

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية

REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique

جامعة أبي بكر بلقايد - تلمسان

Université Aboubakr Belkaïd – Tlemcen –

Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie et des Sciences de la Terre et de l'Univers

Laboratoire de Gestion Conservatoire de l'Eau, du Sol et des Forêts et Développement Durable
des Zones Montagneuses de la Région de Tlemcen



Thèse de Doctorat

Présentée par :

BENTABET Khadidja

En vue de l'obtention du Diplôme de Doctorat troisième cycle (LMD) en Foresterie

THÈME

Ecologie trophique et génétique de la hyène rayée (*Hyaena hyaena*) en Algérie

Soutenue publiquement le 16 / 02 /2026 devant le jury composé de :

Mme. BOUCHAOUR-DJABEUR Sabiha	MCA	Univ. Tlemcen	Présidente
Mme. BENDAHMANE Ikram	MCA	Univ. Tlemcen	Examinatrice
M. NASRALLAH Yahia	Prof.	Univ. Saida	Examineur
M. MERIOUA Sidi Mohamed	MCA	C.U Naâma	Examineur
M. MOSTEFAI Noureddine	Prof.	Univ. Tlemcen	Directeur de thèse
M. DE SMET Koen	Prof.	Univ. Antwerpen Belgique	Co-directeur de thèse

Année universitaire 2025-2026

Hommage

À ma maman chérie,

***partie trop tôt, Que Dieu la protège dans Son paradis, mais dont l'amour continue de guider chacun
de mes pas.***

Cette réussite, tu l'as attendue, espérée, portée avec moi bien avant qu'elle ne devienne réalité.

Ton courage, ta tendresse et ta confiance ont construit ce que je suis.

***Que cette thèse soit un témoignage de ton influence profonde et de l'héritage d'amour que tu m'as
laissé.***

Je te dédie ce travail, avec une gratitude et une affection éternelles.

Dédicace

À mon père, qui a toujours été à mes côtés, dans les moments de doute comme dans les réussites. Merci pour ton aide généreuse, ton écoute et ton amour, qui m'ont donné la force d'avancer chaque jour. Cette thèse porte aussi l'empreinte de ta générosité et de ta force. »

À

Mon mari,

Mes sœurs Nadia et Chérifa,

Mes frères Sidahmed et Adel,

Pour leur aide inestimable et leur soutien indéfectible

À

Mes neveux et nièces,

Belle Mère, Belles Sœurs et Beaux Frères

À mon fils Issam.

Remerciements

A l'issue de ce travail doctorale, je tiens tout d'abord à remercier le bon Dieu miséricordieux de m'avoir aidé à réaliser à terme, ainsi qu'à exprimer ma profonde gratitude à :

- *M. MOSTEFAI Nouredine, Professeur à l'Université Abou Bakr Belkaïd de Tlemcen, d'avoir accepté la direction de cette thèse, pour sa disponibilité, sa patience, ses conseils avisés et la confiance qu'il m'a accordée tout au long de cette recherche.*
- *M. Koen DE SMET, Professeur à L'Université d'Antwerpen, Belgique, et secrétaire générale de la société North African Big Carnivores Stichting, d'avoir accepté la codirection de ce travail, pour tous ce qui m'a apporté comme matériels, contacts, sa disponibilité et ses orientation qui ont largement contribué la réalisation à la réalisation de ce travail.*
- *Mme Helen Senn, docteure, chef du département Conservation au niveau de Royale Zoological Society of Scotland, et responsable de laboratoire WildGenes (RZSS) pour m'avoir permis d'effectuer mes analyses au sein de leur laboratoire, et m'apporter les notions de bases de l'analyse génétique,*

- Aux membres de mon jury : Mme. BOUCHAOUR-DJABEUR Sabiha, docteure à l'Université de Tlemcen, pour avoir accepté de présider ce jury, et Mme BENDAHMENE Ikram, docteure à l'Université de Tlemcen, M. NASRALLAH Yahia, Professeur à l'Université de Saida, ainsi que M. MERRIOUA Sidi Mohamed, docteur au Centre universitaire de Naàma, pour avoir accepté d'examiner ma thèse.

M. Alex Ball, Docteur et responsable de l'équipe WildGenes (RZSS), pour son accompagnement, son aide précieuse dans la facilitation des moyens nécessaires à la réalisation de me analyses.

Muhammed Ghazali, technicien du laboratoire WildGenes (RZSS), pour son accompagnement attentif et son aide précieuse à chaque étape de mes analyses, ainsi que Matlaab Al Ghafri, post-doctorant dans le même laboratoire, pour sa disponibilité et son soutien constant. Au-delà de leur soutien scientifique, ils ont été pour moi de véritables amis, leur disponibilité a facilité mon séjour.

J'adresse également mes sincères remerciements à l'ensemble des enseignants et du personnel du département des ressources forestières. C'est auprès d'eux que j'ai été formé et que j'ai pu

évoluer, et je leur suis profondément reconnaissante pour leur disponibilité et le soutien qu'ils m'ont apporté tout au long de mon parcours académique.

Eddine Ahmed, Maître de conférence A à l'université de Ferhat Abbas Sétif, pour sa disponibilité et l'aide précieuse qu'il m'a donnée, tant sur le terrain que lors de mes analyses en laboratoire et dans les traitements de données. Son soutien constant a été d'une grande valeur tout au long de mon travail.

Je tiens à exprimer un grand merci au personnelles de la réserve de chasse de Tlemcen, pour leurs aide et leurs efforts.

Je tiens également à remercier toutes celles et ceux qui, de près ou de loin, m'ont aidée de ce travail et que je n'ai pas pu mentionner. Leur aide été si précieux, je leur exprime ici toute ma gratitude.

Sommaire

Résumé en arabe	
Abstract	
Résumé	
Liste des figures	
Liste des tableaux	
Abréviations	

Introduction générale	01
------------------------------------	----

CHAPITRE I : DESCRIPTION DU MATERIEL BIOLOGIQUE

I.1 Historique et évolution de la famille des Hyaenidae	04
I.2 Systématique et présentation de la Hyène rayée (<i>Hyaena hyaena</i>)	04
I.2.1 Répartition géographique	05
I.2.1.1 Dans le monde	05
I.2.1.2 En Algérie	06
I.2.2 Morphologie générale	07
I.2.3 Taille	08
I.2.4 Habitat	09
I.2.5 Écologie sociale	09
I.2.6 Reproduction et développement	10
I.2.7 Dentition	11
I.2.8 Régime alimentaire	11
I.3 Statut de conservation	11
I.4 Menaces	11

CHAPITRE II : PRESENTATION DE LA ZONE D'ETUDE

II.1. Introduction	13
II.2. Cadre physique	13
II.2.1. Situation géographique et administrative	13
II.2.2. Contexte géologique	14
II.2.3. Morphologie topographique.....	16
II.2.3.1 Répartition des altitudes.....	16
II.2.3.2. Pente	17
II.2.4. Synthèse des données hydrographiques et hydrologiques.....	18
II.2.5. Contexte pédologique.....	19
II.3. Climatologie.....	21

II.3.1. Choix des stations météorologiques.....	22
II.3.2. Paramètres climatiques.....	22
II.3.2.1. Précipitations.....	23
II.3.2.2. Température.....	24
II.3.2.3. Vent.....	25
II.3.2.4. Neige.....	25
II.3.3. Synthèse climatique.....	26
II.3.3.1. Diagrammes ombrothermiques de Bagnouls et Gausсен.....	26
II.3.3.2. Quotient pluviothermique d'Emberger.....	28
II.4. Diversité biologique.....	30
II.4.1. Richesse faunistique.....	30
II.4.2. Richesse floristique.....	30
II.5. Impact des activités humaines et enjeux socio-économiques régionales.....	31
II.5.1. Elevage et interactions avec la faune.....	30
II.5.2. Aménagement et gestion de la réserve.....	32
II.5.3. Pressions ponctuelles et activités annexes.....	33

CHAPITRE III : ECOLOGIE TROPHIQUE

III.1. Introduction.....	33
III.2. Méthodologie.....	33
III.2.1. Identification et collecte du matériel fécale.....	33
III.2.2. Période de terrain et nombre d'échantillons.....	34
III.2.3. Analyse des échantillons au laboratoire.....	34
III.2.4. Identification des items alimentaires.....	35
III.3. Occupation de l'espace.....	38
III.3.1. Techniques directes.....	38
III.3.2. Techniques indirectes.....	38
III.3.3. Cartographie d'habitat.....	40
III.4. Analyse et traitement des données collectées.....	40
III.4.1. Fréquence d'occurrence (Fi).....	40
III.4.2. Fréquence relative d'occurrence (Fr).....	40
III.4.3. Calcul de la biomasse.....	41
III.4.4. Indice de diversité Shannon.....	42
III.4.5. Indice d'équitabilité.....	42
III.4.6. Test d'indépendance de khi-deux.....	43
III.5. Résultats.....	43

III.5.1. Occupation spatiale par la hyène rayé.....	43
III.5.1.1. Techniques directes (observations visuelles).....	43
III.5.1.2. Techniques indirectes.....	43
III.5.2. Cartographie d'habitat.....	46
III.5.3. Composition du régime alimentaire.....	46
III.5.4. Variations saisonnières du régime alimentaire.....	52
III.5.4.1. Période estivale.....	53
III.5.4.2. Période automnale.....	54
III.5.4.3. Période hivernale.....	55
III.5.4.4 Période printanière.....	56
III.5.5. Diversité et équitabilité.....	57
III.6. Discussion.....	58

