

ECHANTILLONNAGE EN FAUNE SAUVAGE : QUELQUES QUESTIONS SUR LA TAILLE D'ÉCHANTILLON*

Emmanuelle Fromont¹ et Sophie Rossi²

RESUME : Lors de la planification d'une étude épidémiologique concernant la faune sauvage, la détermination de l'effectif de l'échantillon à étudier est cruciale, compte tenu de la difficulté à obtenir des échantillons. Nous présentons le principe du calcul de la taille d'échantillon nécessaire pour mesurer une prévalence ou comparer deux prévalences. A l'aide d'une analyse de sensibilité, nous détaillons l'influence de la prévalence réelle de la maladie, de la taille de la population, de la précision souhaitée et du risque accepté sur la taille de l'échantillon à considérer.

Dans le cadre d'une étude sur la faune sauvage, il est également nécessaire de prendre en compte les biais possibles de l'étude. Nous présentons les conséquences de ces biais sur les résultats de l'étude ainsi que les méthodes possibles pour les corriger, a priori ou a posteriori.

SUMMARY : When planning an epidemiological survey concerning wildlife, deciding sample size is essential as such samples are difficult to obtain. Here we present the principle of the needed sample size establishment to evaluate a prevalence or to compare two prevalences. With a sensitivity analysis we show the influence of actual disease prevalence, of population size, of expected precision and of admitted risk, on sample size.

Within a wildlife survey, all the possible bias are also to be considered. We present the consequences of these biases on the survey results as well as possible methods to correct them, early or late during the survey.



I - INTRODUCTION

Une des questions importantes lors de la création d'un protocole épidémiologique est de déterminer la taille de l'échantillon nécessaire [Sanaa *et al.*, 1994]. Ce calcul vise à répondre à la question posée avec une précision suffisante, mais avec un nombre minimal d'individus. On détermine ainsi l'effort d'échantillonnage à fournir, et on peut évaluer la faisabilité d'une étude en terme de coût et de possibilité technique de prélèvements. On évite ainsi d'entreprendre une étude qui serait inexploitable faute de pouvoir collecter les données appropriées.

Des méthodes classiques ont été développées dans le cas de l'échantillonnage aléatoire [Meydrech et Kupper, 1978 ; Breslow et Day, 1987 ; Levy et

Lemeshow, 1991]. Dans ce travail nous présentons les méthodes de calcul liées aux études descriptives, qui visent à estimer la prévalence, ou fréquence, d'une infection dans une population, à détecter une infection, et/ou à comparer deux prévalences (afin de rechercher un facteur de risque de la maladie). Cependant, ces calculs nécessitent des paramètres provenant de données *a priori*, qui ne sont pas toujours disponibles. Nous avons réalisé une analyse de sensibilité des différents calculs, afin de savoir à quels paramètres ces calculs sont les plus sensibles. Cette analyse permet de hiérarchiser l'importance des paramètres, et donc de savoir quelles données *a priori* sont indispensables.

* Communication orale, Journées de l'AEEMA, 18-19 mai 2000

¹ UMR 5558 Biométrie et Biologie Evolutive, bat 711, Université Lyon 1, 43 Bd du 11 novembre 1918, 69622 Villeurbanne Cedex, France

² Ecole Nationale Vétérinaire de Lyon, 1 avenue Bourgelat, 69280 Marcy L'Etoile, France

Enfin, les calculs basés sur l'échantillonnage aléatoire supposent la possibilité de tirer des individus au hasard dans la population. Dans le cas de la faune sauvage, les individus ne peuvent pas être réellement choisis au hasard : d'une part, la population n'est généralement pas assez accessible pour constituer une liste d'individus dans laquelle on pourrait effectuer un tirage et, d'autre part, quelle que soit la méthode de récolte employée, il existe des biais de sélection, c'est-à-dire que les techniques d'échantillonnage sélectionnent certains individus plutôt que d'autres [Wobeser, 1994]. Le calcul du nombre d'individus se double donc d'une contrainte concernant leur qualité : l'échantillon doit inclure suffisamment d'individus provenant des strates les plus difficiles à échantillonner. Or au prix du même effort, on peut obtenir beaucoup d'individus « tout venant » ou peu d'individus plus difficiles à obtenir. Il faut donc effectuer un compromis entre la composition souhaitée pour l'échantillon et les contraintes liées à la collecte des individus. Nous proposons quelques méthodes qui permettent d'éviter le biais ou de le corriger *a posteriori*.

1. TAILLE DE L'ÉCHANTILLON ALÉATOIRE SIMPLE

Les enquêtes réalisées en première intention sont descriptives : elles ont pour objectif de détecter la présence d'une maladie, de mesurer sa fréquence et/ou de rechercher des associations entre la maladie et des facteurs de risque [Thrusfield, 1995]. Ces études

$$p = \frac{X}{n} \pm d, \text{ avec } d = z_{1-\alpha/2} \sqrt{\frac{p(1-p)}{n}}, \text{ d'où } n = z_{1-\alpha/2}^2 \frac{p(1-p)}{d^2} \quad (1)$$

où d est le demi-intervalle de confiance et z_α est le quantile de la loi normale centrée réduite correspondant à la probabilité $1-\alpha$. Le risque α correspond à la probabilité que la fréquence réelle de la population ne se trouve pas dans l'intervalle de confiance.

