, soit 1) la DISTANCE à la station appâtée la plus près, 2) la catégorie d'HABITAT sous la localisation, 3) le POIDS (kg) ainsi que 4) le STATUT reproducteur des individus (facteur à trois niveaux comprenant les femelles sans ourson, les femelles avec ourson et les mâles).

Pour la variable DISTANCE, nous avons calculé les distances (m) entre chaque localisation (ou point aléatoire) et la station la plus près puis nous les avons transformées en distances déclinantes (lib. *decay distance*; Nielsen *et al.* 2009; Carpenter *et al.* 2010) comprises entre 0 et 1 à partir de la formule $e^{-\alpha d}$ où d est la distance et α est un facteur établi à 0,002. Cette méthode permet d'atténuer l'effet de la variable à de très grandes distances (> 1500 m; Nielsen *et al.* 2009). Pour faciliter l'interprétation, nous avons soustrait une valeur de 1 à la variable DISTANCE de telle sorte que ces valeurs absolues s'approchaient de 0 lorsque les distances étaient faibles et de 1 à grandes distances (Nielsen *et al.* 2009).

Nous avons utilisé une carte écoforestière 1 : 20 000 publiée par le Ministère des Ressources naturelles (MRN) et mise à jour en 2010 pour catégoriser l'HABITAT en six catégories à partir du type de couvert, de l'âge des peuplements et de la présence d'une perturbation anthropique et ce, en tenant compte de l'écologie de l'ours noir. Cette carte

élaborée à partir de photographies aériennes, présentait une résolution de 4 ha pour les polygones forestiers et de 2 ha pour les polygones non forestiers (e.g., eau, milieux humides). Ainsi, nous avons regroupé les peuplements résineux âgés de ≥ 50 ans dans la catégorie ‘Conifères matures’ (disponibilité de 31,3% dans les domaines vitaux) tandis que les peuplements de forêts mixtes ou feuillues du même âge ont été nommés ‘Mixtes-Feuillus’ (6,0%); les peuplements âgés entre 20 et 50 ans ont été classés comme de la ‘Régénération’ (21,5%); les coupes forestières ont été regroupées en deux catégories selon l’âge (‘Coupes 6-20’ ans = 30,3% et ‘Coupes <5’ ans = 6,8%); finalement, la catégorie ‘Autres’ (4,1%) comprenait les dénudés secs (c.-à-d. landes à lichens) et humides (p. ex. : tourbières) ainsi que les sites non forestiers.

Au total, nous avons élaboré 12 modèles candidats de régression logistique à partir d’hypothèses émises *a priori* sur la sélection d’habitat par l’ours noir. Nous avons inclus les individus dans les modèles en tant que variable aléatoire. Nous avons également vérifié l’absence de multicolinéarité entre les variables indépendantes ($VIF \leq 1,53$, indice de condition = 3,56 ; Graham 2003). Nous avons évalué la robustesse du modèle le plus parcimonieux par une validation croisée (lib. *k-fold cross validation*; Boyce *et al.* 2002) dans laquelle les coefficients de la RSF d’un sous-échantillonnage de 80% des données ont été estimés pour ensuite être validés avec le 20% des données restantes. Les résultats de la RSF ont été ordonnés en rang et distribués à l’intérieur de 10 classes de percentiles. Nous avons ensuite calculé un coefficient de corrélation de Spearman (r_s) pour évaluer le pouvoir prédictif du modèle. Nous avons répété cette procédure 1000 fois afin d’obtenir un coefficient de corrélation moyen et un écart-type.

Facteurs spatio-temporels influençant l’utilisation des stations

Dans le but de tester l’influence du paysage autour d’une station sur la probabilité d’utilisation de celle-ci, nous avons élaboré 14 modèles mixtes de régression logistique selon des hypothèses établies *a priori*. Nous avons considéré chaque station où il y avait présence d’au moins un échantillon de poils lors d’une de nos visites comme ayant été

fréquentée par un ours. Nous avons mis en relation cette variable de présence/absence de poils d'ours avec la catégorie d'HABITAT sous la station, la DISTANCE au chemin le plus près, le nombre de JOURS d'activité depuis l'installation de la station, l'INTERVALLE de temps écoulé depuis la dernière visite de la station (7 ou 14 jours) et, finalement, avec une variable binaire reflétant la PÉRIODE de l'été basée sur la disponibilité des petits fruits observés sur le terrain, principalement l'abondance des bleuets (airelle fausse-myrtille [*Vaccinium myrtilloides*] et airelle à feuilles étroites [*Vaccinium angustifolium*]) qui sont la principale source de nourriture pour l'ours noir dans l'aire d'étude. Nous avons déterminé les périodes d'abondance en petits fruits à partir de l'observation du contenu de fèces récoltées sur l'aire d'étude durant l'inventaire (Lesmerises et St-Laurent, données non publiées). Ainsi, nous avons considéré les petits fruits comme peu abondants entre le 18 juin (date de la première visite) et le 31 juillet, et comme abondants pour le reste de l'inventaire (du 1 au 21 août). Les catégories de la variable HABITAT étaient les mêmes que celles décrites ci-haut à l'exception de la catégorie 'Mixtes-Feuillus' qui n'était pas représentée et les stations d'échantillonnage étaient incluses dans les modèles en tant que variable aléatoire. Nous avons utilisé des interactions entre le nombre de JOURS écoulés depuis l'installation de la station et la PÉRIODE de l'été basée sur la disponibilité en petits fruits ainsi qu'entre la variable PÉRIODE et les catégories d'HABITAT 'Coupes <5', 'Coupes 6-20' et 'Régénération' dans certains modèles pour tenir compte des variations probables de la sélection d'habitat et de l'utilisation de l'espace par l'ours noir entre les périodes. Nous avons également vérifié l'absence de multicolinéarité entre les variables du modèle le plus parcimonieux ($VIF \leq 1,65$; un indice de condition = 5,82). Nous avons calculé le R^2 pour modèles mixtes généralisés pour évaluer l'ajustement du modèle le plus parcimonieux (Nakagawa et Schielzeth 2013). Nous avons représenté graphiquement la relation entre la probabilité d'utilisation d'une station et l'interaction entre le nombre de JOURS écoulés depuis son installation et la PÉRIODE d'abondance en petits fruits. L'extension *segmented* (Muggeo 2003), utilisée sur la plateforme d'analyse R 2.15.0 (R Core Team 2012), nous a permis de calculer le nombre de JOURS écoulés avant l'atteinte

d'un plateau dans la probabilité d'utilisation d'une station et ce, pour les deux niveaux de la variable PÉRIODE.

Nous avons calculé les taux de déplacement (m/h) de chaque individu afin de vérifier si les changements dans la probabilité d'utilisation des stations entre les périodes de l'été pouvaient être liés à des variations dans les patrons de déplacement des individus. Les taux de déplacement ont été calculés à partir des données télémétriques en faisant la moyenne des distances euclidiennes entre les localisations télémétriques successives divisées par le temps écoulé entre les deux localisations (2 h). Nous avons ensuite testé l'effet du SEXE, de la PÉRIODE d'abondance en petits fruits et de l'interaction entre ces deux variables sur les taux de déplacement. La PÉRIODE servant de référence dans le modèle était celle où les petits fruits étaient en faible abondance alors que les femelles représentaient le SEXE de référence. Les individus ont été inclus comme variable aléatoire dans notre modèle.

RÉSULTATS

Estimation de la densité de population

Au total, nous avons identifié 150 individus à partir des 386 échantillons restants après l'application de notre tri. Nous assumons que notre jeu de données était exempt d'erreurs car nous n'avons pas de génotypes différents à un seul locus et très peu d'échantillons différaient à deux loci. De plus, les résultats de notre test de bimodalité donnaient une courbe visuelle normale et le test de différence d'historique de capture a démontré qu'aucun des marqueurs génétiques ne contribuait significativement à l'élaboration d'un nombre plus qu'acceptable de nouveaux individus (McKelvey et Schwartz 2005). La probabilité d'identité entre individus apparentés (PIsib) pour l'ensemble des loci était de $5,289 \times 10^{-4}$ ce qui traduit un niveau de précision d'assignement des génotypes acceptable (Mills *et al.* 2000). De plus, les valeurs d'hétérozygotie observée (H_O : 0,749 – 0,905) sont similaires aux valeurs d'hétérozygotie attendue (H_E : 0,786 –

0,875) ce qui suggère une reproduction aléatoire des individus au sein de la population (Roy *et al.* 2012).

Le modèle le plus parcimonieux estimait la densité d'ours à 2,56 individus/10 km² (IC95% = 1,53 : 4,26) (Tableau 3). Ce modèle ($g(th)s(h)$) suggérait que la fonction de probabilité de capture était influencée par le temps, qu'elle était hétérogène entre les individus et que l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminuait était également hétérogène entre les individus.

Réponse comportementale des ours aux stations

La superficie des domaines vitaux estivaux différait significativement entre les femelles ($39,9 \pm 24,3$ km²) et les mâles ($216,4 \pm 93,6$ km²) ($t = -5,726$, $p < 0,001$). Le modèle candidat ayant la valeur d'AIC_C la plus faible était celui comprenant uniquement les variables de DISTANCE et d'HABITAT (Tableau 4). Le modèle le plus parcimonieux suggérait un comportement de sélection des stations par les ours (Tableau 5) puisque les localisations télémétriques étaient plus près des stations que les points aléatoires et ce, même en prenant en compte l'effet de l'habitat. Les catégories d'HABITAT 'Coupes 6-20', 'Mixtes-Feuillus' et 'Régénération' étaient davantage sélectionnées par l'ours que les 'Conifères matures'. Finalement, nous n'avons observé aucun effet des caractéristiques individuelles (c.-à-d. poids, sexe et statut reproducteur) sur la sélection de l'habitat et des stations. La validation croisée a démontré que le modèle était robuste ($r_s \pm SD = 0,70 \pm 0,11$).

Facteurs spatio-temporels influençant l'utilisation des stations

Le modèle candidat expliquant le mieux la probabilité d'utilisation des stations par les ours était celui constitué des variables JOURS, INTERVALLE, PÉRIODE, HABITAT ainsi que de l'interaction JOURS × PÉRIODE (Tableau 6). Le R² de ce modèle était de 0,55.

La probabilité d'utilisation d'une station par les ours augmentait avec le temps écoulé depuis son installation (variable JOURS) et elle était plus élevée durant la période de forte abondance de petits fruits (variable PÉRIODE; Tableau 7, Figure 2). De plus, la pente de la relation entre la probabilité d'utilisation d'une station et le nombre de jours écoulés depuis son installation était plus forte durant la période de faible abondance de petits fruits, suggérant que la probabilité d'utilisation d'une station augmentait plus rapidement dans le temps durant la période de faible disponibilité en petits fruits. Par contre, la probabilité d'utilisation d'une station était supérieure en période de forte abondance de petits fruits durant le premier mois suivant l'installation. Les deux courbes atteignaient ensuite un plateau après 35,5 jours dans le cas de la période de faible abondance en petits fruits et après 39,7 jours pour la période de forte abondance.

L'influence des variables INTERVALLE, 'Coupes <5', 'Coupes 6-20' et 'Régénération' était presque significative avec des intervalles de confiances à 95% fortement décentrés autour de zéro. En effet, ces variables suggéraient que la probabilité qu'une station soit utilisée par l'ours augmentait avec l'intervalle de temps écoulé entre deux visites (variable INTERVALLE) et lorsque la station se trouvait à l'intérieur des 'Coupes 6-20' et des milieux en 'Régénération'. En contrepartie, la probabilité qu'une station soit utilisée par l'ours tendait à diminuer lorsque celle-ci était dans des 'Coupes <5'.

Nous avons également observé un effet significatif de la PÉRIODE d'abondance en petits fruits ($\beta = 48.86$, $t = 4,249$, $p < 0,001$) sur le taux de déplacement des individus, bien qu'aucun effet du SEXE ($\beta = 48.62$, $t = 1,335$, $p = 0,201$) n'ait été noté. L'interaction entre ces deux variables est quant à elle très prêt d'être significative ($\beta = 30.04$, $t = 1,913$, $p = 0,056$) (Figure 3).