CHAPITRE IV : DIVERSITE GENETIQUE

IV.1. Introduction.....	65
IV.2. Matériels et méthodes.....	65
IV.2.1. Collecte des échantillons.....	65
IV.2.2. Etiquetage.....	67
IV.2.3. Extraction d'ADN.....	67
IV.2.3.1. Protocole d'extraction d'ADN à partir des tissus.....	67
IV.2.3.2. Protocole d'extraction d'ADN à partir des poils avec follicules.....	68
IV.2.3.3. Protocole d'extraction d'ADN à partir des crottes.....	69
IV.2.4. Évaluation de la qualité de l'ADN.....	70
IV.2.5. Amplification et séquençage d'ADN mitochondrial.....	71
IV.2.5.1. Amplification	71
IV.2.5.1.1. Fragment d'ADN mitochondrial du cytochrome b (Cyt b).....	71
IV.2.5.1.2. Fragment de la région de commande (D-loop).....	71
IV.2.5.2. Vérification de l'amplification PCR par électrophorèse sur gel d'agarose.....	72
IV.2.5.3. Séquençage.....	73
IV.2.6. Amplification et génotypage des microsatellites.....	73
VI.2.6.1. Protocole d'amplification PCR.....	74

IV.2.7. Traitement, identification et alignement des séquences.....	76
IV.2.8. Analyse de diversité génétique.....	76
IV.3. Résultats.....	76
IV.3.1. Cytochrome b.....	77
IV.3.2. Région de contrôle.....	78
IV.3.3. Microsatellites loci.....	80
IV.4. Discussion.....	81
Conclusion générale.....	85
Références bibliographiques.....	87

الإيكولوجيا التغذوية والوراثة لدى الضبع المخطط في الجزائر

ملخص :

الهدف من هذه الأطروحة هو تحليل النظام الغذائي للضبع المخطط (هياينا هياينا)، مع تقديم معطيات وراثية أولية حول تحديد ودراسة التنوع الوراثي للمجموعة الحيوانية المحلية. أجريت دراسة البيئة الغذائية في محمية الصيد في تلمسان، استنادًا إلى 197 عينة من البراز تم جمعها على مدى ثلاث سنوات متتالية (2016-2019). وقد أظهرت هذه التحليلات الطابع العام والانتهازي لهذا الحيوان المفترس الذي يتغذى على الجيف. وتبين أن نظامه الغذائي متنوع للغاية، حيث يشمل الثدييات والطيور والزواحف والحشرات والفواكه والنباتات، فضلاً عن النفايات البشرية. ومع ذلك، تمثل الثدييات، ولا سيما الخنازير البرية، التي تبلغ نسبة تواجدها 34.52٪ وكتلتها الحيوية 36.29٪، المورد الرئيسي، مما يؤكد أن هذا النوع ليس أكل جيف حصريًا بل يمارس أيضًا افتراضًا نشطًا. علاوة على ذلك، فإن التواجد المتكرر للفواكه والنباتات، بنسبة كبيرة تختلف حسب المواسم، يوضح مرونتها البيئية وقدرتها على التكيف مع تقلبات توافر الغذاء. يتم استهلاك أنواع الطعام الأخرى (الزواحف والحشرات والطيور والنفايات العضوية) بكميات قليلة لتكملة نظامها الغذائي.

شمل التحليل الجيني 96 عينة تم جمعها من خمس مناطق في شمال الجزائر. ومن بينها، تم الحصول على 64 تسلسلاً قابلاً للاستخدام لجين السيوكروم ب الميتوكوندريا و42 عينة في منطقة الحلقة التنظيمية. وأكدت جميع التسلسلات الانتماء إلى الضبع المخطط. وكشفت التحليلات عن نمط جيني فريد لكل جزء تمت دراسته، مما يدل على غياب التباين الوراثي داخل التجمع الحيواني وانخفاض شديد في مستوى التنوع الجيني. وتؤكد المقارنة مع البيانات المتاحة على الصعيد الدولي أن هذا التباين الضعيف يندرج في إطار اتجاه عام لوحظ لدى هذه الفصيلة. علاوة على ذلك، أظهر تحليل موقعين من الميكروساتلايت على 46 عينة تنوعًا محدودًا في الأليلات. وتشير هذه النتائج إلى وجود تجانس جيني ملحوظ داخل تجمعات الضبع المخطط في الجزائر.

الكلمات المفتاحية: الضبع المخطط، الجزائر، البيئة الغذائية، علم الوراثة، أحادية الشكل.

Trophic ecology and genetics of the striped hyena (*Hyaena hyaena*) in Algeria

Abstract :

The aim of this thesis is to analyse the diet of the striped hyena (*Hyaena hyaena*), while providing preliminary genetic data on the identification and genetic diversity of the local population. The trophic ecology study was conducted in the Tlemcen hunting reserve, based on 197 faecal samples collected over a period of three consecutive years (2016-2019). This analysis highlighted the generalist and opportunistic nature of this scavenging carnivore. Its diet was found to be particularly diverse, including mammals, birds, reptiles, insects, fruit, plants and human waste. However, mammals, particularly wild boar, with an occurrence frequency of 34.52% and a biomass of 36.29%, represent the main resource, confirming that this species is not exclusively a scavenger but also actively hunts. Furthermore, the recurring presence of fruit and plants, with a significant rate varying according to the seasons, illustrates its ecological plasticity and its ability to adapt to fluctuations in food availability. Other types of food (reptiles, insects, birds and organic waste) are consumed in small quantities to supplement its diet. The genetic analysis was conducted on 96 samples collected from five regions in northern Algeria. Among them, 64 exploitable sequences were obtained for the mitochondrial Cytochrome b gene and 42 for the control region (D-loop). All sequences confirmed their belonging to the striped hyena. The analyses revealed a single haplotype for each fragment studied, indicating the absence of intra-population polymorphism and a very low level of genetic diversity. Comparison with available international data confirms that this low variability reflects a global pattern observed in the species. Furthermore, the analysis of two microsatellite loci performed on 46 samples also showed limited allelic diversity. These results suggest a marked genetic homogeneity of the Algerian population.

Keywords: Striped hyena, Algeria, trophic ecology, genetics, monomorphism.

Ecologie trophique et génétique de la hyène rayée (*Hyaena hyaena*) en Algérie

Résumé :

L'objectif de ce travail de thèse est l'analyse du régime alimentaire de la hyène rayée (*Hyaena hyaena*), tout en apportant des données génétiques préliminaires sur l'identification et la diversité génétique de la population locale de Tlemcen. L'étude de l'écologie trophique a été menée au sein de la réserve de chasse de Tlemcen, à partir de 197 fèces collectées sur une période de trois années consécutives (2016-2019). Cette analyse a permis de mettre en évidence le caractère généraliste et opportuniste de ce carnivore charognard. Son régime alimentaire s'est révélé particulièrement diversifié, comprenant des mammifères, des oiseaux, des reptiles, des insectes, des fruits, des végétaux, ainsi que des déchets d'origine humaine. Les mammifères, en particulier le sanglier, avec une fréquence d'occurrence de 34,52 % et une biomasse de 36,29 %, représentent toutefois la ressource principale, confirmant que cette espèce n'est pas exclusivement charognarde mais pratique également une prédation active. Par ailleurs, la présence récurrente de fruits et de végétaux, avec un taux important variant selon les saisons, illustre sa plasticité écologique et sa capacité d'adaptation aux fluctuations de la disponibilité alimentaire. Les autres types d'aliments (reptiles, insectes, oiseaux et déchets organiques) sont consommés en faible quantité pour compléter son régime.

L'analyse génétique a porté sur 96 échantillons collectés dans cinq régions du nord de l'Algérie. Parmi eux, 64 séquences exploitables ont été obtenues pour le gène mitochondrial Cytochrome b et 42 pour la région de contrôle (D-loop). L'ensemble des séquences a confirmé l'appartenance à la Hyène rayée. Les analyses ont révélé un haplotype unique pour chaque fragment étudié, indiquant une absence de polymorphisme intra-populationnel et une très faible diversité génétique. La comparaison avec les données disponibles à l'échelle internationale confirme que cette faible variabilité s'inscrit dans une tendance globale observée chez l'espèce. Par ailleurs, l'analyse de deux loci microsatellites réalisée sur 46 échantillons a également mis en évidence une diversité allélique limitée. Ces résultats suggèrent une homogénéité génétique marquée de la population algérienne.

Mots-clés : Hyène rayée, Algérie, écologie trophique, génétique, monomorphisme.

Liste des Figures

Figures	Page
Figure 1 : Distribution de la Hyène rayée dans le monde (AbiSaid & Dloniak, 2015)	06
Figure 2 : Répartition géographique de la Hyène rayée en Algérie selon Ahmim (2019)	07
Figure 3 : Morphologie générale de la Hyène rayée en Algérie (Original)	08
Figure 4 : Occupation de deux habitats distincts par l'hyène rayée en Algérie	09
Figure 5 : Carte de situation géographique de la réserve de chasse de Tlemcen et délimitation par commune (Eddine et <i>al.</i> , 2017)	14
Figure 6 : Carte géologique de la réserve de chasse de Tlemcen (Source : RCT, modifiée par Eddine, 2017)	16
Figure 7 : Carte de répartition des altitudes au niveau de la réserve de chasse de Tlemcen (Eddine, 2017)	17
Figure 8 : Carte des pentes de la réserve de chasse de Tlemcen (Eddine, 2017)	18
Figure 9 : Carte du réseau hydrographique et ressources hydrique de la RCT (Eddine, 2017)	19
Figure 10 : Carte pédologique de la réserve de chasse de Tlemcen (Source : RCT, modifiée par Eddine, 2017)	21
Figure 11: Diagrammes ombrothermiques des trois stations durant les deux périodes (Bouazza, 2021)	27
Figure 12 : Climagramme pluviothermique d'Emberger (Bouazza, 2021)	29
Figure 13 : Carte de la végétation de la RCT (Babali, 2014, modifiée par Eddine 2017)	31
Figure 14 : Réseau d'infrastructure routière au niveau de la RCT (Eddine, 2017)	33
Figure 15 : Crottes de l'hyène rayée : (1) grisâtre à l'état frais - (2) blanche à l'état sec	34
Figure 16 : Poil de <i>Lepus capensis</i>	36
Figure 17 : Poil de <i>Sus scrofa</i>	36
Figure 18 : Différentes étapes d'analyse des crottes (1) stérilisation (2) pesage (3) trempage (4) lavage et décorticage (5) séchage (6) pesage (7) triage (8) préparation des items pour l'identification	37
Figure 19 : Installation d'une camera trappe dans la réserve de chasse de Tlemcen (Originale)	39
Figure 20 : Différentes formes de crottes de la Hyène rayée dans la réserve de chasse de Tlemcen (Originale)	44
Figure 21 : Empreintes de la hyène rayée dans le substrat humide et dans le substrat sableux de la réserve de chasse de Tlemcen (Originale)	45
Figure 22 : Overmarking au niveau de la RCT la crotte du Loup doré d'Afrique (noire) au-dessus de celle de la Hyène rayée (blanche) (Originale)	45