Dans le cas où la fréquence et la taille de l'échantillon sont faibles tous les deux, la loi suivie par X ne peut pas être approchée par une loi normale et on a recours à la distribution exacte [Hald, 1952]. Lorsque les échantillons sont grands, mais les événements rares, on utilise l'approximation par la loi de Poisson

$$n_{cor} = \frac{N}{N-1+n} \approx \frac{N}{N+n} n \text{ [Levy et Lemeshow, 1991 ; Thrusfield, 1995]} \quad (2)$$

D'autres développements sont possibles, par exemple dans le cas où l'on effectue des tests collectifs [Sanaa *et al.*, 1994].

1.2. DETECTION D'UNE INFECTION

L'estimation d'une prévalence peut avoir pour seul objectif de savoir si l'infection est présente dans la

s'apparentent donc à des études transversales basées sur un échantillon aléatoire simple : l'échantillon est obtenu de façon ponctuelle et se veut représentatif de la population.

1.1. ESTIMATION D'UNE PREVALENCE

Pour estimer la prévalence d'une maladie, le calcul de la taille de l'échantillon nécessaire (n) se base sur la distribution d'échantillonnage du nombre de malades dans un échantillon de taille n (X). Une fois l'échantillon obtenu et le nombre de malades connu, cette distribution permet de calculer un intervalle de confiance, c'est-à-dire l'intervalle dans lequel se trouve la véritable fréquence de la population (p), avec une probabilité choisie $1-\alpha$. La taille de cet intervalle dépend de p , de α et de n . Une fois choisis la largeur souhaitée pour l'intervalle de confiance (précision) et le risque α , et une fois connu un ordre de grandeur de p , on peut calculer n .

Par exemple, dans le cas d'un échantillon aléatoire simple, si la population est assez grande pour pouvoir être considérée comme infinie (taille de la population au moins 10 fois supérieure à celle de l'échantillon), X suit une loi binomiale, et si, de plus, l'effectif de l'échantillon est assez grand pour que np et $n(1-p)$ soient tous les deux supérieurs à 5, cette loi peut être approchée par une loi normale.

Dans ce cas, l'intervalle de confiance s'écrit :

[Thrusfield, 1995] ou la transformation angulaire : $\arcsin \sqrt{X/n}$ suit approximativement une loi normale. Enfin, lorsque la taille de l'échantillon est trop grande par rapport à celle de la population (N) pour autoriser l'hypothèse d'une population de taille infinie ($n > 0,1N$ environ), X suit une distribution hypergéométrique. Dans ce cas l'effectif estimé par une des méthodes précédentes, n , peut être corrigé en n_{cor} :

population. Dans ce cas, la taille de l'échantillon doit seulement être suffisante pour détecter au moins un individu positif, avec la probabilité $1-\alpha$. Pour une population considérée comme infinie par rapport à l'échantillon, on peut calculer à l'aide de la loi binomiale que cette taille vaut :

$$n = \frac{\ln \alpha}{\ln(1-p)} \quad (3)$$

où p est l'estimateur de la prévalence attendue dans la population si l'infection était présente.

Lorsque la population n'est pas considérée comme infinie, plusieurs approximations sont proposées, elles

$$n = \left\{ -(1-\alpha)^{1/d} \right\} \left\{ N - \frac{c-1}{2} \right\} \quad (4)$$

L'objectif de détecter une maladie est rarement le seul d'une étude, mais ces calculs sont utiles pour tester l'hypothèse qu'une population est indemne d'une infection. Il signifie en effet que si n individus ont été trouvés exempts de la maladie, on peut conclure que celle-ci est absente de la population ou infecte moins de c individus, au risque α près.

1.3. COMPARAISON DE DEUX PREVALENCES

Le dernier objectif des études descriptives consiste à rechercher des associations entre la prévalence et certaines variables constituant des facteurs de risque potentiels. On effectue alors des tests d'hypothèse

$$\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2} \leq \frac{4(\arcsin \sqrt{p_1} - \arcsin \sqrt{p_2})^2}{(z_{1-d/2} + z_{1-\beta})^2} \quad (5)$$

où n_1 et n_2 sont les tailles des deux échantillons comparés.

2. ANALYSE DE SENSIBILITE DU CALCUL

Le calcul de n nécessite des données *a priori* (estimateurs pour la prévalence p ou pour le nombre d'individus infectés dans la population c et effectif de la population N), ainsi que des seuils à fixer (d, α , β et la différence de prévalence à détecter). L'analyse de sensibilité consiste à observer la variation du résultat du calcul en fonction de la variation de chacun des paramètres. Nous en déduisons des règles de choix pour les paramètres.

2.1. ESTIMATION D'UNE PREVALENCE

Un premier constat paradoxal est que tous les calculs nécessitent de connaître la prévalence p dans la population, qui est ensuite estimée par l'étude. Il est donc nécessaire d'estimer un ordre de grandeur, soit à partir d'autres études, soit en fonction de connaissances sur la maladie. La valeur de l'estimateur de p a une influence sur la taille de l'échantillon, mais le sens de cette influence dépend de la précision choisie (absolue ou relative).