DISCUSSION

Notre étude visait à améliorer la technique d'inventaire de l'ours noir en forêt boréale qui s'appuie sur le CMR – géotypage des poils. Notre approche consistait principalement à évaluer le respect de la prémisse d'équiprobabilité de capture entre les individus associée

aux modèles de CMR en se basant à la fois sur des données provenant d'un inventaire et d'un suivi télémétrique GPS d'individus dans un même territoire. Nous sommes les premiers, à notre connaissance, à réaliser une étude combinant ces deux sources d'information avec l'ours noir dans une telle optique, les autres études similaires ayant été réalisées sur le grizzly (Boulanger *et al.* 2004b, 2008).

Estimation de la densité de population

Nos résultats suggèrent que l'estimation des densités de population à partir de la méthode non invasive de CMR par génotypage des poils constitue une avenue intéressante pour la gestion de l'ours noir en forêt boréale. En effet, la densité estimée (2,56 ours/10 km², IC95% = 1,53 : 4,26) était réaliste, quoique supérieure à celle estimée dans le plan de gestion de l'ours noir 2006-2013 pour cette zone de chasse (0,73 individu/10km², Lamontagne *et al.* 2006). La densité d'ours relativement élevée pourrait s'expliquer par l'emplacement de l'aire d'étude à l'intérieur de la zone de chasse 28. Cette zone, d'une superficie de 65 636 km², est traversée par deux domaines bioclimatiques (c.-à-d. la sapinière à bouleau blanc de l'Est, au sud, et la pessière à mousses, au nord). Or, l'inventaire a été réalisé dans la forêt mélangée au sud de la zone où les habitats sont plus propices à l'ours. La disponibilité de nourriture est une variable qui influence grandement la densité de population, car elle affecte directement la productivité des femelles (Peacock *et al.* 2011; Plante *et al.* 2013). Ainsi, bien que notre estimation de la densité puisse paraître élevée à première vue, elle s'avère réaliste en considérant les difficultés associées aux estimations par la modélisation d'un aussi grand territoire.

Aussi, le coefficient de variation associé à notre estimé était élevé (53,3%) et dépassait les marges d'erreur habituellement acceptées en gestion de la faune (entre 15 et 25% ; Pollock *et al.* 1990, Boitani et Fuller 2000). La précision a pu être affectée par le nombre d'échantillons récoltés (Pollock *et al.* 1990) et surtout par le nombre d'individus recapturés (Boitani et Fuller 2000; Foster et Harmsen 2012). Un estimé de faible précision pourrait ne pas permettre un suivi adéquat d'une population (Foster et Harmsen 2012).

Nous croyons donc qu'il serait pertinent d'augmenter la densité des stations afin d'augmenter les probabilités de capture et de recapture. En effet, bien que les ours aient de grands domaines vitaux en forêt boréale, l'installation d'une station à tous les 25 km² a semblé insuffisante. La superficie moyenne des domaines vitaux des femelles suggère qu'une station aurait dû être installée à chaque 10 km² pour répondre aux recommandations d'Otis *et al.* (1978) qui prétendaient qu'au moins quatre stations devraient être disponibles à l'intérieur du domaine vital de chaque individu. Cette valeur se rapproche d'ailleurs de la densité moyenne des stations utilisée dans les forêts plus productives pour les inventaires de l'ours noir (1 station/7,7 km², Plante *et al.* 2013).

De plus, certaines étapes dans la réalisation de l'inventaire pourraient avoir engendré des erreurs de génotypage. En effet, la faible quantité et/ou qualité de l'ADN peut provoquer la création de « faux individus » engendrés par l'obtention de génotypes différents (apparition de faux allèles, présence d'allèles nuls, effet d'ombre, erreur de lecture des bandes ou erreur de transcription) alors que les échantillons proviennent d'un même individu (Taberlet *et al.* 1996; Goosen *et al.* 1998; Taberlet *et al.* 1999; Mills *et al.* 2000; Waits et Leberg 2000; Roon *et al.* 2005). Le problème réside dans le fait que ces faux individus ne pourront être recapturés, ce qui augmente artificiellement le nombre de captures et génère une surestimation de la population (Taberlet et Luikart 1999; Waits et Leberg 2000; Wright *et al.* 2009). Toutefois, le tri que nous avons réalisé pour épurer les génotypes, c.-à-d. de considérer les génotypes différents à 1 ou 2 loci (1MM ou 2 MM) comme provenant d'un même individu, visait à réduire l'effet de ce biais potentiel sur l'estimation de densité de population. Ce type de tri est considéré comme conservateur, ayant même tendance à mener à une sous-estimation de la densité (Lampa *et al.* 2013).

Réponse comportementale des ours aux stations

Nos résultats démontrent qu'en tenant compte de l'effet de l'habitat, les ours avaient un comportement de sélection envers les stations comprises dans leur domaine vital, une condition importante pour le succès des méthodes de CMR. En effet, l'obtention d'une

estimation d'abondance précise requiert qu'un maximum d'individus présents sur la grille d'échantillonnage soit capturé lors de l'inventaire (Long *et al.* 2008). Ce résultat suggère aussi que la quantité d'appât et de leurre utilisés aux stations était suffisante pour attirer les ours. Toutefois, l'utilisation d'appâts n'a pas semblé provoquer le développement d'un comportement trappophile chez les ours, car le modèle d'estimation d'abondance le plus parcimonieux n'incluait pas une réponse comportementale à une première capture (*b*). Certains auteurs proscrivent l'utilisation d'appât aux stations afin d'éviter d'influencer le comportement des ours (Woods *et al.* 1999; Langer 2006) mais nos résultats suggèrent qu'il est possible d'utiliser une faible quantité d'appât sans influencer la réponse des ours face aux stations après la première capture. L'utilisation d'un appât pourrait aussi augmenter sensiblement l'attrait des ours pour les stations. Un appât, utilisé en faible quantité, pourrait être perçu par les ours comme l'équivalent de la découverte opportuniste d'une source de nourriture inattendue.

Les patrons de sélection d'habitat des ours dans l'aire d'étude étaient conformes à la littérature sur le sujet, c'est-à-dire que les ours suivis ont sélectionné les coupes forestières âgées de 6 à 20 ans, les milieux en régénération et les peuplements mixtes ou feuillus et ce, bien que les forêts de conifères matures étaient la catégorie d'habitat la plus abondante dans l'aire d'étude. En effet, les habitats sélectionnés sont reconnus pour être plus riches en ressources alimentaires (Samson 1996; Jolicoeur 2004; Leblanc et Samson 2006). En contrepartie, les forêts de conifères matures étaient principalement composées de pessières à mousse, des habitats très pauvres en ressources alimentaires pour l'ours noir (Samson 1996).

Contrairement à plusieurs études (Boulanger *et al.* 2004b, 2006; Roy *et al.* 2007), nous n'avons pas observé d'influence des caractéristiques individuelles considérées dans notre analyse sur la réponse comportementale des ours envers les stations appâtées. Par ailleurs, la taille de notre échantillon ne présentait peut-être pas la puissance nécessaire à la détection d'effets plus subtiles de certaines caractéristiques car, le modèle d'estimation de densité le plus parcimonieux suggère la présence d'une variation interindividuelle dans la probabilité de capture (c.-à-d. les paramètres $g(th)$). Nos résultats suggèrent que cette

hétérogénéité n'est pas nécessairement reliée à des différences de poids, de sexe ou de statut reproducteur entre les individus, et que deux ours ayant des caractéristiques similaires peuvent avoir un comportement très différent envers les stations. Par conséquent, il est plausible que cette hétérogénéité soit davantage associée à une réponse spécifique aux stations (Boulanger *et al.* 2004b) déterminée par des caractéristiques propres à chaque individu telles que des traits de personnalité (Sih *et al.* 2012).

Le modèle d'estimation de densité par CMR le plus parcimonieux a indiqué que l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de capture diminuait était différente entre les individus (c.-à-d. les paramètres $s(h)$), ce qui peut s'expliquer, en partie du moins, par la grande variation de la superficie des domaines vitaux entre les deux sexes (mâles : $216,4 \pm 93,6 \text{ km}^2$; femelles : $39,9 \pm 24,3 \text{ km}^2$). Une telle différence dans la superficie des domaines vitaux entre les sexes est commune aux populations d'ours noirs et elle serait notamment reliée aux différences comportementales relatives à la quête alimentaire et aux soins dispensés aux jeunes par les femelles (Boulanger *et al.* 2004b; Roy *et al.* 2007).

Facteurs spatio-temporels influençant l'utilisation des stations

Le nombre de jours écoulés depuis la mise en place d'une station de même que la période durant laquelle la station était active avaient une influence non négligeable sur sa probabilité d'être visitée par un ours. Tout d'abord, la probabilité d'utilisation croissante d'une station avec le nombre de jours écoulés depuis son installation pourrait traduire le temps nécessaire aux ours pour les découvrir. En effet, Boulanger *et al.* (2004b) mentionnent que les ours ne sont pas attirés par les stations appâtées sur de grandes distances; les ours pourraient donc avoir une plus forte probabilité de les détecter lors des déplacements de grande amplitude qui sont par contre plus rares. La plus grande probabilité d'utilisation des stations au cours de la période de forte abondance en petits fruits pourrait d'ailleurs être liée au taux de déplacement plus élevé des ours durant cette période. Les ours effectuent des mouvements fréquents entre des parcelles d'habitat riches en végétation, augmentant du coup la probabilité de rencontre opportuniste avec des proies animales

(Bastille-Rousseau *et al.* 2011). De la même façon, les ours pourraient rencontrer les stations de façon opportuniste au gré de leurs déplacements, ce qui expliquerait que la probabilité d'utilisation soit plus élevée vers la fin de l'été. Nous tenons également à rappeler que les individus suivis par télémétrie étaient des ours adultes et que nous n'avons pas étudié d'individus juvéniles. Par contre, ces derniers sont reconnus pour avoir un haut taux de déplacement, principalement les jeunes mâles, dû à leur comportement de dispersion (Rogers 1987). Ainsi, réaliser les inventaires vers la fin de la saison estivale pourrait permettre de récolter des poils plus rapidement et d'augmenter les probabilités de recaptures. Cette recommandation rejoint les conclusions de Wills (2008) qui affirmait que les stations les plus utilisées étaient celles situées dans des parcelles contenant des petits fruits durant la période de forte abondance en petits fruits. De telles recommandations entrent cependant en contradiction avec les travaux de Proctor *et al.* (2010) qui prétendaient que les ours étaient davantage attirés par les leurres au printemps alors qu'ils sont en quête de source d'alimentation à haute teneur en protéines, ainsi qu'avec ceux de Gignac *et al.* (2008) qui suggéraient d'effectuer l'échantillonnage entre le début juin et la fin juillet puisque la rareté des petits fruits pourrait maximiser le taux de visite aux stations. Enfin, nos résultats suggèrent que la probabilité d'utilisation d'une station n'augmente pratiquement plus au-delà 39,7 jours d'inventaire en période de forte abondance en petits fruits, ce qui suggère qu'il ne serait pas pertinent de poursuivre un inventaire au-delà de cette durée.

IMPLICATIONS POUR LA GESTION DE L'OURS NOIR

Bien que l'approche de CMR – génotypage des poils ait été utilisée avec succès dans diverses régions du monde, nos résultats indiquent qu'il est possible de proposer des améliorations à la technique d'inventaire de l'ours noir en forêt boréale afin de s'assurer qu'un maximum d'individus soit détecté par les stations. Nos résultats suggèrent tout d'abord que la technique d'installation des stations était appropriée puisque les ours suivis par télémétrie ont sélectionné les stations comprises dans leur domaine vital et ce, peu importe leurs caractéristiques individuelles et les conditions environnant les stations.