Figure 23 : Carte de répartition des indices de présence de la Hyène rayée au sein de la réserve de chasse Tlemcen.	46
Figure 24 : Nombre d'items par fèces de la hyène rayée dans la réserve de chasse de Tlemcen	47
Figure 25 : Fréquences relative d'apparition des différentes catégories de proies de la hyène rayée dans la réserve de chasse de Tlemcen.	48
Figure 26 : Biomasse des différentes catégories de proies ingérées par la Hyène rayée dans la réserve de chasse de Tlemcen	50
Figure 27 : Variations saisonnières du régime alimentaire de la Hyène rayée dans la réserve de chasse de Tlemcen	53
Figure 28 : Composition du régime alimentaire de la Hyène rayée en période estivale en fonction de la fréquence relative d'apparition (FR) et la biomasse (BM)	54
Figure 29 : Composition du régime alimentaire de la Hyène rayée en période automnale en fonction de la fréquence relative d'apparition (FR) et la biomasse (BM)	55
Figure 30 : Composition du régime alimentaire de l'Hyène rayée en période Hivernale en fonction de la fréquence relative d'apparition (FR) et la biomasse (BM)	56
Figure 31 : Composition du régime alimentaire de l'Hyène rayée en période printanière en fonction de la fréquence relative d'apparition (FR) et la biomasse (BM)	57
Figure 32 : Richesse spécifique, Indice de diversité de Shannon et Indice d'équitabilité des proies ingérées par la hyène rayée dans la réserve de chasse de Tlemcen	58
Figure 33 : Hyène rayée et loup doré d'Afrique partageant le même cadavre au niveau de la réserve de chasse de Tlemcen.	59
Figure 34 : Exemple de prélèvements effectués : (A) spécimen accidenté destiné à la taxidermie (prélèvement tissulaire), (B) individus blessé (Poils).	66
Figure 35 : Carte de distribution des points de collecte des échantillons biologiques	66
Figure 36 : Prélèvement (1) et mise en tube d'échantillons microbiologiques (2) destinés à l'extraction d'ADN.	70
Figure 37 : Programme utilisé dans l'appareil de PCR	71
Figure 38 : Gel d'électrophorèse sous un rayonnement ultraviolet	72
Figure 39 : Thermocycleur pour préparation post-PCR avant séquençage	73
Figure 40 : Arbres phylogénétiques consensuels dérivés de l'alignement nucléotidique (Geneious)	78

Liste des tableaux

Tableaux	Page
Tableau 1 : Systématique de l'Hyène rayée (Linné, 1758)	05
Tableau 2 : Données géographiques des stations météorologiques	22
Tableau 3 : Précipitations moyennes mensuelles et annuelles durant (1913-198) et (1996-2017)	23
Tableau 4 : Régime saisonnier au niveau de la RCT	24
Tableau 5 : Températures moyennes mensuelles et annuelles (en °C) durant les deux Périodes (1913-198) et (1996-2017)	24
Tableau 6 : Quotient pluviothermique d'Emberger	29
Tableau 7 : Coefficient de digestibilité spécifique des différentes catégories alimentaires	41
Tableau 8 : composition annuelle du régime alimentaire de la Hyène rayée (<i>Hyaena hyaena</i>) dans la RCT (n : nombre d'apparition de chaque items, FR (%) : fréquence relative d'occurrence, BM(%) : biomasse, FI (%) : fréquence d'occurrence	51
Tableau 9 : Résultats du test du χ^2 appliqué aux différentes catégories alimentaires de la hyène rayée	52
Tableau 10 : Mélange réactionnel d'amplification des microsattellites	74
Tableau 11 : les loci microsattellites proposées	75
Tableau 12 : Différentes séquences de référence issues de GenBank (NCBI)	77
Tableau 13 : Tableau récapitulatif des résultats de l'ADN mitochondrial (avec tailles des fragments)	79
Tableau 14 : Résultats de génotypages avec les deux locus Ccr04 et Ccroc05	80

Liste d'abréviations

ADN : Adénosine Désoxiribo Nucléique ;

AP : Ancienne Période ;

BM : Biomasse ;

E : Indice d'équitabilité ;

Fi : Fréquence d'occurrence ;

Fr : Fréquence relative ;

GPS : Global Position System ;

H' : indice de diversité de Shannon ;

M : Température maximale ;

m : Température minimale ;

MEGA : Molecular Evolutionary Genetic Analysis ;

NCBI : National Center for Biotechnology Information ;

NGS : Séquençage à haut débit

NP : Nouvelle période ;

NT : Quasi menacé

ONM : Office National de la Météorologie ;

P : Précipitation ;

PCR : Réaction en Chaîne par Polymérase ;

RCT : Réserve de Chasse de Tlemcen ;

RZSS: Royal Zoological Society of Scotland

SIG : Système d'Information Géographique ;

T : Température moyenne mensuelle ;

TAE : Tris-Acetate-EDTA

tpm : tour par minute ;

UICN : Union International pour le Conservation de la Nature

INTRODUCTION GENERALE

INTRODUCTION GÉNÉRALE

La situation actuelle de la biodiversité mondiale est marquée par une régression rapide et massive des espèces vivantes. Selon l'IPBES (2019), environ un million d'espèces végétales et animales sont menacées d'extinction, principalement en raison des activités anthropiques telles que la destruction des habitats, la surexploitation des ressources, la pollution, le changement climatique et l'urbanisation. En outre, les populations de vertébrés ont diminué en moyenne de 68 % entre 1970 et 2016, la situation étant encore plus critique dans certaines régions tropicales des Amériques, où ce déclin atteint 94 % (WWF, 2024). Ces pertes majeures ont un impact direct sur les services écosystémiques essentiels au bien-être humain, tels que la régulation du climat et la fourniture de nourriture (IPBES, 2025). Face à cette crise, il est indispensable de mettre en place des actions rapides et concertées afin d'inverser la tendance et de sauvegarder la biodiversité.

Les mammifères en général, et les carnivores en particulier, occupent une place centrale dans les écosystèmes terrestres. En tant qu'espèces situées au sommet ou au milieu des réseaux trophiques, ils régulent les populations de proies, participent à la structuration des communautés animales et influencent la dynamique de la biodiversité végétale et animale (Ripple *et al.*, 2014). Leur rôle ne se limite pas à la prédation directe : beaucoup contribuent également au recyclage de la matière organique, à la régulation des maladies et à la dispersion des nutriments (Estes *et al.*, 2011). La disparition ou le déclin de ces espèces entraîne souvent des cascades trophiques qui affectent négativement la résilience et le fonctionnement des écosystèmes (Terborgh & Estes, 2013).

Parmi les carnivores, les charognards jouent un rôle écologique longtemps négligé. En consommant rapidement les carcasses, ils en accélèrent la décomposition et participent activement au recyclage des nutriments, contribuant ainsi au maintien de l'équilibre des écosystèmes (Moleón *et al.*, 2015). Toutefois, plusieurs guildes de charognards, comme les vautours ou certaines hyènes, subissent un déclin marqué, lié notamment aux empoisonnements, à la raréfaction des ressources alimentaires naturelles et aux transformations rapides des paysages anthropisés (Ogada *et al.*, 2012).

Parmi les principaux représentants des charognards figure la famille des Hyaenidae, l'une des plus petites familles au sein de l'ordre des Carnivores. Elle ne compte actuellement que quatre espèces, chacune appartenant à un genre distinct : la hyène tachetée (*Crocuta crocuta*), la hyène rayée (*Hyaena hyaena*), la hyène brune (*Parahyaena brunnea*) et le protèle (*Proteles cristata*) (Wozencraft, 1999). Contrairement à l'image populaire souvent associée aux hyènes,

ces espèces présentent des écologies très diversifiées, allant de l'insectivorie quasi exclusive du protèle à la prédation et au charognage chez la hyène tachetée (Kruuk, 1972).

La hyène rayée (*Hyaena hyaena*), seul représentant du genre *Hyaena*, est considérée comme la moins connue et la plus discrète des quatre espèces de hyènes (Wagner *et al.*, 2008). De taille moyenne, nocturne et généralement solitaire, elle occupe une vaste aire de distribution s'étendant de l'Afrique du Nord et de l'Est jusqu'au Moyen-Orient, au Caucase, à l'Asie centrale et au sous-continent indien (Mills & Hofer, 1998 ; Abi-Said & Dloniak, 2015). Principalement charognarde, elle présente une grande plasticité alimentaire, consommant aussi bien de petits et moyens mammifères, des invertébrés, des fruits que des déchets anthropiques (Kruuk, 1976 ; Alam *et al.*, 2015), ce qui lui permet de s'adapter à des milieux très variés. Malgré cela, l'espèce est classée « Quasi menacée » (Near Threatened) sur la liste rouge de l'UICN, avec une population estimée à moins de 10 000 individus matures (Abi-Said & Dloniak, 2015), et « Vulnérable » dans le Bassin méditerranéen (Derouiche *et al.*, 2020). Elle subit de nombreuses pressions, notamment la persécution directe, l'empoisonnement, les collisions routières, la raréfaction des carcasses sauvages, la fragmentation des habitats, ainsi que son utilisation en sorcellerie, qui contribue fortement à son déclin.