Il faut également fixer la précision souhaitée pour l'estimation à réaliser, c'est-à-dire la taille de

sont proches de celle proposée par Sanaa *et al.*, 1994 [d'après Cannon et Roe, 1982] :

consistant à comparer plusieurs prévalences. Le calcul de la taille d'échantillon nécessite alors de définir deux classes d'individus, ce qui correspond déjà à une forme de stratification.

En plus des données précédentes, il est nécessaire de définir la puissance désirée pour le test : il faut définir la différence de prévalence à détecter, ainsi que la probabilité de réussir à détecter cette différence ($1-\beta$). Dans le cas d'un test bilatéral, on peut proposer une formule classique [Casagrande *et al.*, 1978 ; Breslow et Day, 1987] :

l'intervalle de confiance à obtenir. On peut en effet envisager la précision de deux manières : soit d est une valeur absolue, c'est-à-dire que la largeur de l'intervalle de confiance est identique quelle que soit la valeur de p. Dans ce cas, l'effectif n augmente avec p jusqu'à 0,5 et diminue ensuite (figure 1). Pour s'assurer d'une taille d'échantillon suffisante, il est donc préférable de considérer la valeur la plus proche de 0,5 pour l'estimation de p. On peut également choisir d'estimer p avec une précision relative, c'est-à-dire $d = d'p$. L'intervalle de confiance est alors d'autant plus grand que p augmente, donc la taille d'échantillon à considérer diminue lorsque p augmente (figure 2). La valeur choisie pour les paramètres d et α a aussi une influence : n augmente lorsque α diminue et lorsque d diminue (figure 2).

Enfin, il est souhaitable de disposer d'un estimateur pour l'effectif de la population N. L'estimation de N constitue un des problèmes importants dans les études concernant la faune sauvage, car la population étudiée est souvent mal définie : on ne connaît ni sa taille, ni ses limites géographiques précises [Dobson et Hudson, 1986]. Or la taille d'échantillon n augmente avec N (figure 1) ; donc pour considérer une taille d'échantillon suffisante, il vaut mieux considérer la plus grande valeur estimée pour N, et si aucun estimateur n'est disponible, considérer la population comme infinie.

FIGURE 1

Taille de l'échantillon nécessaire pour estimer une prévalence, en fonction de la prévalence à estimer (p) et de la taille de la population N , avec une précision absolue de $\pm 0,05$ et un risque α de $0,05$. Les courbes sont symétriques au-delà de $p = 0,5$

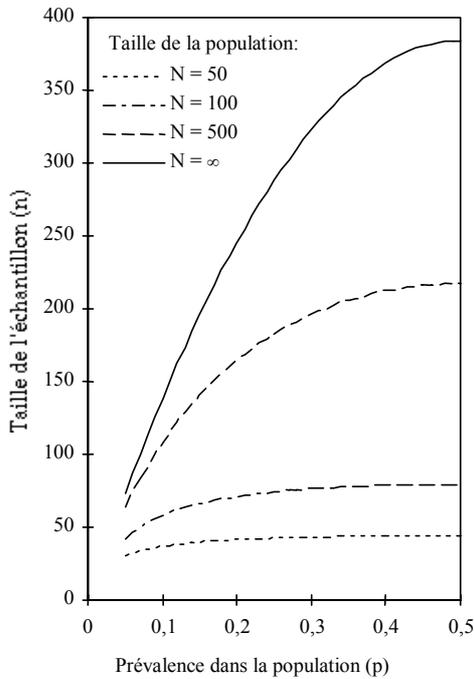
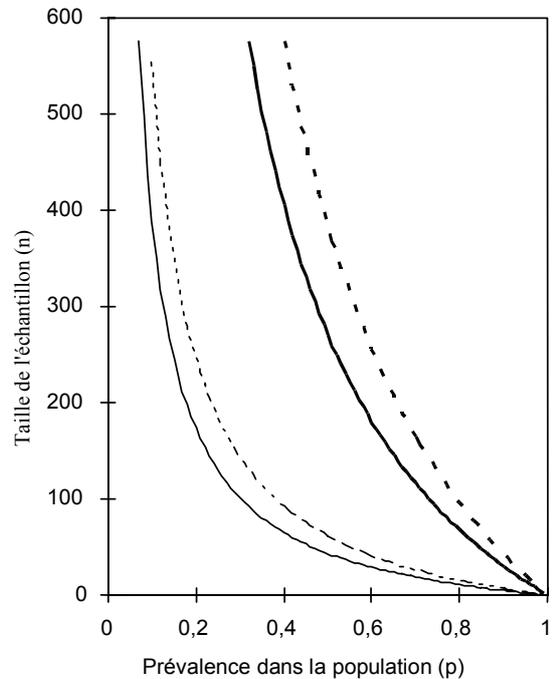


FIGURE 2

Taille de l'échantillon nécessaire pour estimer une prévalence dans une population considérée comme infinie, en fonction de la prévalence à estimer (p), avec une précision relative $d = 0,25 \times p$ (trait fin) ou $d = 0,1 \times p$ (trait gras), et un risque $\alpha = 0,1$ (trait continu) ou $\alpha = 0,05$ (trait pointillé)