Toutefois, afin de réduire les coûts associés aux opérations sur le terrain, il est recommandé de réaliser des inventaires durant un maximum de 6 semaines, pendant la période de forte abondance en petits fruits. Cela permettrait de maximiser les probabilités de capture et de recapture des individus et ainsi, d'augmenter la précision des estimés de densité. Dans la même optique, nous recommandons d'augmenter la densité des stations d'échantillonnage à 1 station/10 km², ce qui assurerait la présence de plusieurs stations dans le domaine vital de chaque individu, facilitant du coup leur détection par les ours. Finalement, puisque la probabilité qu'une station soit visitée par un ours n'est ni influencée par l'habitat en périphérie de la station ni par la distance entre la station et le chemin le plus près, nos résultats suggèrent que dans un habitat forestier boréal aussi fortement aménagé que notre aire d'étude, il n'est pas nécessaire d'établir des critères très strictes pour déterminer l'emplacement des stations à fine échelle. Bien que notre inventaire ait été réalisé seulement en forêt boréale, nous jugeons que ces recommandations peuvent très bien s'appliquer à des inventaires effectués dans d'autres types d'habitat.

REMERCIEMENTS

Ce projet a été financé par le Ministère du Développement durable, de l'Environnement, de la Faune et des Parcs (MDDEFP), l'Université du Québec à Rimouski (UQAR), le Conseil national de la recherche en sciences naturelles et en génie du Canada (CRSNG) et le Fonds québécois de recherche sur la nature et les technologies (FQRNT). Nous aimerions remercier les membres de l'équipe du MDDEFP du Saguenay-Lac-St-Jean, Carol Harvey, Serge Larivière et Gilles Lupien, pour la capture des ours nécessaire à l'acquisition des localisations télémétriques. Nous souhaitons également remercier Glenn Yannic pour ses précieux conseils concernant le traitement des données génétiques ainsi que Dany Garant et Fanie Pelletier pour leur accueil à l'Université de Sherbrooke pour les analyses génétiques.

RÉFÉRENCES

- ARNOLD, T.W., 2010. Uninformative parameters and model selection using Akaike's Information Criterion. *The Journal of Wildlife Management* 74 (6): 1175-1178.
- BASTILLE-ROUSSEAU, G., FORTIN, D., DUSSAULT, C., COURTOIS, R & OUELLET, J.-P., 2011. Foraging strategies by omnivores: are black bears actively searching for ungulate neonates or are they simply opportunistic predators? *Ecography* 34: 588-596.
- BELLEMAIN, E., SWENSON, J.E., TALLMON, D., BRUNBERG, S. & TABERLET, P., 2005. Estimating population size of elusive animals with DNA from hunter-collected feces: four methods for brown bears. *Conservation Biology* 19: 150-161.
- BEYER, H.L., 2012. Geospatial Modelling Environment, Version 0.7.2.0. Software: <http://www.spatialecology.com/gme>.
- BOERSEN, M.R., CLARK, J.D. & KING, T.L., 2003. Estimating black bear population density and genetic diversity at Tensas River, Louisiana using microsatellite DNA markers. *Wildlife Society Bulletin* 31: 197-207.
- BOITANI, L. & FULLER, T.K. (Eds.), 2000. *Research techniques in animal ecology*. Columbia University Press, New York.
- BOULANGER, J., MCLELLAN, B.N., WOODS, J.G., PROCTOR, M.F. & STROBECK, C., 2004a. Sampling design and bias in DNA-based capture-mark-recapture population and density estimates of grizzly bears. *The Journal of Wildlife Management* 68: 457-469.
- BOULANGER, J., STENHOUSE, G. & 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., PROCTOR, M., HIMMER, S., STENHOUSE, G., PAETKAU, D. & CRANSTON, J., 2006. An empirical test of DNA mark-recapture sampling strategies for grizzly bears. *Ursus* 17: 149-158.
- BOULANGER, J., WHITE, G.C., PROCTOR, M., STENHOUSE, G., MACHUTCHON, G. & HIMMER, S., 2008. Use of occupancy models to estimate the influence of previous live captures on DNA-based detection probabilities of grizzly bears. *The Journal of Wildlife Management* 72 (3): 589-595.
- BOYCE, M.S., VERNIER, P.R., NIELSEN, S.E., SCHMIEGELOW, F.K.A., 2002. Evaluating resource selection functions. *Ecological Modelling* 157: 281-300.

- BURGMAN, M. A. & FOX, J. C., 2003. Bias in species range estimates from minimum convex polygons: implications for conservation and options for improved planning. *Animal Conservation* 6: 19-28.
- CARPENTER, J., ALDRIDGE, C. & BOYCE, M.S., 2010. Sage-grouse habitat selection during winter in Alberta. *The Journal of Wildlife Management* 74 (8): 1806-1814.
- CREEL, S., SPONG, G. SANDS, J.L., ROTELLA, J., ZEIGLE, J., JOE, L., MURPHY, K.M. & SMITH, D., 2003. Population size estimation in Yellowstone wolves with error-prone noninvasive microsatellite genotypes. *Molecular Ecology* 12: 2003-2009.
- DOWNEY, P.J., HELLGREN, E.C., ARTURO, C., CARVAJAL, S. & FRANGIOSO, K., 2006. Hair snares for noninvasive sampling of felids in North America: do gray foxes affect success? *The Journal of Wildlife Management* 71 (6): 2090-2094.
- DUSSAULT, C., COURTOIS, R., HUOT, J. & OUELLET, J.P., 2001. The use of forest maps for the description of wildlife habitats: limits and recommendations. *Canadian Journal of Forest Research* 31: 1227-1234.
- EFFORD, M.G., 2009. DENSITY 4.4: software for spatially explicit capture-recapture. Department of Zoology, University of Otago, Dunedin, New Zealand.
- EFFORD, M.G., 2011. SECR – Spatially explicit capture-recapture in R, 25 p.
- ESRI, 2011. ArcGIS Desktop: Release 10. Redlands, CA: Environmental Systems Research Institute.
- FOSTER, R.J. & HARMSSEN, B.J., 2012. A critique of density estimation from camera-trap data. *The Journal of Wildlife Management* 76 (2): 224–236.
- GARDNER, B., ROYLE, J.A. & WEGAN, M.T., 2009. Hierarchical models for estimating density from DNA mark-recapture studies. *Ecology* 90: 1106-1115.
- GARDNER, B., ROYLE, J.A., WEGAN, M.T., RAINBOLT, R.E. & CURTIS, P.D., 2010. Estimating black bear density using DNA data from hair snares. *The Journal of Wildlife Management* 74 (2): 318-325.
- GIGNAC, L., BRODEUR, V., DAIGLE, C., LEFORT, S., LANDRY, F. & BOUCHARD, J., 2008. Gros gibier au Québec. Données de récolte 1^{er} mai 2006 au 30 avril 2007. Ministère des Ressources naturelles et de la Faune, 55p.
- GOOSSENS, B., WAITS, L.P. & TABERLET, P., 1998. Plucked hair samples as a source of DNA: reliability of dinucleotide microsatellite genotyping. *Molecular Ecology* 7: 1237-1241.

- GRAHAM, M.H., 2003. Confronting multicollinearity in ecological multiple regression. *Ecology* 84: 2809-2815.
- GRUETER, C.C., DAYONG, L. & WEI, B.R.F., 2009. Choice of analytical method can have dramatic effects on primate home range estimates. *Primates* 50: 81-84.
- HARRIS, R.B., SCHWARTZ, C.C., MACE, R.D. & HAROLDSON, M.A., 2011. Study design and sampling intensity for demographic analyses of bear populations. *Ursus* 22 (1): 24-36.
- HURVICH, C.M. & TSAI, C.L., 1989. Regression and time-series model selection in small samples. *Biometrika* 76: 297-307.
- 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. 52 p.
- JOLICOEUR, H., GOUDREAU, F. & 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, Direction de développement de la faune. Québec, 79 p.
- KALINOWSKI, S.T., TAPER, M.L. & MARSHALL, T.C., 2007. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology* 16: 1099-1106.
- LAMONTAGNE, G., JOLICOEUR, H. & LEFORT, S., 2006. Plan de gestion de l'ours noir, 2006-2013. Ministère des Ressources naturelles et de la Faune, Direction du développement de la faune. Québec.
- LAMPA, S., HENLE, K., KLENKE, R., HOEHN, M., & GRUBER, B., 2013. How to overcome genotyping errors in non-invasive genetic Mark-Recapture population size estimation – A review of available methods illustrated by a case study. *The Journal of Wildlife Management* 77 (8): 1490-1511.
- LANGER, T.J., 2006. Population estimates with age and genetic structure of a harvested bear population in eastern North Carolina. Ph. D. Dissertation, North Carolina State University, Raleigh, North Carolina, USA, 233 p.
- LEBLANC, N. & SAMSON, C., 2006. Paramètre d'exposition chez les mammifères – Ours noir. Fiche descriptive. Centre d'expertise en analyse environnementale du Québec, 17 p.

- LECLERC, M., DUSSAULT, C. & ST-LAURENT, M.-H., 2012. Multiscale assessment of the impacts of roads and cutovers on calving site selection in woodland caribou. *Forest Ecology and Management* 286: 59-65.
- LEMIEUX, R. & DESROSIERS, A., 2002. Description des techniques développées pour la collecte des poils d'ours noir *Ursus americanus* 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, 38 p.
- LONG, R.A., MACKAY, P., ZIELINSKI, W.J. & RAY, J.C., 2008. Noninvasive survey methods for carnivores. Island Press, Washington, U.S.A.
- MANLY, B.F.J., MCDONALD, L.L., THOMAS, D.L., MCDONALD, T.L. & ERICKSON, W.P., 2002. Resource selection by animals: Statistical analysis and design for field studies, 2nd ed. Kluwer Academic Publishers, Boston, MA. 221 p.
- MARSHALL, T.C., SLATE, J., KRUIK, L.E.B. & PEMBERTON, J.M., 1998. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations *Molecular Ecology* 7: 639-655.
- McCALL, B.S., 2002. Noninvasive genetic sampling reveals black bear population dynamics driven by changes in food productivity. *Maîtrise University of Idaho*, 51 p.
- McKELVEY, K.S. & SCHWARTZ, M.K., 2004. Genetic errors with population estimation using non-invasive molecular tagging: problems and new solutions. *The Journal of Wildlife Management* 68: 439-448.
- McKELVEY, K.S. & SCHWARTZ, M.K., 2005. DROPOUT: a program to identify problem loci and samples for noninvasive genetic samples in a capture-mark-recapture framework. *Molecular Ecology Notes* 5: 716-718.
- MILLS, L.S., CITTA, J.J., LAIR, K.P., SCHWARTZ, M.K., TALLMON, D.A., 2000. Estimating animal abundance using noninvasive DNA sampling: promise and pitfalls. *Ecological Application* 10: 283-294.
- MINISTÈRE DES RESSOURCES NATURELLES ET DE LA FAUNE (MRNF), 2012a. La chasse sportive au Québec 2012-2014 – Principales règles. 97 p.
- MINISTÈRE DES RESSOURCES NATURELLES ET DE LA FAUNE (MRNF), 2012b. Zones de végétation et domaines bioclimatiques du Québec. Site Web: <http://www.mrnf.gouv.qc.ca/forets/connaissances/connaissances-inventaire-zones-carte.jsp> [Consulté le 20 février 2012].