Plusieurs études ont été consacrées à la hyène rayée dans différentes régions de son aire de répartition, notamment en Afrique de l'Est (Kruuk, 1976 ; Leakey *et al.*, 1999 ; Wagner, 2006), au Moyen-Orient – en Palestine (Macdonald, 1978 ; Skinner & Ilani, 1979 ; Bouskila, 1984 ; Kerbis-Peterhans & Horwitz, 1992), en Jordanie (Qarqaz *et al.*, 2004), en Turquie (Kasperek *et al.*, 2004), en Arménie (Khorozyan *et al.*, 2011), ainsi qu'en Inde (Davidar, 1990 ; Gupta *et al.*, 2009 ; Harihar *et al.*, 2010 ; Singh *et al.*, 2010). En revanche, en Afrique du Nord, les études consacrées à cette espèce sont quasi inexistantes. Seules quelques recherches ont été menées en Algérie, mais elles demeurent limitées, traitant principalement de la répartition de l'espèce (Derouiche *et al.*, 2020 ; Ahmim *et al.*, 2021), de sa morphologie (Ahmim *et al.*, 2021), des habitats favorables, de l'impact de la mortalité routière (Selmoun *et al.*, 2024), ainsi que de certains aspects de sa diversité génétique (Derouiche *et al.*, 2025).

La connaissance du régime alimentaire des carnivores est pourtant fondamentale pour comprendre leur écologie, leur rôle dans les écosystèmes, leur compétition avec d'autres espèces sympatriques, ainsi que leur impact sur les populations de proies (Klare *et al.*, 2010). Elle constitue également une base indispensable pour l'élaboration de plans de gestion et de stratégies de conservation à long terme. Malgré cela, aucune étude approfondie n'a encore été

consacrée au régime alimentaire de la hyène rayée en Algérie, ce qui justifie pleinement le présent travail.

Au-delà de l'étude du régime alimentaire, la compréhension de la diversité génétique des populations des hyènes rayées revêt une importance cruciale pour leur conservation. La génétique est en effet essentielle pour évaluer le niveau de variabilité au sein des populations, mesurer les effets de la fragmentation des habitats, et détecter d'éventuels phénomènes de consanguinité susceptibles de réduire la viabilité à long terme des espèces (Frankham *et al.*, 2010). Une diversité génétique élevée constitue généralement un indicateur de résilience face aux changements environnementaux et aux pressions anthropiques (Allendorf & Luikart, 2007). Dans le cas de l'hyène rayée, les informations disponibles sur la structure génétique des populations sont encore très limitées, notamment en Afrique du Nord, ce qui restreint notre capacité à mettre en place des stratégies de gestion efficaces.

Ce travail intitulé : « Écologie trophique et diversité génétique de la Hyène rayée (*Hyaena hyaena*) en Algérie » vise donc à combler ces lacunes. Il repose sur deux volets principaux :

1. l'étude de l'écologie trophique de la hyène rayée dans la réserve de chasse de Moutas (Tlemcen) ;
2. l'analyse de l'identification et de la diversité génétique à partir d'échantillons collectés dans différentes localités du nord de l'Algérie.

CHAPITRE I :

DESCRIPTION DU MATERIEL BIOLOGIQUE

I.1 Historique et évolution de la famille des Hyaenidae

L'historique et l'évolution de la famille des Hyaenidae ont été décrites principalement par Mills (1983), Werdelin et Solounias (1991), Werdelin & Solounias (1996) et Boppana (2013). Selon ces derniers, l'apparition des hyénidés remonte à environ 25 millions d'années, au cours de l'Oligocène supérieur. Ils appartiennent à l'ordre des Carnivora. Leur diversification a atteint un maximum au Miocène supérieur (Tyrolien), période durant laquelle plus de 80 espèces fossiles ont été recensées. De nombreuses formes fossiles rappelaient les canidés actuels, tant par leur morphologie générale que par la structure du crâne et de la dentition. Durant cette première phase évolutive, aucun hyénidé spécialisé dans le broyage des os n'était encore présent.

L'apparition du genre *Adcrocuta* marque le début d'une seconde radiation évolutive, caractérisée par l'émergence de lignées adaptées à la consommation d'os. Parmi celles-ci, *Pachycrocuta brevirostris*, une espèce de taille comparable à celle du lion et pouvant atteindre 150 kg, représente le plus grand hyénidé connu. La plupart de ces formes ossivores avaient cependant disparu avant le Pléistocène (Werdelin & Solounias, 1996 ; Boppana, 2013).

La famille des Hyaenidae comprenait également des espèces charognardes, similaires à celles encore présentes aujourd'hui, ainsi que des formes insectivores (Werdelin et Solounias, 1991). À la fin du Miocène, la diversité des hyénidés a connu un déclin marqué, en partie dû à l'expansion rapide des canidés en Eurasie, un exemple notable de remplacement interspécifique chez les carnivores. Originaires d'Eurasie, les hyènes ont progressivement colonisé l'Afrique (Werdelin et Solounias, 1991 ; Mills, 1983 ; Werdelin et Solounias, 1996). Seule l'espèce *Chasmaporthetes* a atteint l'Amérique du Nord, tandis qu'aucune hyène n'a jamais été signalée en Amérique du Sud ni en Australie (Werdelin et Solounias, 1991).

Aujourd'hui, la famille des Hyaenidae ne compte plus que quatre espèces vivantes, vestiges d'un groupe autrefois riche et largement diversifié.

I.2 Systématique et présentation de la Hyène rayée (*Hyaena hyaena*)

La Hyène rayée (*Hyaena hyaena*), connue en anglais sous le nom Striped hyaena, a été décrite par Linné (1758). Sa classification systématique est donnée dans le tableau suivant :

Tableau 1. Systématique de la Hyène rayée (Linné, 1758)

Règne	Animalia
Embranchement	Chordata
Sous-embranchement	Vertebrata
Classe	Mammalia
Sous-classe	Theria
Infra classe	Eutheria
Ordre	Carnivora
Sous-ordre	Felliformia
Famille	Hyaenidae
Genre	<i>Hyaena</i>
Espèce	<i>Hyaena hyaena</i>
Sous espèces	<i>Hyaena hyaena barbara</i> (de Blainville, 1844)
	<i>Hyaena hyaena hyaena</i> (Linnaeus, 1758)
	<i>Hyaena hyaena lucia</i>

I.2.1 Répartition géographique

I.2.1.1 Dans le monde

Parmi les quatre espèces de la famille des hyénidés, la hyène rayée (*Hyaena hyaena*) est celle dont la distribution est la plus large (Jaffré, 2007). On la rencontre dans une grande bande allant du nord et l'est de l'Afrique, à la péninsule Arabique, l'Asie Mineure, le versant méditerranéen, les montagnes du Caucase jusqu'au sud d'Afghanistan, au Pakistan et dans une grande partie de l'Inde (Mills et Hofer, 1998). Corsan (2005) a cartographié une aire encore plus vaste, englobant l'ensemble du continent africain au nord de l'équateur, l'Asie, l'extrême sud-est des plaines du Caucase, ainsi que des endroits plus précis comme l'Atlas marocain, le Niger, la Lybie, l'Egypte, le Proche et Moyen-Orient jusqu'aux Indes. Par ailleurs, Wagner (2006) indique d'une façon plus globale que l'espèce couvre le nord-est du continent africain, traverse le Moyen-Orient, le Caucase et l'Asie centrale, jusqu'au sous-continent. De leur côté, Abi Said et Dloniak (2015) ont établi une carte actualisée de la répartition de la Hyène rayée, illustrant la distribution géographique actuelle (Figure. 1).

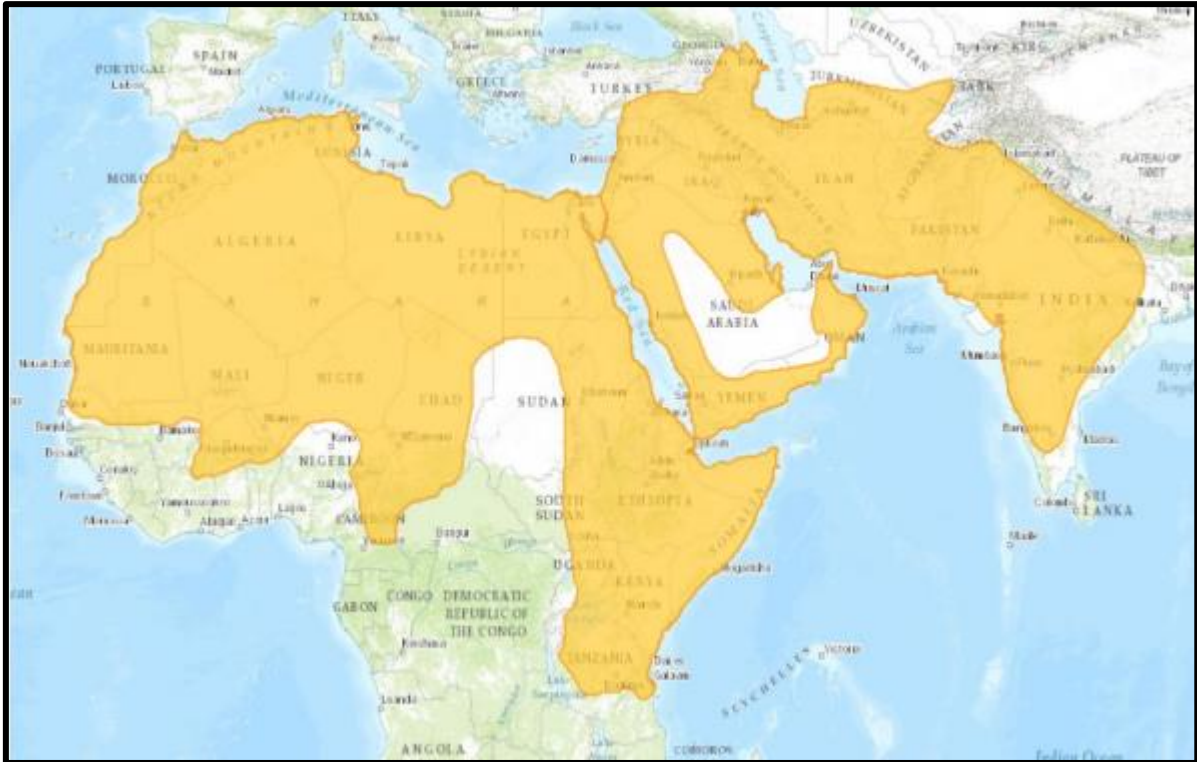


Figure 1. Distribution de la Hyène rayée dans le monde (Abi Said & Dloniak, 2015)