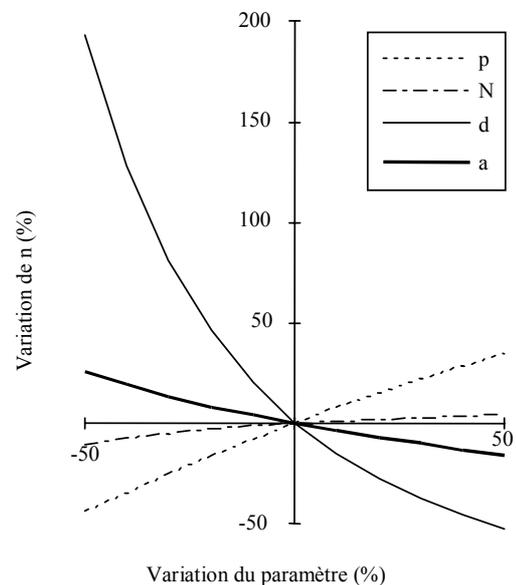


Pour comparer l'influence respective des paramètres p , N , de d et de α nous avons comparé la variation de n lors de la variation de chacun de ces paramètres (figure 3). Cette analyse montre que la précision d est le paramètre qui influence le plus la valeur de n , le choix du niveau de précision est donc crucial dans la

détermination de n . Lorsqu'on considère une précision relative, d est aussi le paramètre qui influence le plus n . Au contraire, l'estimateur de l'effectif de la population N est le paramètre qui a le moins d'influence sur n , donc une estimation de N peu précise suffit pour le calcul de n .

FIGURE 3

Influence de la variation de p , N , d et α sur la variation de n nécessaire pour estimer une prévalence. Dans la situation moyenne $p = 0,1$, $d = 0,05$ (précision absolue), $\alpha = 0,05$, $N = 1000$

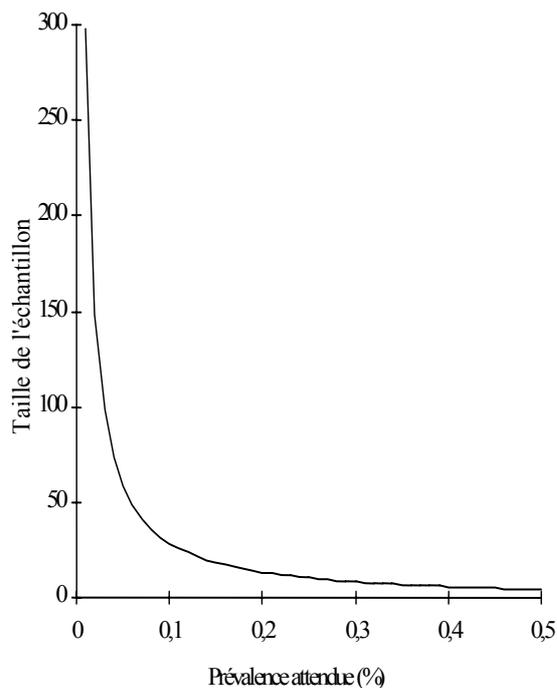


2.2. DETECTION D'UNE INFECTION

Les figures 4 et 5 illustrent le calcul de la taille d'échantillon nécessaire pour détecter au moins un individu positif dans l'échantillon au risque α près. Pour ce calcul il faut avoir estimé la prévalence attendue de l'infection (ou le nombre d'individus infectés) et N. Les figures 4 et 5 montrent que plus une infection est rare, plus la taille de l'échantillon nécessaire est élevée. Contrairement au cas précédent, il faut donc choisir le plus petit estimateur de la prévalence attendue pour s'assurer de la taille d'échantillon nécessaire. L'analyse de sensibilité (figure 6) montre que c est le paramètre qui possède le plus d'influence sur n. Cependant, l'influence de N est aussi plus importante que pour l'estimation d'une prévalence. Autour du cas $N = 1000$ et $p = 0,1$, la variation de +20 p. cent de N entraîne une augmentation de +21,1 p. cent de la taille d'échantillon nécessaire pour détecter une prévalence, alors que la même variation de N entraîne une augmentation de +4,2 p. cent de n nécessaire pour estimer une prévalence. Il faut donc toujours considérer l'estimateur maximal pour N, mais son influence est nettement plus importante pour détecter une infection que pour estimer sa prévalence.

FIGURE 4

Taille de l'échantillon nécessaire pour détecter au moins un individu positif dans une population considérée comme infinie, en fonction de la prévalence attendue dans la population (c/N), avec un risque $\alpha = 0,05$



2.3. COMPARAISON DE DEUX PREVALENCES

Pour détecter une différence de prévalence, en plus des données précédentes, il faut fixer la différence présumée entre les deux prévalences comparées, ainsi que la probabilité de détecter effectivement cette différence si elle existe ($1-\beta$, ou puissance du test). C'est l'un des points importants dans toutes les études descriptives, car si les deux prévalences comparées ne diffèrent pas statistiquement, cela peut signifier soit que les prévalences ne diffèrent effectivement pas, ou diffèrent moins qu'attendu, soit que la taille de l'échantillon ne permet pas de mettre en évidence la différence attendue. La figure 7 montre l'influence du risque relatif présumé (le rapport entre les deux prévalences à comparer) et de la puissance désirée pour le test sur la taille des échantillons : elle montre que la taille des échantillons augmente lorsqu'on souhaite augmenter la puissance du test $1-\beta$ et lorsque la différence à détecter s'amenuise. Par exemple, mettre en évidence un risque relatif de 2 avec une puissance de 0,90 nécessite deux échantillons de 261 individus chacun. Cependant, avec la même taille d'échantillon, la probabilité de mettre en évidence un risque relatif de 1,5 est de seulement 36 p. cent.