- 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* 64: 183-193.
- MUGGEO, V.M.R., 2003. Estimating regression models with unknown break-points. *Statistics in Medicine* 22: 3055-3071.
- MULDERS, R., BOULANGER, J. & PAETKAU, D., 2007. Estimation of population size for wolverines *Gulo gulo* at Daring Lake, Northwest Territories, using DNA based mark-recapture methods. *Wildlife Biology* 13 (Suppl. 2): 38-51.
- NAKAGAWA, S. & SCHIELZETH, H., 2013. A general and simple method for obtaining R^2 from generalized linear mixed-effects models. *Methods in Ecology and Evolution* 4 (2): 133-142.
- NIELSEN, S.E., CRANSTON, J. & STENHOUSE, G.B., 2009. Identification of priority areas for grizzly bear conservation and recovery in Alberta, Canada. *Journal of Conservation Planning* 5: 38-60.
- OBBARD, M.E., HOWE, E.J. & KYLE, C.J., 2010. Empirical comparison of density estimators for large carnivores. *Journal of Applied Ecology*, 47: 76-84.
- OTIS, D.L., BURNHAM, K.P., WHITE, G.C. & ANDERSON, D.R., 1978. Statistical inference from capture data on closed animal population. *Wildlife Monographs*, 62: 3-135.
- PAETKAU, D., 2003. An empirical exploration of data quality in DNA-based population inventories. *The Journal of Wildlife Management* 12: 1375-1387.
- PAETKAU, D. & STROBECK, C., 1994. Microsatellite analysis of genetic variation in black bear populations. *Molecular Ecology* 3: 489-495.
- PAETKAU, D., CALVERT, W., STIRLING, I. & STROBECK, C., 1995. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Molecular Ecology* 4: 347-354.
- PEACOCK, E., TITUS, K., GARSHELIS, D.L., PEACOCK, M.M. & KUC, M., 2011. Mark-recapture using tetracycline and genetics reveal record-high bear density. *The Journal of Wildlife Management* 75: 1513-1520.
- PLANTE, S., DUSSAULT, C. & LEFORT, S., 2013. Estimation de la densité d'ours noirs avec la technique de capture-marquage-recapture par génotypage des poils : revue de la littérature, résultats d'une des inventaires réalisés en Abitibi-Témiscamingue de 2001 à 2003 et recommandations, Québec, Ministère des Ressources naturelles et de

la Faune du Québec, Direction générale de l'expertise sur la faune et ses habitats, 157 p.

- POLLOCK, K.H., NICHOLS, J.D., BROWNIE C. & HINES, J.E., 1990. Statistical inference for capture-recapture experiments. *Wildlife Monographs* 107: 3-97.
- PROCTOR, M., McLELLAN, B., BOULANGER, J. APPS, C., STENHOUSE, G., PAETKAU, D. & MOWAT, G., 2010. Ecological investigations of grizzly bears in Canada using DNA from hair, 1995-2005: a review of methods and progress. *Ursus* 21 (2): 169-188.
- ROBITAILLE, A. & SAUCIER, J.-P., 1998. Paysages régionaux du Québec méridional. Direction de la gestion des stocks forestiers et Direction des relations publiques du Ministère des Ressources naturelles du Québec. Les Publications du Québec.
- ROGERS, L.L., 1987. Effects of food supply and kinship on social behavior, movements and population growth of black bears in northeastern Minnesota. *Wildlife Monographs* 3-72.
- ROON, D.A., WAITS, L.P. & KENDALL, K.C., 2003. A quantitative evaluation of two methods for preserving hair samples. *Molecular Ecology Notes* 3: 163-166.
- ROON, D.A., WAITS, L.P. & KENDALL, K.C., 2005. A simulation test of the effectiveness of several methods for error-checking non-invasive genetic data. *Animal Conservation* 8: 203-205.
- ROY, J., ALBERT, V. & BERNATCHEZ, L., 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.
- ROY, J., YANNIC, G., CÔTÉ, S.D. & BERNATCHEZ, L., 2012. Negative density-dependent dispersal in the American black bear (*Ursus americanus*) revealed by noninvasive sampling and genotyping. *Ecology and Evolution* 2 (3): 525-537.
- SAMSON, C., 1996. Modèle d'indice de qualité d'habitat pour l'ours noir (*Ursus americanus*) au Québec. Ministère de l'Environnement et de la Faune, 57 p.
- SAWAYA, M.A., STETZ, J.B., CLEVINGER, A.P. GIBEAU, M.L. & KALINOWSKI, S.T., 2012. Estimating grizzly and black bear population abundance and trend in Banff National Park using noninvasive genetic sampling. *PloS ONE* 7 (5): e34777.
- SCHWARZ, C.J. & SEBER, G.A.F., 1999. Estimating animal abundance: Review III. *Statistical Science* 14 (4): 427-456.

- SEBER, G.A.F., 2002. The estimation of animal abundance and related parameters. 2nd edition. The Blackburn Press, New Jersey, U.S.A.
- SIH, A., COTE, J., EVANS, M. FOGARTY, S. & PRUITT, J., 2012. Ecological implications of behavioural syndromes. *Ecology Letters* 15: 278-289.
- STANLEY, T.R. & BURNHAM, K.P., 1999. A closure test for time-specific capture-recapture data. *Environmental and Ecological Statistics* 6: 197-209.
- STANLEY, T.R. & RICHARDS, J.D., 2004. CloseTest: A program for testing capture-recapture data for closure [Software Manual], U.S. Geological Survey, Fort Collins Science Center, 25 p.
- STETZ, J.B., KENDALL, K.C. VOJTA, C.D., Genetic Monitoring (GeM) Working Group, 2011. Genetic monitoring for managers: a new online resource. *Journal of Fish and Wildlife Management* 2: 216-219.
- TABERLET, P. & LUIKART, G., 1999. Non-invasive genetic sampling and individual identification. *Biological Journal of the Linnean Society* 68: 41-55.
- TABERLET, P., WAITS, L.P. & LUIKART, G., 1999. Noninvasive genetic sampling: look before you leap. *Trends in Ecology and Evolution* 14: 323-327.
- TABERLET, P., GRIFFIN, S., GOOSSENS, B., QUESTIAU, S., MANCEAU, V., ESCARAVAGE, N., WAITS, L.P. & BOUVET, J., 1996. Reliable genotyping of samples with very low DNA quantities using PCR. *Nucleic Acids Research* 24: 3189-3194.
- TABERLET, P., CAMARRA, J.J., GRIFFIN, S., UHRES, E., HANOTTE, O., WAITS, L.P., DUBOIS-PAGANON, C., BURKE, T. & BOUVET, J., 1997. Noninvasive genetic tracking of the endangered Pyrenean brown bear population. *Molecular Ecology* 6: 869-876.
- TRIAN, D.A., PACE, R.M. & STINE, M., 2004. Abundance, genetic diversity and conservation of Louisiana black bears (*Ursus americanus luteolus*) as detected through noninvasive sampling. *Conservation Genetics* 5: 647-659.
- WAITS, J.L. & LEBERG, P.L., 2000. Biases associated with population estimation using molecular tagging. *Animal Conservation* 3: 191-199.
- WAITS, L.P. & PAETKAU, D., 2005. Noninvasive genetic sampling tools for wildlife biologists: a review of applications and recommendations for accurate data collection. *The Journal of Wildlife Management* 69 (4): 1419-1433.

- WILLS, J., 2008. DNA-based hair sampling to identify road crossings and estimate population size of black bears in Great Dismal Swamp National Wildlife Refuge, Virginia. Master of Science, Faculty of Virginia Polytechnic Institute and State University, 77 p.
- WOODS, J.G., PAETKAU, D., LEWIS, D., MCLELLAN, B.N., PROCTOR, M. & STROBECK, C., 1999. Genetic tagging of free-ranging black and brown bears. *Wildlife Society Bulletin* 27: 616-627.
- WRIGHT, J.A., BARKER, R.J., SCHOFIELD, M.R., FRANTZ, A.C., BYROM, A.E. & GLEESON, D.M., 2009. Incorporating genotype uncertainty into mark-recapture-type models for estimating abundance using DNA samples. *Biometrics* 65: 833-840.

Tableau 1. Caractéristiques génétiques des 7 loci microsatellites basées sur les 150 individus identifiés. PI = probabilité d'identité frère-sœur, PIsibs = probabilité d'identité entre individus hautement apparentés, H_O = hétérozygotie observée, H_E = hétérozygotie attendue.

Locus	Nb d'allèles	Étendue allélique	PI	PI_{sibs}	H_O	H_E
G10H	16	229-261	0,032	0,3263	0,846	0,866
G10L	18	113-155	0,027	0,3172	0,905	0,881
G10M	10	187-205	0,044	0,3400	0,887	0,844
UarMU10	10	100-122	0,061	0,3602	0,837	0,812
UarMU15	10	106-128	0,068	0,3749	0,749	0,786
UarMU23	10	107-127	0,050	0,3473	0,843	0,832
UarMU50	16	108-150	0,028	0,3203	0,901	0,875
Moyenne	12,9	100-261	2,15 x 10 ⁻¹⁰	5,29 x 10 ⁻⁴	0,853	0,842

Tableau 2. Modèles utilisés pour estimer la densité de population par maximisation de la vraisemblance pour des captures-recaptures spatialement explicites. g = la fonction de probabilité de détection en fonction de la distance à une station et s = l'étendue spatiale sur laquelle la probabilité de détection diminue. Les modèles peuvent inclure les effets suivants : réponse comportementale à une première capture (b), hétérogénéité individuelle de la probabilité de capture (h) et influence du temps sur la probabilité de capture (t).

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

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

Source : Plante *et al.* 2013

Tableau 3. Densité d'ours estimée (individu/10km²) avec les modèles de population par maximisation de la vraisemblance pour des captures-recaptures spatialement explicites. AIC_C = critère d'information d'Akaike corrigé, Δ AIC_C = différence d'AIC_C par rapport au modèle le plus parcimonieux, IC 95% = intervalle de confiance à 95% [limite inférieure : limite supérieure] et C.V. = coefficient de variation.

Modèle^a	AICc	ΔAICc	Densité	Erreur-type	IC 95%	C.V.
<i>g(th)s(h)</i>	1630,9	0,0	2,56	0,68	[1,53 : 4,26]	53,3
<i>g(t)s(h)</i>	1632,3	1,4	3,09	1,40	[1,33 : 7,22]	95,3
<i>g(bh)s(h)</i>	1635,4	4,5	3,51	1,17	[1,86 : 6,62]	67,8
<i>g(h)s(h)</i>	1648,5	17,6	2,59	0,69	[1,55 : 4,33]	53,7
<i>g(.)s(h)</i>	1650,3	19,4	3,08	1,31	[1,38 : 6,85]	88,8
<i>g(tbh)s(.)</i>	1663,0	32,1	3,95	2,38	[1,33 : 11,75]	131,9
<i>g(th)s(.)</i>	1666,4	35,5	1,79	0,57	[0,97 : 3,29]	64,8
<i>g(tb)s(.)</i>	1681,0	50,1	1,52	0,34	[0,98 : 2,36]	45,4
<i>g(b)s(.)</i>	1681,9	51,0	1,77	0,39	[1,15 : 2,71]	44,1
<i>g(h)s(.)</i>	1684,7	53,8	1,74	0,54	[0,97 : 3,14]	62,4
<i>g(t)s(.)</i>	1685,8	54,9	1,07	0,10	[0,89 : 1,28]	18,2
<i>g(.)s(.)</i>	1703,2	72,3	1,07	0,10	[0,89 : 1,29]	18,7

^a Modèles décrits au Tableau 1. Les modèles apparaissant au Tableau 1 et dont les résultats n'apparaissent pas ci-dessus n'ont pu être calculés par le logiciel.

Tableau 4. Résultats du processus de sélection des modèles candidats utilisés pour évaluer la réponse comportementale des ours face aux stations de capture de poils. K = nombre de paramètres, LL = Log Likelihood, AIC_C = critère d'information d'Akaike corrigé, Δ AIC_C = différence d'AIC_C par rapport au modèle le plus parcimonieux et ω = poids d'Akaike ($n = 18$ individus).

Modèle	K	AIC _C	Δ AIC _C	ω	LL
DISTANCE + HABITAT ^a	8	22722,44	0,00	0,644	-11353,2
DISTANCE + HABITAT + DISTANCE \times Coupes 6-20	9	22724,43	1,99	0,238	-11353,2
DISTANCE + STATUT + HABITAT	10	22725,98	3,54	0,110	-11353,0
DISTANCE + POIDS + HABITAT	9	22731,74	9,30	0,006	-11356,9
DISTANCE + POIDS + STATUT + HABITAT	11	22735,23	12,79	0,001	-11356,6
DISTANCE	3	22735,55	13,11	0,001	-11364,8
DISTANCE + STATUT	5	22739,30	16,86	< 0,001	-11364,6
DISTANCE + POIDS	4	22745,44	23,00	< 0,001	-11368,7
HABITAT	7	22787,60	65,15	< 0,001	-11386,8
STATUT + HABITAT	9	22791,49	69,05	< 0,001	-11386,7
POIDS + HABITAT	8	22798,17	75,72	< 0,001	-11391,1
POIDS + STATUT + HABITAT	10	22802,06	79,62	< 0,001	-11391,0

^aLa variable HABITAT inclut les six catégories d'habitat décrites à la section Méthodes

Tableau 5. Estimation des coefficients (β) et des intervalles de confiance à 95% [limite inférieure : limite supérieure] des variables incluses dans le meilleur modèle expliquant la réponse comportementale des ours aux stations de capture de poils. Les coefficients dont l'effet était significatif (c.-à-d. pour lesquels l'intervalle de confiance à 95% n'incluait pas zéro) sont en caractères gras.