I.2.1.2. En Algérie

La répartition de la hyène rayée en Algérie a été décrite en premier lieu par Kowalski et Rzebiak Kowalska en 1991 puis ultérieurement par Fellous et *al.* en 2009 et Ahmim en 2019. L'observation de l'espèce se concentre essentiellement dans la partie nord du pays. Une forte présence est notée dans les chaînes de l'Atlas tellien et saharien, où les ressources alimentaires et d'abri naturel sont plus abondantes. En revanche, la présence de la hyène diminue constamment vers le sud. Certaines observations ont été rapportées dans des zones sahariennes, notamment dans le massif du Hoggar et le Tassili N'Ajjer (Fig.2). Ceci illustre un certain degré d'adaptabilité de l'espèce à des environnements plus arides, bien que sa densité soit beaucoup plus faible. Enfin, les régions désertiques extrêmes du Grand Erg Occidental, du Grand Erg Oriental et de l'Erg Iguidi sont presque complètement dépourvues d'observations. La répartition géographique de la hyène en Algérie est principalement déterminée par le climat et les conditions météorologiques, les ressources naturelles et la distribution des paysages.

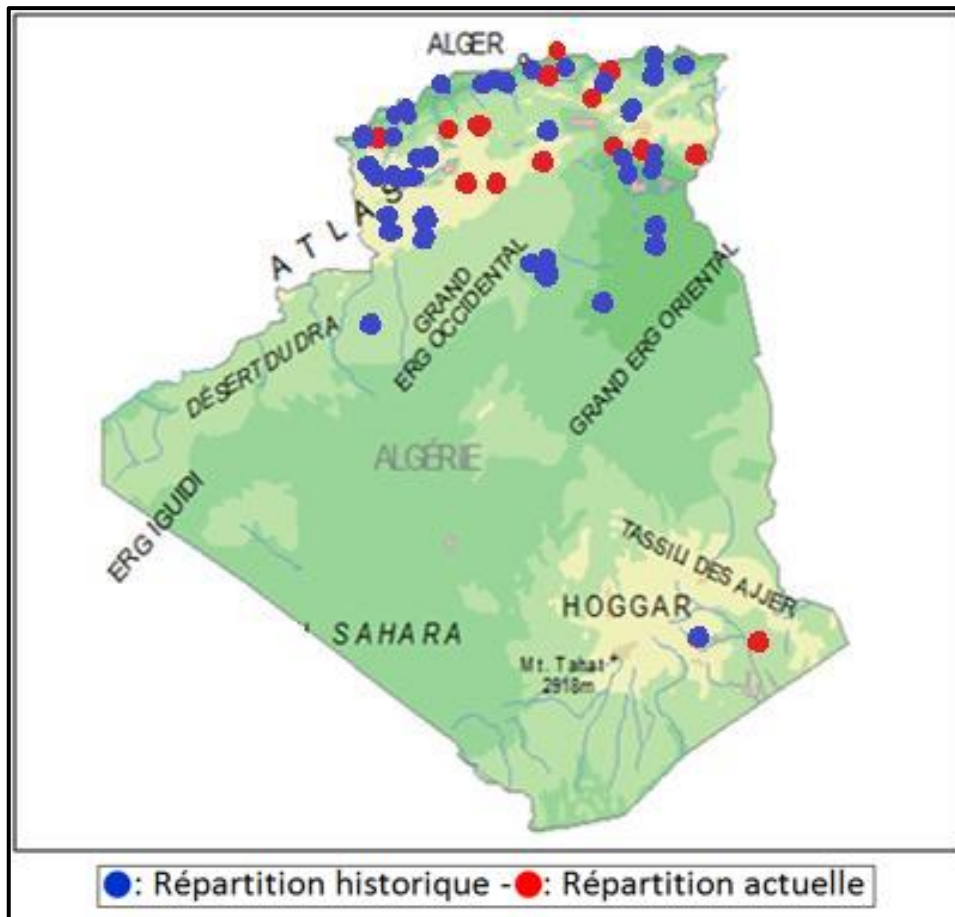


Figure 2. Répartition géographique de la Hyène rayée en Algérie (Ahmim, 2019)

I.2.2. Morphologie générale

La Hyène rayée est un carnivore de taille moyenne avec un corps robuste. Elle se caractérise par une silhouette caractéristique, avec un dos tombant, des pattes antérieures plus longues que les postérieures ce qui donne une posture penchée vers l'arrière (Fig. 3), les oreilles assez grandes, longues et pointues, conférant une excellente audition, la tête est large avec un museau allongé recouvert de poils, queue assez longue, touffue de la même couleur que le corps ou rayée de noir (Mills et Hofer, 1998 ; Bothma et Walker, 1999, Ahmim, 2019). La crinière dorsale noire peut être redressée (Jaffré, 2007).



Figure 3. Morphologie générale de la Hyène rayée en Algérie (Originale)

I.2.3. Taille

La hyène rayée est un carnivore de moyenne taille dont les dimensions sont relativement stables bien que quelques variations soient rapportées selon les auteurs. La longueur tête-corps se situe selon Ahmim (2019) entre 100 et 120 cm, tandis que Rieger (1981) rapporte des mesures comprises entre 103 et 119 cm, ce qui indique une similarité globale avec une légère différence. La hauteur au garrot est comprise entre 66 et 75 cm selon Ahmim (2019), contre un intervalle allant de 60 à 94.2 cm chez Rieger (1981). En ce qui concerne la longueur totale, dont la queue, il existe chez Rieger des dimensions comprises entre 112 et 184 cm. Le tour de corps, mesuré par Ahmim (2019), se situe entre 20 et 35 cm, tandis que la longueur de queue varie généralement entre 26 et 47 cm. Ces valeurs concordent globalement avec les observations personnelles réalisées sur trois individus accidentés retrouvés dans la région de Batna, dont les mensurations se situaient entre 120 et 130 cm de longueur tête-corps et 80 à 90 cm de hauteur au garrot, soit dans des intervalles apportés par la littérature. Nous sommes donc en présence d'une légère diversité morphologique respectée, mais dans l'ensemble les dimensions restent relativement constantes.

I.2.4. Habitat

La hyène rayée, le seul représentant du genre *Hyaena* est caractérisé par une large amplitude écologique, lui permettant d'occuper une grande diversité d'habitats tel que les zones arides (savanes), les steppes, les broussailles arides, les déserts, ainsi que les régions montagneuses (Fig. 4), avec une altitude pouvant atteindre les 3300 mètres au-dessus du niveau de la mer (Hofer et Mills, 1998 ; Howard, 1999 ; Ahmim, 2014). Elle choisit un habitat bien sec comme un fourré dense, un creux de rocher ou ancien terrier d'oryctérope (Corsan, 2005). Principalement active la nuit, elle passe la journée à se dissimuler dans la végétation ou à l'abri dans une tanière, autour de laquelle elle maintient un territoire restreint (Ahmim, 2014). En Afrique de l'Est, elles vivent dans des zones broussailleuses ainsi que dans des régions semi-désertiques (Rieger, 1979b).



Figure 4. Occupation de deux habitats distincts par la hyène rayée en Algérie

I.2.5. Écologie sociale

Le comportement social de l'hyène rayée varie fortement selon les populations et les conditions écologiques locales. Bien qu'elle soit généralement décrite comme une espèce solitaire, plusieurs études révèlent des formes d'organisation sociale plus nuancées. Ainsi, Wagner (2006) et Wagner *et al.* (2008) rapportent que certaines hyènes rayées peuvent se reposer en couples, voire former occasionnellement de petits groupes allant jusqu'à quatre individus. D'autres auteurs, comme Ilany (1975), Macdonald (1978) et Rieger (1979a), suggèrent que l'espèce est capable de constituer des unités familiales relativement stables, potentiellement durables sur plusieurs années.

Le mode de recherche alimentaire semble également influencé par la sous-espèce et la disponibilité en ressources. Les sous-espèces méridionales, de plus petite taille, tendent à chasser seules de petites proies, tandis que les sous-espèces septentrionales, plus grandes,

peuvent se regrouper temporairement pour capturer des ongulés de taille moyenne à grande (Rieger, 1981). Malgré ces variations, la Hyène rayée conserve dans l'ensemble un mode de vie discret et nocturne. Principalement active la nuit, elle peut parcourir jusqu'à 30 kilomètres en une seule sortie de chasse, tandis que ses journées sont majoritairement consacrées au repos, à l'abri de la chaleur, dans des tanières utilisées temporairement et rarement défendues (Ahmim, 2014 ; Howard, 1999). Elle maintient également une distance de sécurité notable vis-à-vis des autres mammifères, souvent autour de 50 mètres.

Il est toutefois nécessaire de distinguer les regroupements spatiaux des véritables structures sociales. Chez la hyène rayée, plusieurs individus peuvent partager un même espace, formant ce que l'on appelle des groupes spatiaux, sans pour autant constituer des groupes sociaux. Des coalitions entre mâles peuvent néanmoins apparaître, bien qu'elles n'aient pour but que la défense du territoire d'une seule femelle adulte, un schéma atypique qui ne s'aligne sur aucun des grands modèles classiques de l'évolution de la vie en groupe (Rieger, 1981).