FIGURE 5

Taille de l'échantillon nécessaire pour détecter au moins un individu positif dans une petite population, en fonction du nombre d'individus supposés infectés dans la population (c) et de la taille de la population N, au risque $\alpha = 0,05$

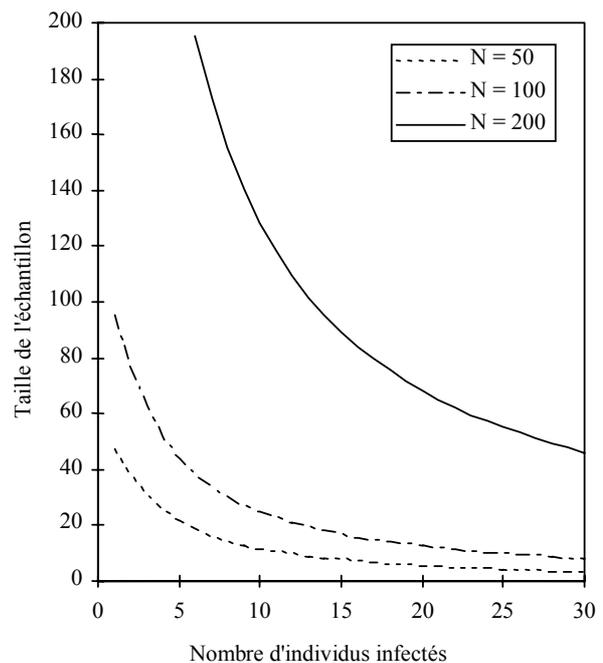


FIGURE 6

Influence de la variation de c , N et a sur la variation de n nécessaire pour détecter une infection. Dans le cas moyen $c = 100$, $N = 1000$, $\alpha = 0,05$

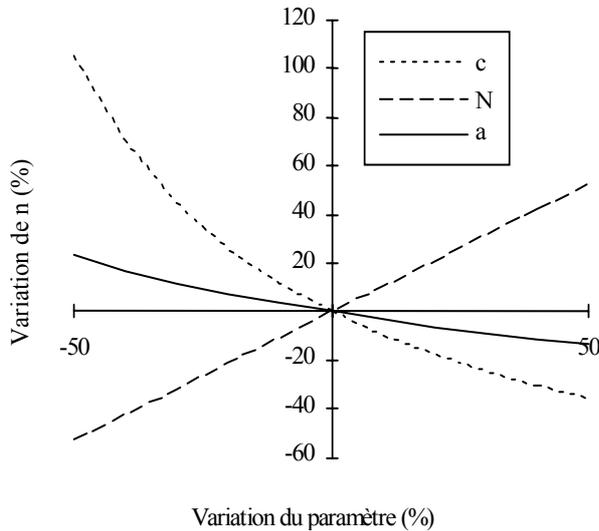
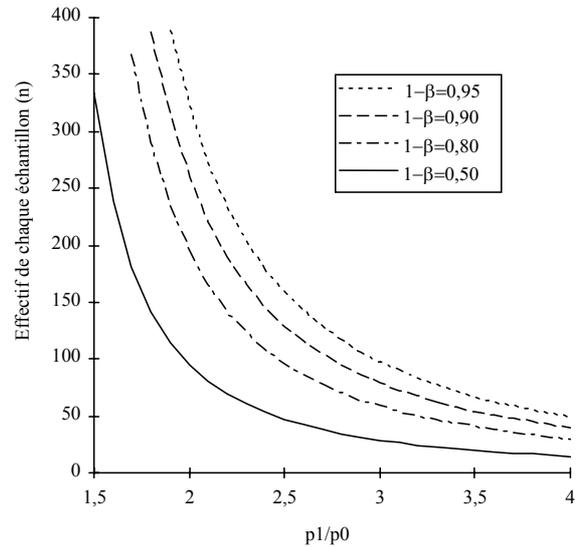


FIGURE 7

Taille de chacun des deux échantillons nécessaires pour comparer deux prévalences p_0 et p_1 en fonction du risque relatif présumé p_1/p_0 et de la puissance souhaitée pour le test ($1-\beta$). Dans ce cas les deux échantillons ont la même taille, $p_0 = 0,10$ et $\alpha = 0,05$



La formule présentée ci-dessus a l'avantage de permettre des tailles d'échantillons inégales. Pour une puissance donnée, on peut prendre soit des échantillons de même taille, soit des échantillons de taille différente. Une étude de la taille totale de l'échantillon en fonction du rapport n_1/n_2 montre que la plus petite taille d'échantillon est obtenue avec $n_1 = n_2$. Cependant, on peut chercher à obtenir d'autres rapports si les individus d'un groupe sont nettement plus difficiles à obtenir que ceux de l'autre groupe. Par exemple, pour détecter une différence entre $p_1 = 0,1$ et $p_2 = 0,2$, avec un risque $\alpha = 0,05$ et une puissance $1 - \beta = 0,9$, on peut obtenir deux fois 261 individus (soit $n_1 = n_2$ et $n_1 + n_2 = 522$), soit 196+392 individus ($n_1 = 2n_2$ et $n_1 + n_2 = 588$), soit 174 et 522 ($n_2 = 3n_1$ et $n_1 + n_2 = 696$) et ainsi de suite.