Variable	β	IC 95%
DISTANCE^a	-1,061^a	[-1,320 : -0,803]
Coupes <5	0,058	[-0,084 : 0,199]
Coupes 6-20	0,180	[0,099 : 0,261]
Mixtes-Feuillus	0,224	[0,083 : 0,364]
Régénération	0,120	[0,035 : 0,204]
Autres	0,132	[-0,044 : 0,309]

^a Pour la variable distance, un coefficient négatif indique une sélection des stations puisque cela signifie que les localisations des ours étaient à une distance plus faible des stations que des localisations aléatoires dans le domaine vital.

- La catégorie 'Conifères matures' a servi de catégorie de référence pour la variable HABITAT

Tableau 6. Résultats du processus de sélection des modèles candidats utilisés pour évaluer l'influence des facteurs spatio-temporels sur la probabilité d'utilisation des stations par les ours. K = nombre de paramètres, LL = Log Likelihood, AIC_C = critère d'information d'Akaike corrigé, ΔAIC_C = différence d' AIC_C par rapport au modèle le plus parcimonieux et ω = poids d'Akaike ($n = 82$ stations).

Modèle	K	ΔAIC_C	ω	LL
JOURS + INTERVALLE + PÉRIODE + HABITAT ^a + JOURS × PÉRIODE	10	0,00	0,215	-250,5
JOURS + INTERVALLE + PÉRIODE + HABITAT + JOURS × PÉRIODE + PÉRIODE × Coupes 6-20	11	0,58	0,161	-249,7
JOURS + INTERVALLE	4	1,39	0,108	-257,4
JOURS + INTERVALLE + PÉRIODE + HABITAT + JOURS × PÉRIODE + PÉRIODE × Coupes <5	11	1,43	0,105	-250,1
JOURS + INTERVALLE + PÉRIODE + HABITAT + JOURS × PÉRIODE + PÉRIODE × Régénération	11	1,67	0,093	-250,3
JOURS + PÉRIODE + JOURS × PÉRIODE	5	1,74	0,090	-256,5
JOURS + INTERVALLE + HABITAT	8	1,95	0,081	-253,5
JOURS + INTERVALLE + PÉRIODE	5	3,41	0,039	-257,4
JOURS + INTERVALLE + HABITAT + DISTANCE	9	3,72	0,033	-253,4
JOURS + INTERVALLE + PÉRIODE + HABITAT + JOURS × PÉRIODE + PÉRIODE × Coupes <5 + PÉRIODE × Coupes 6-20 + PÉRIODE × Régénération	13	3,92	0,030	-249,3
JOURS + INTERVALLE + PÉRIODE + HABITAT	9	3,99	0,029	-253,5
JOURS + PÉRIODE + HABITAT + PÉRIODE × Coupes 6-20	9	7,29	0,006	-255,2
JOURS + PÉRIODE + HABITAT + PÉRIODE × Coupes <5	9	7,72	0,005	-255,4
JOURS + PÉRIODE + HABITAT + PÉRIODE × Régénération	9	8,13	0,004	-255,6

^aLa variable HABITAT inclut les six catégories d'habitat décrites à la section Méthodes

Tableau 7. Estimation des coefficients (β) et des intervalles de confiance à 95% [limite inférieure : limite supérieure] des variables incluses dans le meilleur modèle décrivant l'influence des facteurs spatio-temporels sur l'utilisation des stations par les ours. Les coefficients dont l'intervalle de confiance n'inclue pas zéro sont en caractères gras.

Variable	β	IC 95%
JOURS	0,126	[0,063 : 0,189]
INTERVALLE	0,097	[-0,013 : 0,206]
PÉRIODE	1,691	[0,153 : 3,230]
Autres	0,129	[-1,893 : 2,151]
Coupes <5	-2,050	[-4,616 : 0,517]
Coupes 6-20	0,891	[-0,245 : 2,028]
Régénération	0,905	[-0,095 : 1,905]
JOURS × PÉRIODE	-0,051	[-0,090 : -0,012]

- Pour la variable PÉRIODE, la catégorie de référence était celle où les petits fruits étaient en faible abondance alors que la catégorie 'Conifères matures' a servi de catégorie de référence pour la variable HABITAT

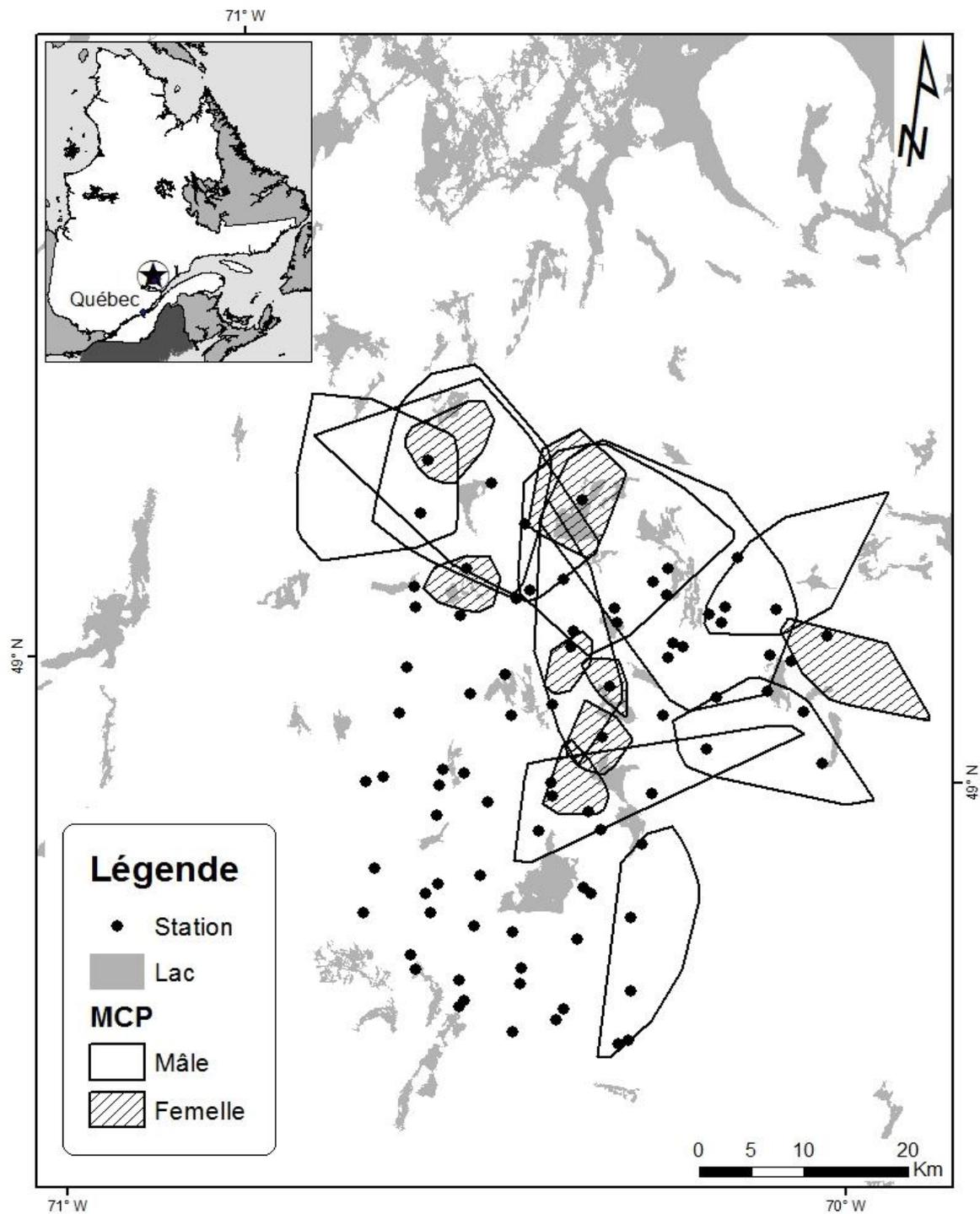


Figure 1. Localisation de l'aire d'étude au Saguenay-Lac-Saint-Jean, Québec. Les stations de capture de poils ainsi que les domaines vitaux (MCP 100%) des mâles et des femelles suivis par télémétrie sont indiqués.

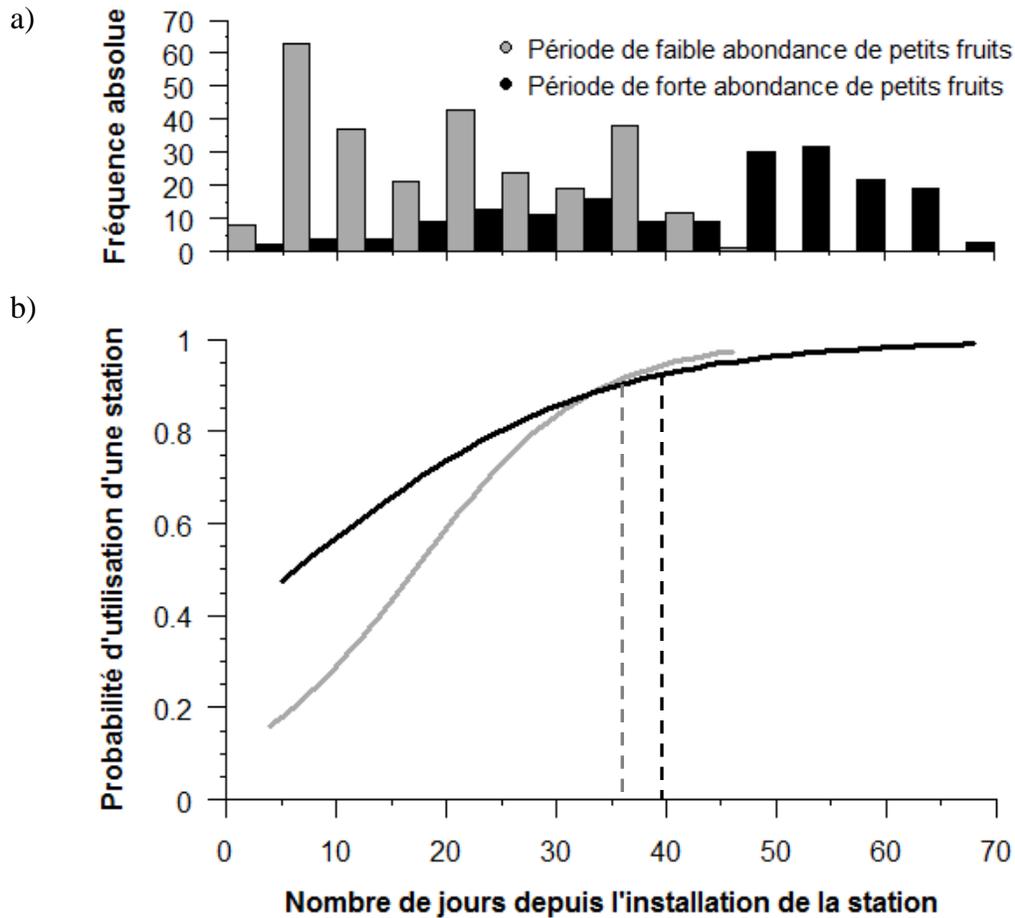


Figure 2. a) Distribution du nombre de données ayant servi à l'élaboration des courbes de la Figure 2 b). La période de faible abondance est comprise entre le 18 juin et le 31 juillet, alors que la période de forte abondance s'étend du 1 au 21 août. b) Relation entre la probabilité qu'une station ait été fréquentée par un ours et l'interaction entre le nombre de jours écoulés depuis son installation et la période. Les relations ont été modélisées à l'intérieur des plages de valeurs observées.