I.2.6. Reproduction et développement

Chez la hyène rayée, comme chez les autres membres de sa famille, la reproduction est dite gonochorique, c'est-à-dire que les sexes sont séparés (Howard, 1999). Contrairement à certaines espèces de mammifères, elle ne semble pas suivre un rythme saisonnier strict pour la reproduction (Wagner, 2006). Les femelles deviennent généralement matures sexuellement entre 2 et 3 ans, bien que des cas plus précoces aient été signalés dès 18 mois (Rieger, 1979c). Au terme d'une gestation qui s'étend sur une durée approchant les trois mois, elles mettent bas une portée de 1 à 5 petits, le nombre habituellement observé étant de trois (Rieger, 1981 ; Skinner & Ilani, 1979 ; Macdonald, 2009). Le temps qui s'écoule habituellement entre deux mises bas est observé être de 14 mois (Rieger, 1981), ce qui correspond à un rythme de reproduction modéré. À la naissance, les petits pèsent environ 700 g, leur croissance se déroulant assez régulièrement afin d'atteindre environ 4 kg à l'âge de deux mois. L'allaitement peut se prolonger jusqu'à l'âge de 4 ou 5 mois (Hany, 1975), mais le sevrage complet survient généralement entre 10 et 12 mois. Durant cette période critique, les jeunes sont élevés dans des abris qui varient selon le contexte : il peut s'agir de terriers creusés par la mère, de galeries abandonnées par d'autres animaux, de grottes naturelles parfois complexes (Kerbis-Peterhans & Horwitz, 1992 ; Leakey *et al.*, 1999a), ou encore de simples creux rocheux de faible profondeur (Wagner *et al.*, 2008a). Ces refuges jouent un rôle essentiel dans la protection et le développement des jeunes.

I.2.7. Dentition

La formule dentaire de la Hyène rayée examinée à partir de quelques individus morts, durant notre travail de terrain, est la même que celle décrite par Ahmim (2021) et Rieger (1981). Au total, nous avons compté 42 dents réparties comme suit : Incisives (3/3), canines (1/1), prémolaires (4/3) et les molaires (1/1).

I.2.8. Régime alimentaire

La hyène rayée est généralement considérée comme charognard omnivore. Elle se caractérise par une polyvalence de son régime alimentaire. Elle exploite les ressources trophiques selon leur disponibilité. Son spectre trophique est très large et se compose d'une grande variété de vertébrés, invertébrés, de légumes, de fruits et de déchets organique d'origine humaines (Ilani, 1975 ; Kruuk, 1976 ; Macdonald, 1978 ; Leakey *et al.*, 1999 ; Wagner 2006 ; Bentabet, 2016 ; Mandale, 2018, Bahandri *et al.*, 2020). Les grands mammifères constituent la première ressource alimentaire de la Hyène rayée et se diffèrent selon la disponibilité et la diversité de chaque région géographique (Kruuk, 1976 ; Boppana, 2013 ; Mandale, 2018 ; Bahandri *et al.*, 2020 ; Bentabet, 2016). Toutefois, certaines études régionales remettent en question cette vision généralisée. Par exemple, au Kenya, l'analyse de fragments osseux et de poils présents dans les échantillons fécaux a révélé que les hyènes consomment régulièrement de petits mammifères et des oiseaux, quelles sont peu susceptibles d'avoir obtenus par charognage (Wagner, 2006). Ces résultats suggèrent une activité prédatrice non négligeable chez les Hyènes rayées, qui pourrait varier selon les disponibilités des ressources alimentaires et les contextes écologiques.

I.3. Statut de conservation

Selon l'Union Internationale pour la Conservation de la Nature (UICN), la hyène rayée figure sur la liste rouge des espèces menacées dans la catégorie Quasi-menacé (NT). Sur le plan national, elle bénéficie du statut d'espèce non domestique protégée (décret n° 83-509 du 20 août 1983, Loi 04-07 du 14 août 2004).

I.4. Menaces

Dans de nombreuses régions de son aire de répartition, la hyène rayée est confrontée à une intensification des pressions anthropiques qui compromettent sa survie à long terme. Ces menaces incluent la perte et la fragmentation des habitats, la persécution directe par l'homme l'empoisonnement, la chasse pour la viande ou à des fins médicinales, ainsi que le déclin des populations de proies naturelles, souvent victimes de la chasse illégale (Hofer & Mills 1998 ; Bahandri & Chalise, 2016 ; Tourani *et al.*, 2012 ; Athreya *et al.*, 2013).

En Algérie, l'étude récente de Selmoun *et al.* (2024) menée dans la wilaya de Batna met en lumière deux facteurs critiques aggravant ces pressions. D'une part, la distribution potentielle de la hyène rayée est étroitement liée aux maquis arbustifs et terrains en pente, habitats essentiels pour son maintien. D'autre part, la mortalité routière apparaît comme une menace majeure, avec 28 collisions entre 2010 et 2020, principalement sur les routes nationales, qui traversent des zones à forte circulation et sont bordées de décharges illégales attirant les hyènes par la disponibilité de carcasses (Selmoun *et al.*, 2024). Cette combinaison d'infrastructure et de ressources alimentaires anthropiques crée un véritable piège écologique, augmentant fortement le risque d'accidents. Malgré la protection juridique accordée à l'espèce en Algérie (Loi 04-07 du 14 août 2004 ; arrêté n°06-05 du juillet 2006), la persistance de ces menaces, conjuguées à une insuffisance des données écologiques, fragilise la conservation de la Hyène. D'autre part, l'exploitation de la hyène rayée dans des pratiques de sorcellerie représente une menace culturelle historique bien connue dans plusieurs pays d'Afrique du Nord. Brosset (1960) raconte ainsi que dans certaines communautés musulmanes, les dépouilles de hyènes retrouvées étaient systématiquement brûlées afin d'empêcher leur exploitation dans un contexte géomantique, ce qui souligne ici une croyance très largement partagée sur les attributs magiques reconnus à cet animal. Cette technique et d'ailleurs encore pratiquée de nos jours en Algérie, où les autorités brûlent systématiquement les hyènes mortes avec des mesures de sécurité très sévères, afin d'éviter leur récupération à des fins de sorcellerie. Cette perception a également entraîné une forte demande commerciale, notamment au Maroc, où Cuzin (1996) indique que le prix d'une dépouille pouvait atteindre plusieurs milliers de francs français, principalement en raison de son usage dans les rituels de sorcellerie.

CHAPITRE II

PRESENTATION DE LA ZONE D'ETUDE

II.1. Introduction

Les aires protégées constituent des instruments fondamentaux pour la conservation et la valorisation de la biodiversité et la gestion durable des ressources naturelles. En Algérie, leur création répond à une volonté de préserver le patrimoine naturel, aussi bien floristique que faunistique, et d'assurer la pérennité des écosystèmes. Certaines d'entre elles offrent également un cadre favorable à la recherche scientifique, et l'éducation environnementale. C'est dans ce cadre que la réserve de chasse de Tlemcen (RCT), appelée aussi réserve de Moutas, a été instituée en 1983 par le décret N° 83-126 du 12 février 1983. Elle fait partie des quatre réserves de chasse existantes dans le pays et se distingue, avec celle de Zéralda, comme l'une des plus importantes. Ce statut particulier lui confère un rôle stratégique dans la préservation des écosystèmes et des espèces sauvages. La RCT se caractérise par une grande richesse floristique et faunistique, ce qui en fait un cadre naturel privilégié pour l'observation et l'étude des phénomènes écologiques. Toutefois, malgré son potentiel biologique considérable, la biodiversité de ce territoire demeure encore partiellement connue.

II.2. Cadre physique

II.2.1. Situation géographique et administrative

La RCT est localisée dans le nord-ouest de l'Algérie, à environ 26 km au sud-ouest de la ville de Tlemcen et à environ 46 km du littoral. Intégrée à la forêt domaniale de Hafir, elle correspond à la zone la plus élevée et la plus densément boisée des monts de Tlemcen, au sein du massif montagneux de Tamaksalet. Elle couvre une superficie de 2 156 ha (21,56 km²), délimitée par un périmètre clôturé de 25,04 km. Le relief y est accidenté, avec des altitudes comprises entre 1 017 m (Sidi Messaoud – Boumedrèr) et 1 310 m (Djebel Atiem).

Sur le plan géographique, la réserve est située entre les latitudes 34°43'45,27'' N et 34°47'28,22'' N, et les longitudes -1°26'32,55'' E et -1°30'21,62'' E. Elle est limitée au nord par la vallée agricole de Sidi Ouriach, à l'est par le sommet d'Ain Djadi et les crêtes avoisinantes, à l'ouest par Djerf El Abiod ainsi que par les versants du Djebel Boumedrèr jusqu'au Djebel El Mnakher, et au sud par les crêtes du Djebel Ras Moutas et les terres agricoles adjacentes.

D'un point de vue administratif, son territoire s'étend sur quatre communes : Bouhlou, qui englobe près de 84 % de la superficie totale, Ain Ghoraba, Beni Bahdel et Sabra, ces trois dernières occupant des superficies plus restreintes (Fig.5).