3. INFLUENCE ET CORRECTION DES BIAIS DE SÉLECTION

Les calculs précédents sont basés sur l'hypothèse d'un échantillon représentatif de la population d'origine. Cependant, la méthode utilisée pour accéder aux individus est souvent génératrice de biais de sélection, c'est-à-dire que toutes les classes d'individus n'ont pas la même probabilité d'être sélectionnées dans l'échantillon. Dans le cas de la faune sauvage, on peut même considérer que toutes les techniques de recueil connues sont biaisées [Wobeser, 1994]. Nous

présentons ici quelques notions concernant l'origine et l'influence des biais de sélection, ainsi que les possibilités de les contrôler.

D'autres biais sont possibles dans les études concernant la faune sauvage, notamment des biais de mesure ou de classement. Ces biais se produisent lorsque les individus sont mal classés quant à leur catégorie (malade/non malade, classe d'âge, etc.), par exemple lorsque la sensibilité et la spécificité du test biologique utilisé pour classer les individus sont faibles. Des corrections sur les calculs sont proposées lorsqu'on connaît la sensibilité et la spécificité des tests [Greenland et Kleinaum, 1983 ; Sanaa *et al.*, 1994]. Ce n'est pas toujours le cas, par exemple lorsqu'on applique à des espèces sauvages des tests biologiques mis au point pour des espèces domestiques.

3.1. ORIGINE DU BIAIS DE SÉLECTION

Lorsqu'il existe un biais de sélection, certaines classes de population (par exemple les femelles, ou les jeunes, ou les malades) sont sur- ou sous-représentées dans l'échantillon, et celui-ci n'est plus représentatif de la population. Il faut noter que la représentativité de l'échantillon n'est pas toujours souhaitable. Par exemple, lorsqu'on cherche à détecter une maladie, on peut sélectionner les individus les plus exposés, sans rechercher un échantillon représentatif. On peut aussi étudier la prévalence de la maladie strate par strate et rechercher une précision identique dans toutes les strates. Dans ce cas, la taille de l'échantillon doit être

calculée pour chaque strate et elle sera proportionnelle à $p_i(1-p_i)$ pour chaque strate, où p_i est la prévalence dans la strate considérée.

L'origine du biais de sélection réside dans la méthode employée pour recruter les individus. Le biais peut résider dans le protocole, mais la plupart du temps il se produit lorsque ce protocole est mis en œuvre sur le terrain. Les biais sont propres à chaque technique d'échantillonnage. Par exemple, le recueil d'animaux morts, outre qu'il s'adresse à la « population » des animaux morts et est donc biaisé par rapport à la population vivante, dépend de la cause de mortalité [Breitenmoser et Zanoni, 1996] et de l'aspect des espèces [Ciplef et Wobeser, 1993]. Les carcasses retrouvées ne sont généralement pas représentatives de la « population » des animaux morts.

3.2. INFLUENCE DU BIAIS DE SELECTION

Le biais de sélection peut influencer l'estimation de la prévalence, si les classes de populations sur- et sous-représentées diffèrent quant au risque étudié. L'étude Courchamp *et al.* [sous presse] donne un exemple de l'influence du biais de sélection sur l'estimation de la prévalence de l'infection par le virus de l'immunodéficience féline (FIV) dans une population de chats errants : au cours de cette étude effectuée par capture-recapture, la fraction d'échantillonnage des mâles dominants a diminué au cours du temps. Les mâles dominants étant particulièrement exposés à l'infection, la prévalence de l'infection semblait diminuer de 30 p. cent à 3 p. cent, alors qu'après correction elle a été estimée comme stable autour de 13 p. cent. A côté de cette influence sur la justesse de l'estimation de la prévalence, le biais de sélection a aussi une influence sur la précision de l'estimation dans chacune des strates : l'estimation de la prévalence est d'autant plus précise que la strate est sur-représentée.

Le biais de sélection influence aussi la détection d'une infection : si l'échantillonnage privilégie les strates d'animaux peu exposées à la maladie, la maladie peut ne pas être détectée et la population risque d'être déclarée indemne à tort, même avec un échantillon de taille adéquate. On peut prendre en compte ce problème en utilisant comme estimateur de la prévalence une prévalence ajustée sur la structure prévue pour l'échantillon. Mais on peut aussi rechercher un échantillon biaisé pour détecter une maladie : en s'intéressant uniquement aux strates les plus à risque, on maximise la probabilité de détecter l'infection. On calcule alors n en considérant comme estimateur de p la prévalence attendue dans les strates à risque.

Enfin, un biais de sélection n'influence la comparaison de deux prévalences que si ce biais est différentiel, c'est-à-dire s'il s'exerce différemment dans les deux groupes comparés [Thrusfield, 1995]. Un échantillon peut donc être non représentatif de la population tout en permettant la comparaison entre deux prévalences.