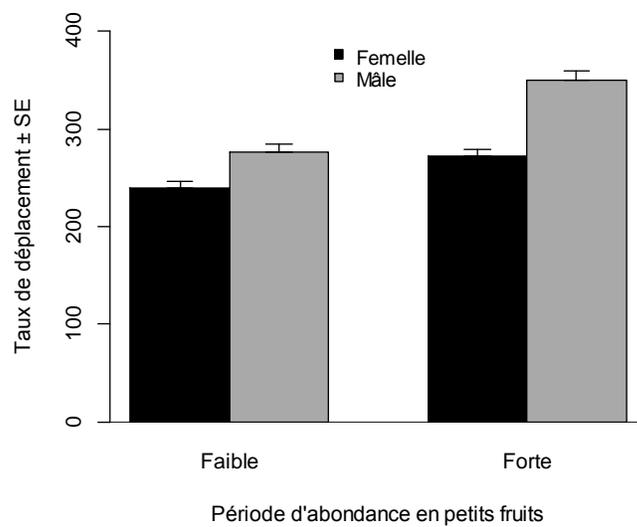


Figure 3. Taux de déplacement moyen (m/h) \pm SE des mâles et des femelles suivis par télémétrie en fonction de la période d'abondance en petits fruits.

CHAPITRE 3.

CONCLUSION

Ce projet visait à améliorer une méthode de gestion de l'ours noir, une espèce faunique d'importance économique au Québec (MRNF 2004; Plante *et al.* 2013). Tel que mentionné précédemment, l'estimation des niveaux de population est essentielle à une saine gestion et à la conservation des espèces (Boitani et Fuller 2000; Gardner *et al.* 2009). Alors que les populations de cervidés au Québec sont régulièrement inventoriées, la gestion de l'ours noir est basée sur des modèles de simulation s'appuyant sur des données de récolte et sur des indicateurs d'exploitation et de productivité (Lamontagne *et al.* 2006). Cette méthode de gestion des populations est généralement moins précise que les inventaires, ce qui peut être problématique dans le cas d'une espèce comme l'ours noir qui inspire souvent la crainte et dont les densités semblent en augmentation dans certaines régions du Québec (Plante *et al.* 2013). En effet, les contacts ours – humains seraient plus fréquents bien que selon certains gestionnaires, cela ne soit pas nécessairement associé à une augmentation de la densité d'ours sur le territoire québécois, mais plutôt à une augmentation de la fréquentation des milieux forestiers par l'homme (Lamontagne *et al.* 2006). Afin de rencontrer un des principaux objectifs du plan de gestion de l'espèce, qui est de maintenir les densités à des niveaux sécuritaires tout en permettant la mise en valeur de l'espèce, la mise sur pied d'un programme d'inventaire s'avère possiblement incontournable. La présente étude fournit des informations utiles pour orienter les gestionnaires de l'ours noir dans le développement d'un programme d'inventaire de l'ours noir utilisant la méthode non invasive d'estimation d'abondance (Plante *et al.* 2013). Or, la méthode par génotypage des poils possède plusieurs avantages et représente un bon compromis entre la précision des estimés, le coût de réalisation et l'investissement en ressources humaines (De Barba *et al.* 2010).

Bien que de nombreuses études aient traité d'inventaires d'ursidés à partir de la récolte de poils, aucune d'entre elles n'a décrit, à notre connaissance, le comportement d'ours noirs équipés de colliers GPS face à des stations d'échantillonnage de poils présentes dans leur domaine vital. En effet, la plupart des études ayant eu accès à ces deux sources d'information simultanément et au même endroit s'en sont servi pour comparer la précision de chacune des méthodes pour estimer la densité de population (Powell *et al.* 2000; Obbard et Howe 2008). Deux études sur le grizzly (Boulanger *et al.* 2004b, 2008) ont toutefois combiné ces techniques d'acquisition de données, mais avec une approche différente de la nôtre. Boulanger *et al.* (2004) ont testé les sources de biais liées à l'hétérogénéité des captures en utilisant d'autres types d'analyses alors que Boulanger *et al.* (2008) désiraient améliorer la précision des estimées en combinant les données provenant ces deux méthodes d'estimation de densité de population.

Notre étude a permis de démontrer que les ours sélectionnent les stations appâtées et ce, peu importe leurs caractéristiques individuelles (c.-à-d. poids, sexe, statut reproducteur). Toutefois, il est intéressant de remarquer que la présence d'une variation interindividuelle dans le comportement envers les stations ne s'expliquait pas par des caractéristiques individuelles comme la masse corporelle ou le sexe et pourrait être liée à des caractéristiques de nature encore plus intrinsèque, tel que les traits de personnalité (Réale *et al.* 2007). À notre connaissance, l'effet de la personnalité sur l'utilisation des pièges à poils par les ours n'a pas été étudié jusqu'à présent. Le comportement des individus en termes d'agressivité pourrait être identifié lors de la pose des colliers télémétriques ou de la visite des tanières lorsque les études ont lieu simultanément sur la même aire d'étude (Fagen et Fagen 1996). Ceci pourrait représenter un bon sujet d'étude surtout en considérant l'engouement actuel pour l'acquisition de connaissances sur les traits de personnalité individuelle (Martin et Réale 2008; Van Oers et Mueller 2010; Sih *et al.* 2012)

Sur le plan logistique, la technique d'installation des stations de récolte de poils s'est avérée appropriée et a permis l'acquisition de nombreux échantillons. Les résultats de cette étude permettent tout de même de proposer des ajustements à la technique d'inventaire en forêt boréale. Premièrement, nous suggérons de réduire la période d'inventaire à un

maximum de 6 semaines. En effet, nos résultats indiquent qu'à partir de 39,7 jours après l'installation d'une station en période de forte abondance en petits fruits, la probabilité d'utilisation de cette dernière par un ours atteint un plateau. Ainsi, les bénéfices associés aux efforts et aux coûts nécessaires pour maintenir les stations actives au-delà de cette période diminuent rapidement. Deuxièmement, nous recommandons de débiter l'échantillonnage plus tard dans la saison, c.-à-d. à la fin juillet - début août. En effet, l'augmentation de la probabilité d'utilisation d'une station durant la période de forte abondance en petits fruits justifie un démarrage plus tardif de la récolte des poils. En procédant ainsi, il serait donc possible de collecter un nombre suffisant d'échantillons de poils en moins de temps. Cette saison présente également l'avantage d'être ultérieure aux périodes de chasse et de piégeage printanières de l'ours noir (MRNF 2012). De plus, à ce moment de l'année, les oursons en mauvaise condition sont déjà morts (Gignac *et al.* 2008) et les jeunes ours se sont généralement dispersés (Rogers 1987). Ceci pourrait donc contribuer à minimiser les biais associés à la mortalité et à l'émigration durant l'inventaire. Troisièmement, nous proposons d'augmenter la densité de stations d'échantillonnage pour atteindre 1 station/10 km². Cette recommandation est possiblement la plus importante à nos yeux, car elle permettra d'augmenter sensiblement la probabilité de recapture puisqu'il y aura plus d'une station dans le domaine vital de chaque individu (Pollock *et al.* 1990). Ainsi, l'estimé de densité obtenu pourrait s'avérer plus précis (c.-à-d. un coefficient de variation plus faible). En procédant ainsi, et en maintenant le nombre de stations constant, ceci se traduira par une réduction notable de la superficie du territoire inventorié. Si cette option est retenue, il sera important de bien choisir le site inventorié afin qu'il soit bien représentatif du territoire visé. Une autre recommandation qui permettra de faciliter les opérations sur le terrain est d'installer les stations en bordure des chemins, sans rechercher des caractéristiques d'habitat bien spécifiques. En effet, nos résultats démontrent que les ours sélectionnent les stations peu importe les conditions dans lesquelles celles-ci se trouvent et leur distance à un chemin.

La méthode de conservation des poils que nous avons utilisée entre la récolte et les analyses génétiques en laboratoire s'est avérée efficace. En effet, un minimum de 21 mois

(maximum de 25) s'est écoulé entre le prélèvement des poils et l'extraction de l'ADN. Malgré ce délai, l'amplification de l'ADN contenu dans les échantillons de catégories 3 et 4 (donc présentant >10 poils) s'est généralement bien déroulée. Selon la littérature, l'ADN de nos échantillons aurait dû être de très piètre qualité après un tel délai. En effet, Roon *et al.* (2003) conseillent de minimiser les délais entre la collecte et l'extraction de l'ADN pour maximiser le succès d'amplification et mentionnent que l'ADN se détériore rapidement 6 mois à 1 an après la récolte des poils. Ces derniers suggèrent même de limiter le délai d'entreposage des poils à 12 mois. Nous recommandons tout de même traiter les échantillons le plus rapidement possible après leur récolte afin de réduire au maximum les erreurs d'amplification.

Toujours dans le but d'augmenter la précision des estimations de densité, une attention particulière devrait être attribuée aux analyses génétiques. Effectivement, la faible qualité/quantité d'ADN contenu dans les poils, qu'elle soit causée par la taille des échantillons (Waits et Paetkau 2005) ou par une dégradation de l'ADN due à une exposition aux intempéries (Lindahl 1993) peut engendrer de graves erreurs de génotypage. Ces erreurs, peu importe leur nature (p. ex. : apparition de faux allèles, présence d'allèles nuls, effet d'ombre, erreur de lecture des bandes ou erreur de transcription), devraient être évitées, car elles peuvent faire augmenter l'estimation de population de plus de 200% (Roon *et al.* 2005). Par le passé, certains auteurs ont même identifié les erreurs de génotypage comme étant un inconvénient potentiellement majeur à l'utilisation de la méthode non invasive d'estimation d'abondance par génotypage des poils (Gagneux *et al.* 1997; Goossens *et al.* 1998). Cette problématique est maintenant bien documentée (Waits et Leberg 2000; Roon *et al.* 2005; Waits et Paetkau 2005; Broquet *et al.* 2007; Wright *et al.* 2009; Marucco *et al.* 2011; Lampa *et al.* 2013) et certains auteurs ont même développé des protocoles permettant la détection et éventuellement la réduction des erreurs de génotypage (Taberlet *et al.* 1996; Miller *et al.* 2002; Frantz *et al.* 2003; Paetkau 2003; McKelvey et Schwartz 2004; Puechmaille et Petit 2007). Ces techniques, basées sur la ré-analyse de certains échantillons, permettent d'identifier la présence de faux allèles ou d'allèles nuls afin de limiter la création de « faux » individus ne pouvant être recapturés. Quoiqu'il en

soit, nous croyons que les analyses génétiques devraient être réalisées dans des laboratoires spécialisés dans l'amplification d'échantillons contenant de faibles quantités d'ADN, car ces derniers utilisent des protocoles bien établis réduisant les sources potentielles de biais. Dans la présente étude, ce type de protocole n'a pas été utilisé ce qui a nécessité l'application d'un filtre *a posteriori* sur les génotypes. Ce filtre, impliquant le retrait de certains génotypes différents à un locus (1 MM) ou deux loci (2 MM), est une mesure beaucoup plus drastique qui s'avère susceptible d'éliminer davantage d'échantillons qu'une réanalyse à l'aide des protocoles mentionnés ci-haut.