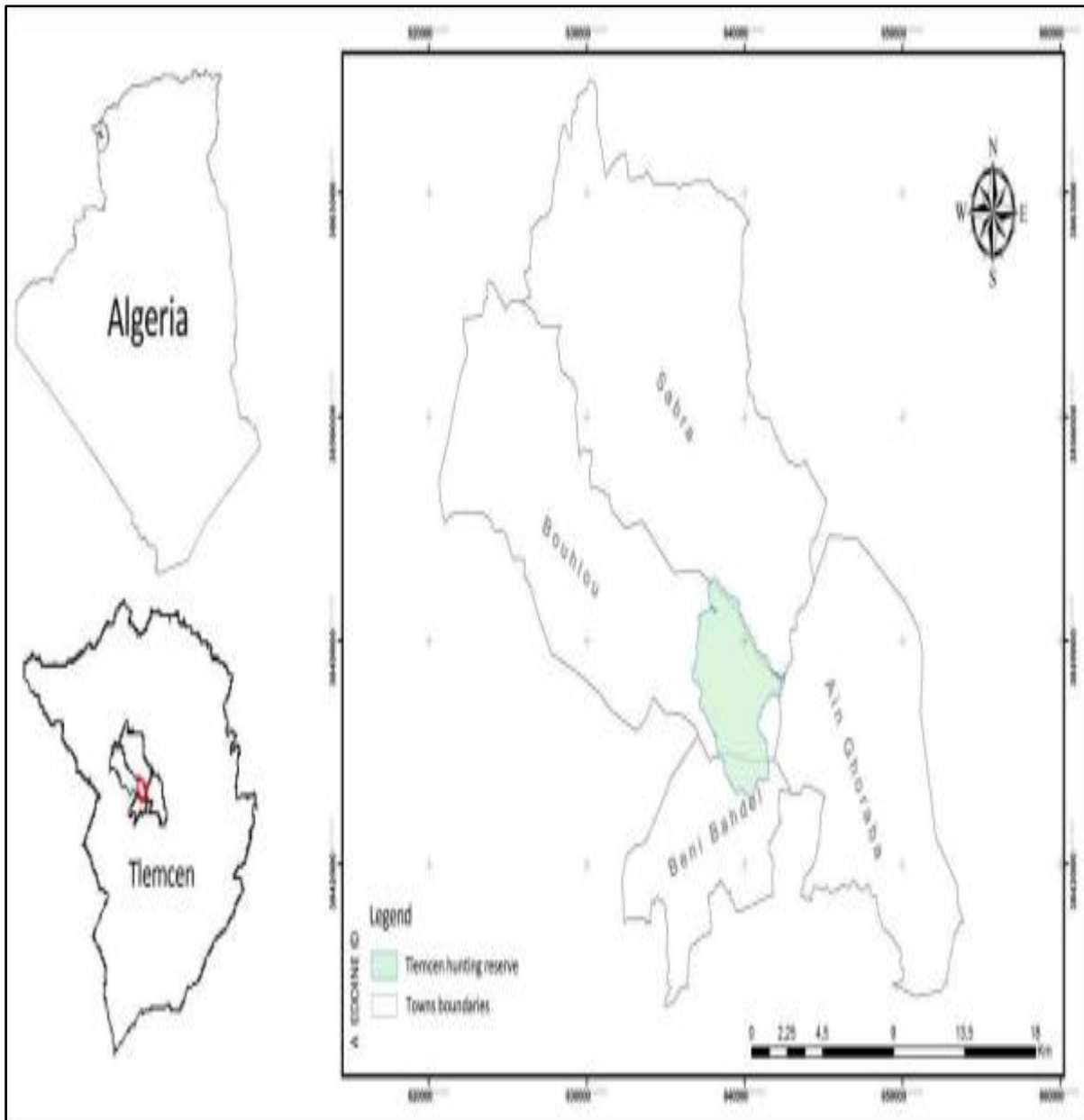


Figure 5 : Carte de situation géographique de la réserve de chasse de Tlemcen et délimitation par communes (Eddine *et al.*, 2017)

II.2.2. Contexte géologique

Les Monts de Tlemcen sont constitués principalement de terrains mésozoïques et cénozoïques. Les assises sédimentaires les plus répandues, attribuées au Jurassique supérieur et au Crétacé inférieur, sont essentiellement formées de séries carbonatées (Boudy, 1948 ; Benest, 1985). Le territoire RCT, qui fait partie de ces monts, présente une succession lithologique bien étudiée par plusieurs auteurs (Fig. 6), notamment Benest

(1985) et les travaux de l'équipe bulgare (1988). Elle se caractérise par l'enchaînement suivant :

- Les grès de Boumediene (Oxfordien supérieur – Kimméridgien inférieur) : constitués de bancs gréseux cimentés par du calcaire, souvent masqués par des éboulis ou la végétation. Leur puissance peut atteindre 500 m et ils sont particulièrement développés dans les forêts de Zarifet et de Hafir (Benest, 1985).
- Les calcaires de Zarifet (base du Kimméridgien) : formés de bancs calcaires séparés par de minces intercalations marneuses. Ils reposent en concordance directe sur les grès de Boumediene. Leur épaisseur peut atteindre 25 m au col de Zarifet (Doumergue, 1910 ; Benest, 1985).
- Les dolomies de Tlemcen (Kimméridgien moyen – supérieur) : constituées de dolomies cristallines grises avec de nombreuses cavités remplies de calcite. Elles affleurent autour d'Aïn Fezza, dans la forêt de Zarifet, au Nord de Tlemcen et sur le plateau de Terny (Benest, 1985).
- Les marno-calcaires de Raourai (Tithonique inférieur) : composés de marnes grises à blanchâtres intercalées de bancs calcaires marneux durs. Cette formation repose sur les calcaires de Stah et est surmontée par les calcaires de Lato ou les dolomies de Terny. Elle affleure notamment sur le plateau de Terny, le Djebel Lato et à l'est d'Aïn Fezza (Benest, 1985).
- Les calcaires de Lato : calcaires micritiques, parfois dolomitiques, d'une épaisseur moyenne de 50 m, riches en Favreina et dasycladacées (Benest, 1985).
- Les dolomies de Terny (Tithonique moyen – supérieur) : dolomies massives, parfois vacuolaires, avec de nombreuses stratifications obliques. Elles sont bien développées au niveau du plateau de Terny, des Azaïls et près du barrage de Meffrouch. Leur puissance est de l'ordre de 100 m (Benest, 1985).

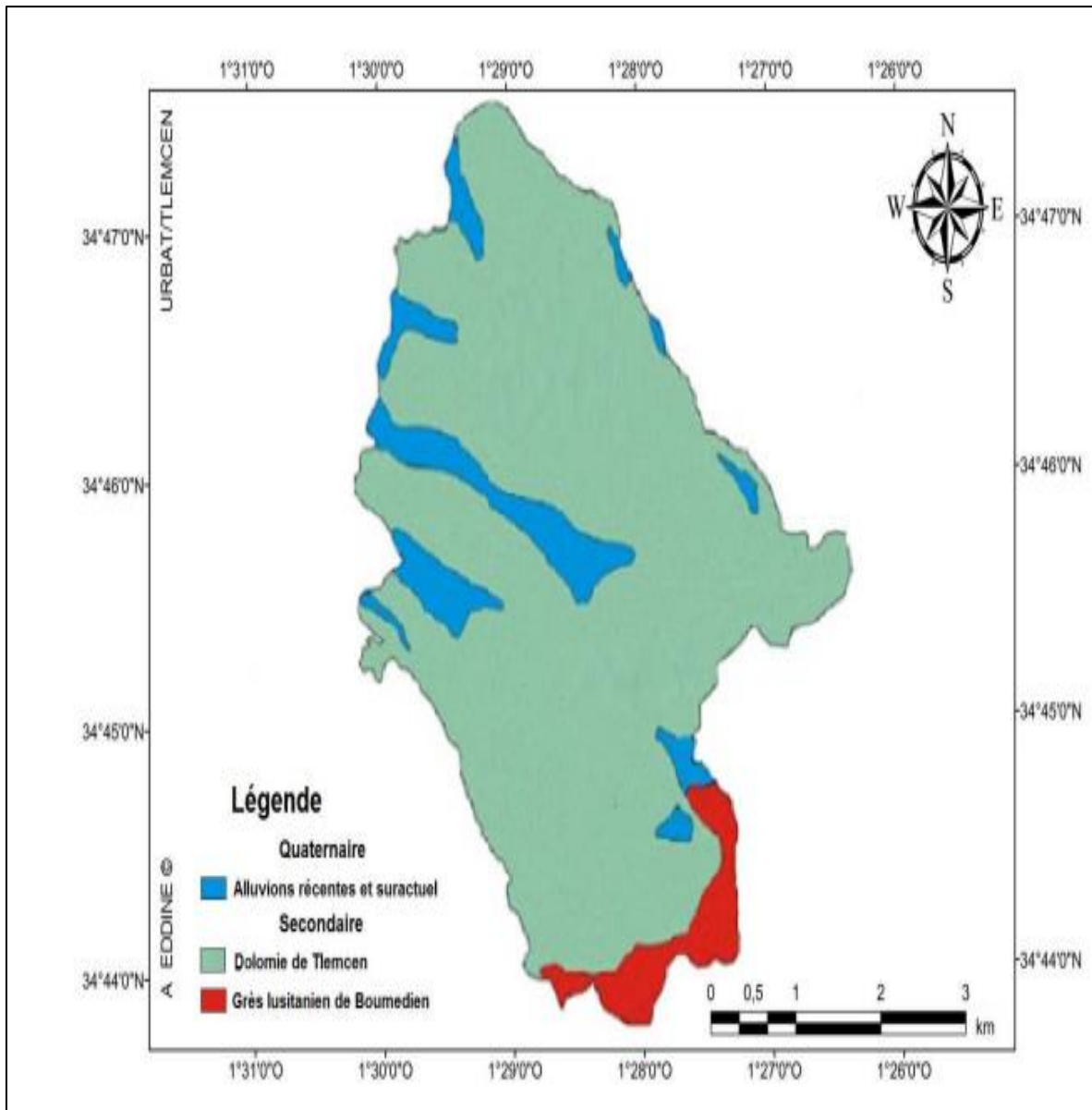


Figure 6 : Carte géologique de la réserve de chasse de Tlemcen ([Source : R.C.T, modifier par Eddine, 2017])

1.2.3. Morphologie topographique

1.2.3.1 Répartition des altitudes

La RCT se situe dans la partie la plus élevée du massif de Tamaksalet, caractérisée par un relief typiquement montagnard. Selon les données existantes, l'altitude de la zone varie approximativement entre 992 et 1299 m (Fig. 7). Ce relief montagneux est ponctué de deux plaines cultivées : la plaine de Moutas, d'environ 89 ha avec une altitude moyenne de 1100 m, et la plaine d'El Menakher, située à l'ouest de la réserve.