3.3. EVITER LES BIAIS DE SELECTION A PRIORI

Lorsqu'on connaît les biais de sélection on peut chercher à les corriger *a priori*, en modifiant le plan d'échantillonnage. On peut proposer deux manières de changer la technique d'échantillonnage afin obtenir suffisamment d'individus dans une strate habituellement sous-représentée : la première consiste à inclure préférentiellement la strate sous-représentée; la deuxième est d'éviter les individus de la strate sur-représentée.

Ces méthodes s'apparentent à la stratification d'échantillonnage : on échantillonne les différentes strates indépendamment les unes des autres et on tire dans chaque strate un nombre d'individus proportionnel à l'importance de la strate dans la population [Waksberg, 1978]. Cependant, l'échantillonnage stratifié n'est possible que si on a accès indépendamment à chacune des strates. En général ce n'est pas le cas et la stratification à proprement parler est impossible.

La première méthode (rechercher les individus des strates sous-représentées) demande de modifier la technique d'échantillonnage qui a abouti au biais. Pour une population échantillonnée par capture, ce peut être par exemple de modifier les périodes de capture, le type de pièges utilisés et les lieux de piégeage. C'est la méthode utilisée par Courchamp *et al.* [sous presse]. La modification de l'échantillonnage consistait à augmenter l'effort de capture. L'inconvénient de cette méthode (outre quelle n'est pas toujours possible) est de modifier l'échantillonnage « en aveugle » : les nouveaux échantillons ne sont pas directement comparables à ceux obtenus avant modification. Cependant, un échantillonnage réalisé de façon constante dans le temps peut induire lui-même des variations temporelles. C'est le cas de la capture-recapture lorsque la probabilité de capture d'un individu varie au cours du temps ou avec son histoire de capture. La modification du protocole consiste alors seulement à compenser ces variations, comme dans le cas de Courchamp *et al.* [sous presse].

La deuxième méthode représente une alternative à ce problème : il s'agit de conserver la méthode de capture employée précédemment, mais de ne pas considérer tous les individus des strates sur-représentées. Par exemple, les échantillonnages réalisés au cours de la chasse sont sujets à des biais liés aux choix des chasseurs, ainsi qu'à leurs opportunités, elles mêmes liées aux caractéristiques individuelles [Coe *et al.*, 1980 ; Hepp *et al.*, 1986]. On peut alors proposer de ne pas considérer tous les individus de la strate sur-représentée, mais seulement une fraction d'entre eux. Par exemple, lorsque les mâles sont sur-représentés par rapport aux femelles on peut proposer de ne récolter les données que pour une partie des mâles. Cette méthode présente plusieurs difficultés : il faut d'abord que la strate de l'individu soit visible avant que les données soient recueillies : c'est souvent possible (par exemple pour le sexe, la condition physique et l'âge), mais pas toujours. Surtout, un tel protocole doit éviter

d'introduire de nouveaux biais dans l'étude : en éliminant des individus sans protocole précis, on peut modifier le plan d'échantillonnage en aveugle. Par exemple, si on veut distinguer mâles et femelles, il est probable que les individus difficiles à sexer ne seront pas considérés, or ils peuvent correspondre à une classe (d'âge par exemple) particulière. Il faut donc un protocole qui permette un tirage aléatoire des individus conservés. Enfin, la complexité du nouveau protocole ne doit pas freiner son utilisation. Par exemple, ici on pourrait proposer de ne considérer que le premier mâle tué après chaque femelle, en faisant l'hypothèse que tous les mâles de la population ont la même probabilité de se trouver dans ce cas.

3.4. CORRECTION *A POSTERIORI*

Lorsque des corrections sont impossibles *a priori* on peut corriger un biais *a posteriori*, soit en corrigeant la structure de l'échantillon, soit en calculant une prévalence ajustée. Il faut noter que ces corrections ne sont possibles que si on connaît la structure de la population quant aux strates étudiées. Mais cette connaissance peut intervenir après le recueil de données épidémiologiques : l'avantage est que l'on peut corriger l'estimation de la prévalence longtemps après l'échantillonnage si nécessaire.

Avant d'analyser les données, on peut réduire la taille de l'échantillon en éliminant des données correspondant aux strates sur-représentées, de manière

à obtenir un échantillon représentatif. Cette méthode possède l'inconvénient de diminuer l'effectif de l'échantillon. Si une strate est fortement sur- ou sous-représentée, cette diminution peut être importante, et la taille globale de l'échantillon peut alors devenir insuffisante pour répondre aux objectifs fixés par l'étude. D'autre part, cette méthode est coûteuse au sens où certaines données récoltées ne sont pas utilisées. Cependant, elle a l'avantage de pouvoir être réalisée de manière aléatoire vraie (en tirant au sort les données à éliminer) et donc de ne pas introduire de nouveau biais dans l'étude. On obtient ensuite un échantillon représentatif pour les strates étudiées, et cette correction peut être revue lorsque de nouvelles informations concernant la population apparaissent.

La deuxième méthode, dite de stratification après échantillonnage ou post-stratification, consiste à calculer la prévalence ajustée [Kleinbaum *et al.*, 1982 ; Levy et Lemeshow, 1991]. La prévalence globale est calculée comme une moyenne des prévalences par classe, et la prévalence de chaque strate est pondérée par le poids de cette strate dans la population. Levy et Lemeshow [1991] proposent une méthode d'estimation de la variance de la prévalence ajustée, afin de calculer son intervalle de confiance. Il faut noter que la post-stratification est toujours à l'origine d'une diminution de la précision de l'estimation, et que cette diminution est d'autant plus importante que l'échantillon est de petite taille.