En conclusion, bien que le programme gouvernemental d'inventaire s'applique à l'ensemble du Québec et que cette étude ait été réalisée en forêt boréale seulement, nous jugeons pertinent de développer un programme d'inventaire à long terme utilisant la reconnaissance individuelle par génotypage des poils afin de favoriser une saine gestion de l'ours noir. Cette méthode non invasive, dont la réalisation sur le terrain présente plusieurs avantages (sécuritaire pour l'ours et l'humain, courte et facile d'exécution, relativement peu coûteuse), peut s'avérer très intéressante à condition d'accorder une attention toute particulière aux étapes liées aux analyses génétiques dans le but de réduire les erreurs de génotypage et donc, de maximiser les probabilités de capture et de recapture.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- BELLEMAIN, E., SWENSON, J.E., TALLMON, D., BRUNBERG, S. & TABERLET, P., 2005. Estimating population size of elusive animals with DNA from hunter-collected feces: four methods for brown bears. *Conservation Biology* 19: 150-161.
- BOERSEN, M.R., CLARK, J.D. & KING, T.L., 2003. Estimating black bear population density and genetic diversity at Tensas River, Louisiana using microsatellite DNA markers. *Wildlife Society Bulletin* 31: 197-207.
- BOITANI, L. & FULLER, T.K. (Eds.), 2000. *Research techniques in animal ecology*. Columbia University Press, New York.
- BOULANGER, J. & 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., WHITE, G.C., MCLELLAN, B.N., WOODS, J., PROCTOR, M. & HIMMER, S., 2002. A meta-analysis of grizzly bear DNA mark-recapture projects in British Columbia, Canada. *Ursus* 13: 137-152.
- BOULANGER, J., MCLELLAN, B.N., WOODS, J.G., PROCTOR, M.F. & STROBECK, C., 2004a. Sampling design and bias in DNA-based capture-mark-recapture population and density estimates of grizzly bears. *The Journal of Wildlife Management* 68: 457-469.
- BOULANGER, J., STENHOUSE, G. & 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., PROCTOR, M., STENHOUSE, G., MACHUTCHON, G. & HIMMER, S., 2008. Use of occupancy models to estimate the influence of previous live captures on DNA-based detection probabilities of grizzly bears. *The Journal of Wildlife Management* 72 (3):589-595.
- BROQUET, T., MÉNARD, N. & PETIT, E., 2007. Noninvasive population genetics : a review of sample source, diet, fragment length and microsatellite motif effects on amplification success and genotyping error rates. *Conservation Genetics* 8: 249-260.

- CATTET, M.R., CHRISTISON, K., CAULKETT, N.A. & STENHOUSE, G.B., 2003. Physiologic responses of grizzly bears to different methods of capture. *Journal of Wildlife Diseases* 39: 649-654.
- COSTER, S.S., KOVACH, A.I., PEKINS, P.J., COOPER, A.B. & TIMMINS, A., 2011. Genetic mark-recapture population estimation in black bears and issues of scale. *The Journal of Wildlife Management* 75 (5): 1128-1136.
- COURTOIS, R. HAMEL, J.-P., LAMONTAGNE, G., LEMIEUX, R. MERCIER, J. & DESROSIERS, A., 2004. Inventaire de l'ours noir en Abitibi-Témiscamingue à l'été 2001 (premier rapport d'étape). Ministère des Ressources naturelles et de la Faune, 58 p.
- DE BARBA, M., WAITS, L.P., GENOVESI, P. RANDI, E. CHIRICHELLA, R. & CETTO, E., 2010. Comparing opportunistic and systematic sampling methods for non-invasive genetic monitoring of small translocated brown bear population. *Journal of Applied Ecology*, 47: 172-181.
- DREHER, B.P., WINTERSTEIN, S.R., SCRIBNER, K.T., LUKACS, P.M., ETTER, D.R., ROSA, G.J.M., LOPEZ, V.A., LIBANTS, S. & FILCEK, K.B., 2007. Noninvasive estimation of black bear abundance incorporating genotyping errors and harvested bear. *The Journal of Wildlife Management* 71 (8): 2684-2693.
- DREWRY, J.M., VAN MANEN, F.T. & RUTH, D.M., 2013. Density and genetic structure of black bears in Coastal South Carolina. *The Journal of Wildlife Management* 77 (1): 153-164.
- FAGEN, R. & FAGEN, J.M., 1996. Individual distinctiveness in brown bears, *Ursus arctos* L. *Ethology* 102: 212-226.
- FELDHAMER, G.A., THOMPSON, B.C. & CHAPMAN, J.A., 2003. *Wild Mammals of North America: Biology, Management, and Conservation*, 2nd edition. The Johns Hopkins University Press, Maryland, U.S.A.
- FOSTER, R.J. & HARMSSEN, B.J., 2012. A critique of density estimation from camera-trap data. *The Journal of Wildlife Management* 76 (2): 224-236.
- FRANTZ, A.C., POPE, L.C., CARPENTER, P.J., ROPER, T.J., WILSON, G.J., DELAHAY, R.J. & BURKE, T., 2003. Reliable microsatellite genotyping of the Eurasian badger (*Meles meles*) using faecal DNA. *Molecular Ecology* 12: 1649-1661.
- GAGNEUX, P., BOESCH, C. & WOODRUFF, D.S., 1997. Microsatellite scoring errors associated with noninvasive genotyping based on nuclear DNA amplified from shed hair. *Molecular Ecology* 6: 861-868.

- GARDNER, B., ROYLE, J.A. & WEGAN, M.T., 2009. Hierarchical models for estimating density from DNA mark-recapture studies. *Ecology* 90: 1106-1115.
- GARDNER, B., ROYLE, J.A., WEGAN, M.T., RAINBOLT, R.E. & CURTIS, P.D., 2010. Estimating black bear density using DNA data from hair snares. *The Journal of Wildlife Management* 74 (2): 318-325.
- GARSHELIS, D.L. & NOYCE, K.V., 2006. Discerning biases in a large scale Mark-Recapture population estimate for black bears. *The Journal of Wildlife Management* 70 (6): 1634-1643.
- GETZ, W.M. & HAIGHT, R.G., 1989. *Population Harvesting. Demographic models of fish, forest, and animal resources.* Princeton University Press, New Jersey, U.S.A.
- GIGNAC, L., BRODEUR, V., DAIGLE, C., LEFORT, S., LANDRY, F. & BOUCHARD, J., 2008. Gros gibier au Québec. Données de récolte 1^{er} mai 2006 au 30 avril 2007. Ministère des Ressources naturelles et de la Faune, 55p.
- GOOSSENS, B., WAITS, L.P. & TABERLET, P., 1998. Plucked hair samples as a source of DNA: reliability of dinucleotide microsatellite genotyping. *Molecular Ecology* 7: 1237-1241.
- GROGAN, R.G. & LINDZEY, F.G., 1999. Estimating population size of low-density black bear population using capture-resight. *Ursus* 11: 117-122.
- HARRIS, R.B., SCHWARTZ, C.C., MACE, R.D. & HAROLDSON, M.A., 2011. Study design and sampling intensity for demographic analyses of bear populations. *Ursus* 22 (1): 24-36.
- HRISTIENKO, H. & MCDONALD, J.E.JR., 2007. Going into the 21st century: a perspective on trends and controversies in the management of the American black bear. *Ursus* 18 (1): 72-88.
- JOLICOEUR, H., 1996. Le marquage à la tétracycline comme méthode pour estimer les populations d'ours noir sur de grandes superficies. Ministère de l'Environnement et de la Faune. Direction de la faune et des habitats.
- 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. 52 p.

- JOLICOEUR, H. & LEMIEUX, R., 1984. Évaluation de la densité de l'ours noir de la réserve de Papineau-Labelle au moyen d'un traceur radioactif. Ministère du Loisir, de la Chasse et de la Pêche, 34 p.
- JOLICOEUR, H. & LEMIEUX, R., 1990. Comparaison de deux méthodes pour évaluer la densité de l'ours noir à la réserve de Papineau-Labelle. Ministère du Loisir, de la Chasse et de la Pêche. Direction de la gestion des espèces et des habitats.
- JORGENSON, J.T., FESTA-BIANCHET, M., GAILLARD, J.-M. & WISHART, W.D., 1997. Effects of age, sex, disease, and density on survival of bighorn sheep. *Ecology* 78 (4): 1019-1032.
- KEATING, K.A., 1986. Historical grizzly bear trends in Glacier National Park, Montana. *Wildlife Society Bulletin* 14 (1): 83-87.
- KOEHLER, G.M. & PIERCE, J., 2005. Survival, cause-specific mortality, sex, and ages of american black bears in Washington state, U.S.A. *Ursus* 16 (2): 157-166.
- KREBS, C.J., 1999. *Ecological methodology*, 2nd edition. Harper & Row Pub, New-York.
- KREBS, C.J., GILBERT, B.S., BOUTIN, S. & BOONSTRA, R., 1987. Estimation of snowshoe hare population density from turd transects. *Canadian Journal of Zoology* 65: 565-567.
- LAMONTAGNE, G., JOLICOEUR, H. & LEFORT, S., 2006. Plan de gestion de l'ours noir, 2006-2013. Ministère des Ressources naturelles et de la Faune, Direction du développement de la faune. Québec.
- LAMPA, S., HENLE, K., KLENKE, R., HOEHN, M., & GRUBER, B., 2013. How to overcome genotyping errors in non-invasive genetic Mark-Recapture population size estimation – A review of available methods illustrated by a case study. *The Journal of Wildlife Management* 77 (8): 1490-1511.
- LEMIEUX, R. & DESROSIERS, A., 2002. Description des techniques développées pour la collecte des poils d'ours noir *Ursus americanus* 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, 38 p.
- LEOPOLD, A., 1933. *Game management*. Charles Scribner's Sons. Reprinted in 1986 by University of Wisconsin Press, Madison. 481 p.
- LINDAHL, T., 1993. Instability and decay of the primary structure of DNA. *Nature* 362: 709-715.

- LONG, R.A., MACKAY, P., ZIELINSKI, W.J. & RAY, J.C., 2008. Noninvasive survey methods for carnivores. Island Press, Washington, U.S.A.
- LUIKART, G., RYMAN, N., TALLMON, D.A., SCHWARTZ, M.K. & ALLENDORF, F.W., 2010. Estimation of census and effective population sizes: the increasing usefulness of DNA-based approaches. *Conservation Genetics*. 11: 355-373.
- MACE, R.D., MINTA, S.C., MANLEY, T.L. & AUNE, K.E., 1994. Estimating grizzly bear population size using camera sightings. *Wildlife Society Bulletin* 22: 74-83.
- MacKENZIE, D.L., NICHOLS, J.D., LACHMAN, G.B., DROEGE, S., ROYLE, A. & LANGTIMM, C.A., 2002. Estimating site occupancy rates when detection probabilities are less than one. *Ecology* 83 (8): 2248-2255.
- MARSHALL, H.D., YASKOWIAK, E.S., DYKE, C. & PERRY, E.A., 2011. Microsatellite population structure of Newfoundland black bears (*Ursus americanus hamiltoni*). *Canadian Journal of Zoology* 89: 831-839.
- MARTIN, J.G.A. & RÉALE, D., 2008. Temperament, risk assessment and habituation to novelty in eastern chipmunks, *Tamias striatus*. *Animal behaviour* 75: 309-318.
- MARTORELLO, D.A., EASON, T.H. & PELTON, M.R., 2001. A sighting technique using cameras to estimate population size of black bears. *Wildlife Society Bulletin* 29 (2): 560-567.
- MARUCCO, F., BOITANI, L., PLETSCHER, D.H. & SCHWARTZ, M.K., 2011. Bridging the gaps between non-invasive genetic sampling and population parameter estimation. 57: 1-13.
- MATTHEWS, S.M., GOLIGHTLY, R.T. & HIGLEY, J.M., 2008. Mark-resight density estimation for American black bears in Hoopa, California. *Ursus* 19 (1): 13-21.
- McKELVEY, K.S. & SCHWARTZ, M.K., 2004. Genetic errors with population estimation using non-invasive molecular tagging: problems and new solutions. *The Journal of Wildlife Management* 68: 439-448.
- MILLER, C.R., JOYCE, P. & WAITS, L.P., 2002. Assessing allelic dropout and genotype reliability using maximum likelihood. *Genetics Society of America* 160: 357-366.
- MILLER, C.R., JOYCE, P. & WAITS, L.P., 2005. A new method for estimating the size of small populations from genetic mark-recapture data. *Molecular Ecology* 14: 1991-2005.
- 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. &

- 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., TALLMON, D.A., 2000. Estimating animal abundance using noninvasive DNA sampling: promise and pitfalls. *Ecological Application* 10: 283-294.
- MINISTÈRE DES RESSOURCES NATURELLES ET DE LA FAUNE (MRNF), 2004. La faune et la nature ça compte! La chasse. Site Web: <http://mrnf.gouv.qc.ca/publications/faune/statistiques/chasse.pdf> [Consulté le 25 février 2012].
- MINISTÈRE DES RESSOURCES NATURELLES ET DE LA FAUNE (MRNF), 2012. La chasse sportive au Québec 2012-2014 – Principales règles. 97 p.
- 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* 64: 183-193.
- MOWAT, G., HEARD, D.C., SEIP, D.R., POOLE, K.G., STENHOUSE, G. & PAETKAU, D.W., 2005. Grizzly *Ursus arctos* and black bear *U. americanus* densities in the interior mountains of North America. *Wildlife Biology* 11: 31-48.
- NELSON, L. & CLARK, F.W., 1973. Correction for sprung traps in catch/effort calculations of trapping results. *Journal of Mammalogy*. 54 (1): 295-298.
- NOVAK, M., BAKER, J.A., OBBARD, M.E. & MALLOCH, B., 1987. Wild Furbearer Management and Conservation in North America. The Ontario Trappers Association, Ontario.
- OBBARD, M.E. & HOWE, E.J., 2008. Demography of black bears in hunted and un hunted areas of the boreal forest of Ontario. *The journal of Wildlife Management* 72 (4): 869-880.
- OBBARD, M.E., HOWE, E.J. & KYLE, C.J., 2010. Empirical comparison of density estimators for large carnivores. *Journal of Applied Ecology*, 47: 76-84.

- OTIS, D.L., BURNHAM, K.P., WHITE, G.C. & ANDERSON, D.R., 1978. Statistical inference from capture data on closed animal population. *Wildlife Monographs*, 62: 3-135.
- PAETKAU, D., 2003. An empirical exploration of data quality in DNA-based population inventories. *The Journal of Wildlife Management* 12: 1375-1387.
- PAETKAU, D & STROBECK, C., 1994. Microsatellite analysis of genetic variation in black bear populations. *Molecular Ecology* 3: 489-495.
- PAYNE, N.F., 1981. Accuracy of aerial censusing for beaver colonies in Newfoundland. *The Journal of Wildlife Management* 45 (4): 1014-1016.
- PEACOCK, E., TITUS, K., GARSHELIS, D.L., PEACOCK, M.M. & KUC, M., 2011. Mark-recapture using tetracycline and genetics reveal record-high bear density. *The Journal of Wildlife Management* 75: 1513-1520.
- PETIT, E. & VALIÈRE, N., 2006. Estimating population size with noninvasive capture-mark-recapture data. *Conservation Biology* 20: 1062-1073.
- PLANTE, S., DUSSAULT, C. & LEFORT, S., 2013. Estimation de la densité d'ours noirs avec la technique de capture-marquage-recapture par géotypage des poils : revue de la littérature, résultats d'une des inventaires réalisés en Abitibi-Témiscamingue de 2001 à 2003 et recommandations, Québec, Ministère des Ressources naturelles et de la Faune du Québec, Direction générale de l'expertise sur la faune et ses habitats, 157 p.
- POLLOCK, K.H., NICHOLS, J.D., BROWNIE C. & HINES, J.E., 1990. Statistical inference for capture-recapture experiments. *Wildlife Monographs* 107: 3-97.
- POOLE, K.G., MOWAT, G. & FEAR, D.A., 2001. DNA-based population estimate for grizzly bears *Ursus arctos* in the northeastern British Columbia, Canada. *Wildlife Biology* 7: 105-115.
- POTVIN, F., & BRETON, L., 2005. From the field: Testing 2 aerial survey techniques on deer in fenced enclosures; visual double-counts and thermal infrared sensing. *Wildlife Society Bulletin* 33: 317-325.
- POWELL, L.A, CONROY, M.J., HINES, J.E., NICHOLS, J.D. & KREMENTZ, D.G., 2000. Simultaneous use of mark-recapture and radiotelemetry to estimate survival, movement, and capture rates. *The Journal of Wildlife Management* 64 (1): 302-313.

- PROCTOR, M., McLELLAN, B., BOULANGER, J. APPS, C., STENHOUSE, G., PAETKAU, D. & MOWAT, G., 2010. Ecological investigations of grizzly bears in Canada using DNA from hair, 1995-2005: a review of methods and progress. *Ursus* 21 (2): 169-188.
- PUECHMAILLE, S.J. & PETIT, E.J., 2007. Empirical evaluation of non-invasive capture-mark-recapture estimation of population size based on a single sampling session. *Journal of Applied Ecology* 44: 843-852.
- RÉALE, D., READER, S.M., SOL, D., McDOUGALL, P.T. & DINGEMANSE, N.J., 2007. Integrating animal temperament within ecology and evolution. *Biological Reviews* 82: 291-318.
- RIDDLE, J.D., POLLOCK, K.H. & SIMONS, T.R., 2010. An unreconciled double-observer method for estimating detection probability and abundance. *Auk* 127 (4): 841-849.
- ROBINSON, S.J., WAITS, L.P. & MARTIN, I.D., 2009. Estimating abundance of American black bears using DNA-based capture-mark-recapture models. *Ursus* 20 (1): 1-11.
- ROGERS, L.L., 1987. Effects of food supply and kinship on social behavior, movements and population growth of black bears in northeastern Minnesota. *Wildlife Monographs* 3-72.
- ROON, D.A., WAITS, L.P. & KENDALL, K.C., 2003. A quantitative evaluation of two methods for preserving hair samples. *Molecular Ecology Notes* 3: 163-166.
- ROON, D.A., WAITS, L.P. & KENDALL, K.C., 2005. A simulation test of the effectiveness of several methods for error-checking non-invasive genetic data. *Animal Conservation* 8: 203-205.
- ROY, J., ALBERT, V. & BERNATCHEZ, L., 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.
- ROY, J., YANNIC, G., CÔTÉ, S.D. & BERNATCHEZ, L., 2012. Negative density-dependent dispersal in the American black bear (*Ursus americanus*) revealed by noninvasive sampling and genotyping. *Ecology and Evolution* 2 (3): 525-537.
- SAWAYA, M.A., STETZ, J.B., CLEVINGER, A.P. GIBEAU, M.L. & KALINOWSKI, S.T., 2012. Estimating grizzly and black bear population abundance and trend in Banff National Park using noninvasive genetic sampling. *PloS ONE* 7 (5): e34777.

- SCHWARZ, C.J. & SEBER, G.A.F., 1999. Estimating animal abundance: Review III. *Statistical Science* 14 (4): 427-456.
- SEBER, G.A.F., 2002. The estimation of animal abundance and related parameters. 2nd edition. The Blackburn Press, New Jersey, U.S.A.
- SIH, A., COTE, J., EVANS, M. FOGARTY, S. & PRUITT, J., 2012. Ecological implications of behavioural syndromes. *Ecology Letters* 15: 278-289.
- SOLBERG, K.H., BELLEMAIN, E., DRAGESSET, O.-M., TABERLET, P. & SWENSON, J.E., 2006. An evaluation of field and non-invasive genetic methods to estimate brown bear (*Ursus arctos*) population size. *Biological Conservation* 128: 158-168.
- STETZ, J.B., KENDALL, K.C. & VOJTA, C.D., Genetic Monitoring (GeM) Working Group, 2011. Genetic monitoring for managers: a new online resource. *Journal of Fish and Wildlife Management* 2: 216-219.
- STETZ, J.B., KENDALL, K.C. & MACLEOD, A.C., 2014. Black bear density in Glacier National Park, Montana. *Wildlife Society Bulletin* 38 (1). Early View Nov 2013.
- ST-LAURENT, M.-H. & FERRON, J., 2008. Testing the reliability of pellet counts as an estimator of small rodent relative abundance in mature boreal forest. *Journal of Negative Results* 5: 14-22.
- SUTHERLAND, W.J., 2008. *Ecological Census Techniques*. 2nd edition. Cambridge University Press, Cambridge, Royaume-Uni.
- TABERLET, P. & BOUVET, J., 1992. Bear conservation genetics. *Nature* 358: 197-197.
- TABERLET, P. & LUIKART, G., 1999. Non-invasive genetic sampling and individual identification. *Biological Journal of the Linnean Society* 68: 41-55.
- TABERLET, P., MATTOCK, H., DUBOIS-PAGANON, C. & BOUVET, J., 1993. Sexing free ranging brown bears (*Ursus arctos*) using hairs found in the field. *Molecular Ecology* 2: 399-403.
- TABERLET, P., GRIFFIN, S., GOOSSENS, B., QUESTIAU, S., MANCEAU, V., ESCARAVAGE, N., WAITS, L.P. & BOUVET, J., 1996. Reliable genotyping of samples with very low DNA quantities using PCR. *Nucleic Acids Research* 24 (16): 3189-3194.
- TABERLET, P., CAMARRA, J.J., GRIFFIN, S., UHRES, E., HANOTTE, O., WAITS, L.P., DUBOIS-PAGANON, C., BURKE, T. & BOUVET, J., 1997. Noninvasive genetic tracking of the endangered Pyrenean brown bear population. *Molecular Ecology* 6: 869-876.

- TAYLOR, M.K., OBBARD, M., POND, B., KUC, M. & ABRAHAM, D., 2003. A guide to using RISKMAN: stochastic and deterministic population modeling RISKMANagement decision tool for harvested and unharvested populations. <http://www.nrdpfc.ca/RISKMAN/riskman2.htm>. Version 1.9.
- THOMPSON, W.L., 2004. Sampling rare or elusive species. Concepts, designs and techniques for estimating population parameters. Island Press, Washington, U.S.A.
- THOMPSON, W.L., WHITE, G.C. & GOWAN, C., 1998. Monitoring vertebrate populations. Academic Press, San Diego, California, U.S.A.
- TREDICK, C.A. & VAUGHAN, M.R., 2009. DNA-based population demographics of black bears in Coastal North Carolina and Virginia. *The Journal of Wildlife Management* 73 (7): 1031-1039.
- TRIAN, D.A., PACE, R.M. & STINE, M., 2004. Abundance, genetic diversity and conservation of Louisiana black bears (*Ursus americanus luteolus*) as detected through noninvasive sampling. *Conservation Genetics* 5: 647-659.
- U.S. FISH AND WILDLIFE SERVICE, 1994. Conservation plan for the polar bear in Alaska. Marine mammals Management, Anchorage, Alaska, U.S.A.
- VAN OERS, K. & MUELLER, J.C., 2010. Evolutionary genomics of animal personality. *Philosophical Transactions of the Royal Society* 365: 3991-4000.
- VARAS-NELSON, A.C., 2010. Conservation genetics of black bears in Arizona and Northern México. Faculty of the school of natural resources and environment, University of Arizona.
- VASHON, J.H., VAUGHAN, A.D., VASHON, A.D., MARTIN, D.D. & NICHOLS, K.N., 2003. An expandable radio collar for black bear cubs. *Wildlife Society Bulletin* 31: 380-386.
- WAITS, J.L. & LEBERG. P.L., 2000. Biases associated with population estimation using molecular tagging. *Animal Conservation* 3: 191-199.
- WAITS, L.P. & PAETKAU, D., 2005. Noninvasive genetic sampling tools for wildlife biologists: a review of applications and recommendations for accurate data collection. *The Journal of Wildlife Management* 69 (4): 1419-1433.
- WHITE, G.C., ANDERSON, D.R., BURNHAM, K.P. & OTIS, D.L., 1982. Capture-recapture and removal methods for sampling closed populations. Los Alamos Nat. Lab. Publ. LA-8787-NERP.

- WILLS, J., 2008. DNA-based hair sampling to identify road crossings and estimate population size of black bears in Great Dismal Swamp National Wildlife Refuge, Virginia. Master of Science, Faculty of Virginia Polytechnic Institute and State University, 77 p.
- WOODS, J.G., PAETKAU, D., LEWIS, D., MCLELLAN, B.N., PROCTOR, M. & STROBECK, C., 1999. Genetic tagging of free-ranging black and brown bears. *Wildlife Society Bulletin* 27: 616-627.
- WRIGHT, J.A., BARKER, R.J., SCHOFIELD, M.R., FRANTZ, A.C., BYROM, A.E. & GLEESON, D.M., 2009. Incorporating genotype uncertainty into mark-recapture-type models for estimating abundance using DNA samples. *Biometrics* 65: 833-840.