II - CONCLUSION

Le calcul de la taille d'échantillon *a priori* nécessite une connaissance préalable de la population et de la maladie étudiées. Concernant la faune sauvage, ces données sont difficiles à recueillir. D'autre part, ce calcul *a priori* peut s'avérer faussé si l'échantillon recueilli par la suite est biaisé. En effet, la correction *a posteriori* est possible mais la précision souhaitée au départ n'est pas obtenue.

Ces conclusions pourraient laisser penser que le calcul de la taille d'échantillon nécessaire est inutile. La plupart des études concernant la faune sauvage ne mentionnent d'ailleurs aucun calcul *a priori*. Cependant, on peut avancer deux arguments contre cette idée. D'abord, le calcul de n permet de programmer la technique d'échantillonnage. En fonction de l'ordre de grandeur nécessaire et en relation avec la technique choisie pour recueillir les

données, on peut définir l'échelle spatiale et la durée nécessaires à l'échantillonnage.

D'autre part, l'analyse des données recueillies permet de valider le calcul réalisé *a priori* : en comparant la précision et la puissance observées à ceux attendus, on peut valider ou non le calcul de n et proposer une correction. Actuellement, les études qui discutent *a posteriori* de la validité de la taille de l'échantillon utilisé restent rares. Les cas sont probablement nombreux où on utilise des tailles d'échantillons comparables à des études antérieures, alors que la validité de ces tailles d'échantillons n'a pas été discutée. En réalisant et en discutant systématiquement ce calcul, chaque étude pourrait améliorer la connaissance des tailles d'échantillons nécessaires en faune sauvage.

III - BIBLIOGRAPHIE

- BREITENMOSER U., ZANONI R. - Sampling strategy for the detection of rabies in high density fox population. In Proceedings of Jahresversammlung, Bern, 29/02-01/03 1996. *Société Suisse de Microbiologie*, Bern, 1996.
- BRESLOW N.E., DAY N.E. - Statistical Methods in Cancer Research, vol. 2 : The Design and Analysis of Cohort Studies. IARC Scientific Publications N°82. International Agency on Cancer Research, Lyon, 1987.
- CANNON R.M., ROE R.T. - Livestock Disease Surveys : a field manual for veterinarians. Australian Government Publishing Service, Canberra, 1982.
- CASAGRANDE J.T., PIKE M.C., SMITH P.G. - An improved approximate formula for calculating sample sizes for comparing two binomial distributions. *Biometrics*, 1978, **34**, 483-486.
- CLIPLEF D.J., WOBESER G. - Observations on waterfowl carcasses during a botulism epizootic. *J. Wildl. Dis.*, 1993, **29**, 8-14.
- COE R.J., DOWNING R.L., MCCINNES B.S. - Sex and age bias in hunter-killed white-tailed deer. *J. Wildl. Manage.*, 1980, **44**, 245-249.
- COURCHAMP F., SAY L. PONTIER D. - Detection, identification and correction of a bias in an epidemiological study. *J. Wildl. Dis.*, sous presse.
- DOBSON A.P., HUDSON P.J. - Parasites, disease and the structure of ecological communities. *Trends Ecol. Evol.*, 1986, **1**, 11-15.
- GREENLAND S., KLEINBAUM D.G. - Correcting for misclassification in two-way tables and matched-pair studies. *Int. J. Epidemiol.*, 1983, **12**, 93-97.
- HALD A. - Statistical tables and formulas, 97 pages, Ed. Wiley, New York, 1952.
- HEPP G.R., BLOHM R.J., REYNOLDS R.E., HINES J.E., NICHOLS J.D. - Physiological condition of autumn-banded mallards and its relationship to hunting vulnerability. *J. Wildl. Manage.*, 1986, **50**, 177-183.
- KLEINBAUM D., KUPPER L.L., MORGENSTERN H. - Epidemiologic Research. Principles and Quantitative Methods, 529 pages, Ed. Van Nostrand Reinhold Company, New York, 1982.
- LEVY P.S., LEMESHOW S. - Sampling of populations, Methods and applications, 2nd Edition, 420 pages, Ed. John Wiley and Sons, Inc., New York, 1991.
- MEYDRECH E.F., KUPPER L.L. - Cost considerations and sample size requirements in cohort and case-control studies. *Am. J. Epidemiol.*, 1978, **107**, 201-205.
- SANAA M., GERBIER G., ELOIT M. TOMA B.- Echantillonnage dans les enquêtes descriptives. *Epidémiol. et santé anim.*, 1994, **25**, 45-67.
- THRUSFIELD M. - Veterinary epidemiology, 2nd Edition, 479 pages, Ed. Blackwell Science, Oxford, 1995.
- WAKSBERG J. - Sampling methods for random digit dialing. *J. Am. Stat. Assoc.*, 1978, **73**, 40-46.
- WOBESER G. - Investigation and management of disease in wild animals, 265 pages, Ed. Plenum Press, New York, 1994.