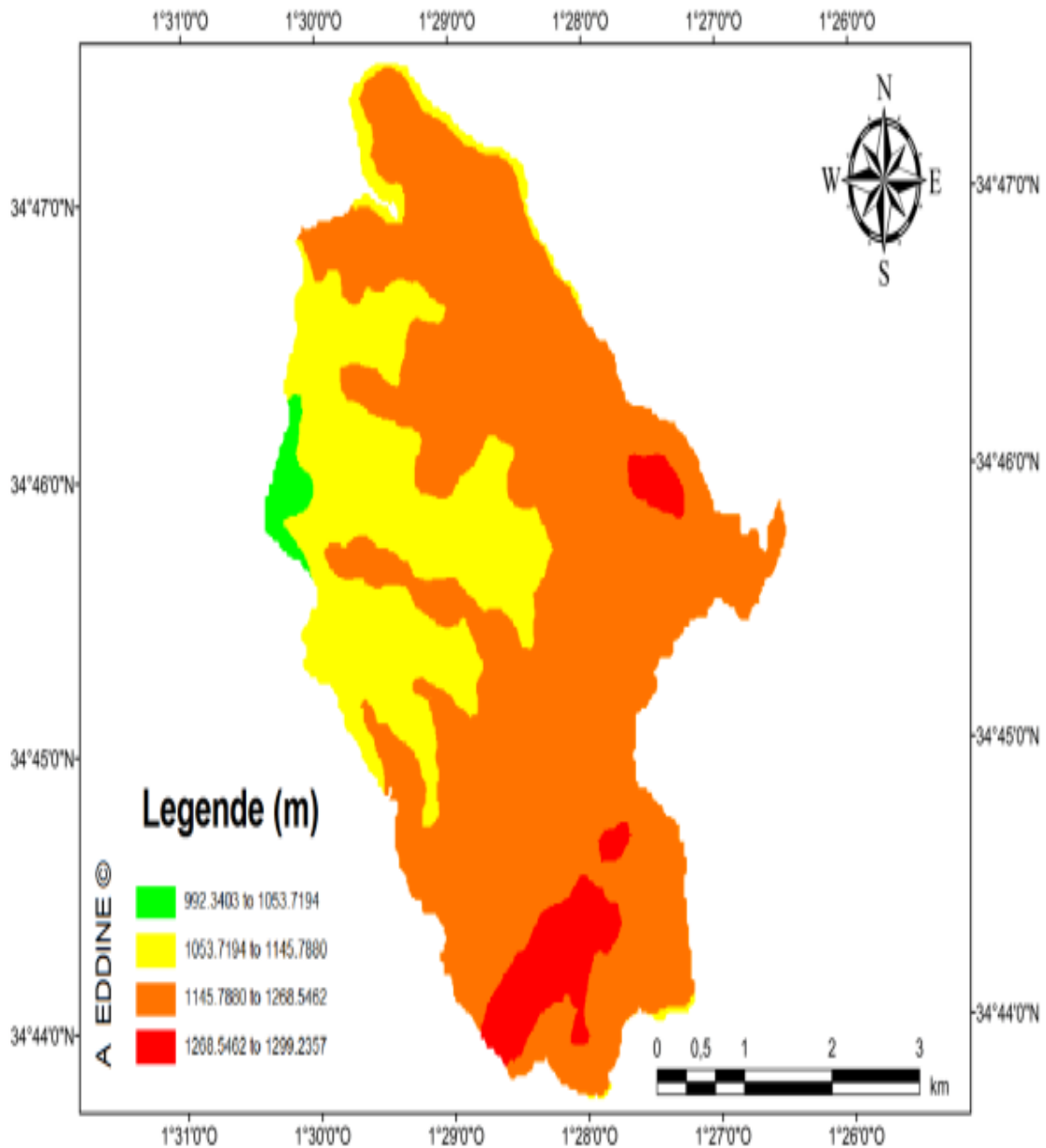


Figure 7 : Carte de répartition des altitudes au niveau de la réserve de chasse de Tlemcen (Eddine, 2017)

I.2.3.2. Pente

La RCT présente des pentes variées au sein de son relief montagneux. La majorité des terrains possède une inclinaison inférieure à 17 %, tandis que des pentes plus fortes sont localisées vers certaines extrémités de la réserve, notamment dans la zone de Djorf El Galaa au nord, où elles atteignent jusqu'à 37,5 % (Fig. 8). Ces variations d'inclinaison influencent l'écoulement des eaux, l'accessibilité des terrains et la répartition des espèces végétales (Eddine, 2017).

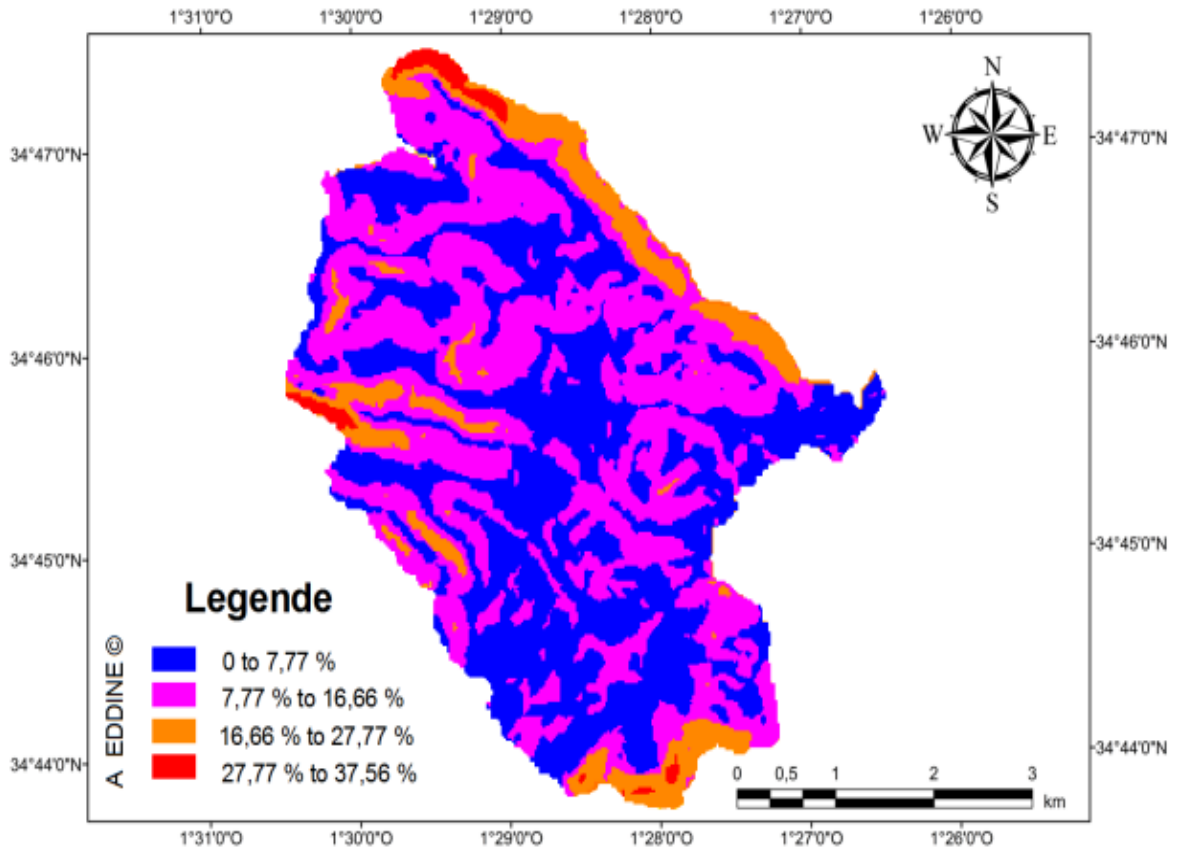


Figure 8 : Carte des pentes de la réserve de chasse de Tlemcen (Eddine, 2017)

I.2.4. Synthèse des données hydrographiques et hydrologiques

La RCT se caractérise par un contexte hydrologique fortement influencé par son substratum dolomitique karstique, favorisant l'infiltration des eaux de pluie au détriment des écoulements superficiels. Le territoire est parcouru par un talweg temporaire, généralement à sec durant la saison estivale, dont l'écoulement ne se manifeste qu'à la suite de précipitations importantes.

Les ressources hydriques naturelles se limitent à cinq sources (Aïn Djedi 1 et 2, Aïn Bhour, Aïn Boumedrère 1 et 2), présentant des débits modestes, particulièrement faibles en période sèche. Face à cette disponibilité restreinte, plusieurs infrastructures hydrauliques ont été mises en place : deux forages situés au centre de la plaine, dont le premier, d'une capacité de 100 m³/j, est destiné à l'alimentation en eau potable, et le second, d'environ 400 m³/j, utilisé pour l'irrigation, l'alimentation des bassins et la lutte contre les incendies. L'abreuvement cynégétique repose sur un réseau de bassins dont le nombre varie selon les sources : treize recensés par Babali (2014), parmi lesquels deux sont destinés aux grands

mammifères, et dix-huit identifiés ultérieurement grâce à une analyse SIG réalisée par Eddine (2017), avec des capacités comprises entre 9 et 30 m³.

Par ailleurs, la réserve dispose de retenues artificielles, notamment une grande retenue située dans la plaine de Moutas, d'une capacité estimée à 38 000 m³, ainsi qu'une seconde au niveau de Boumedrère. Ces aménagements ont été réalisés à des fins écologiques et cynégétiques (Fig. 9).

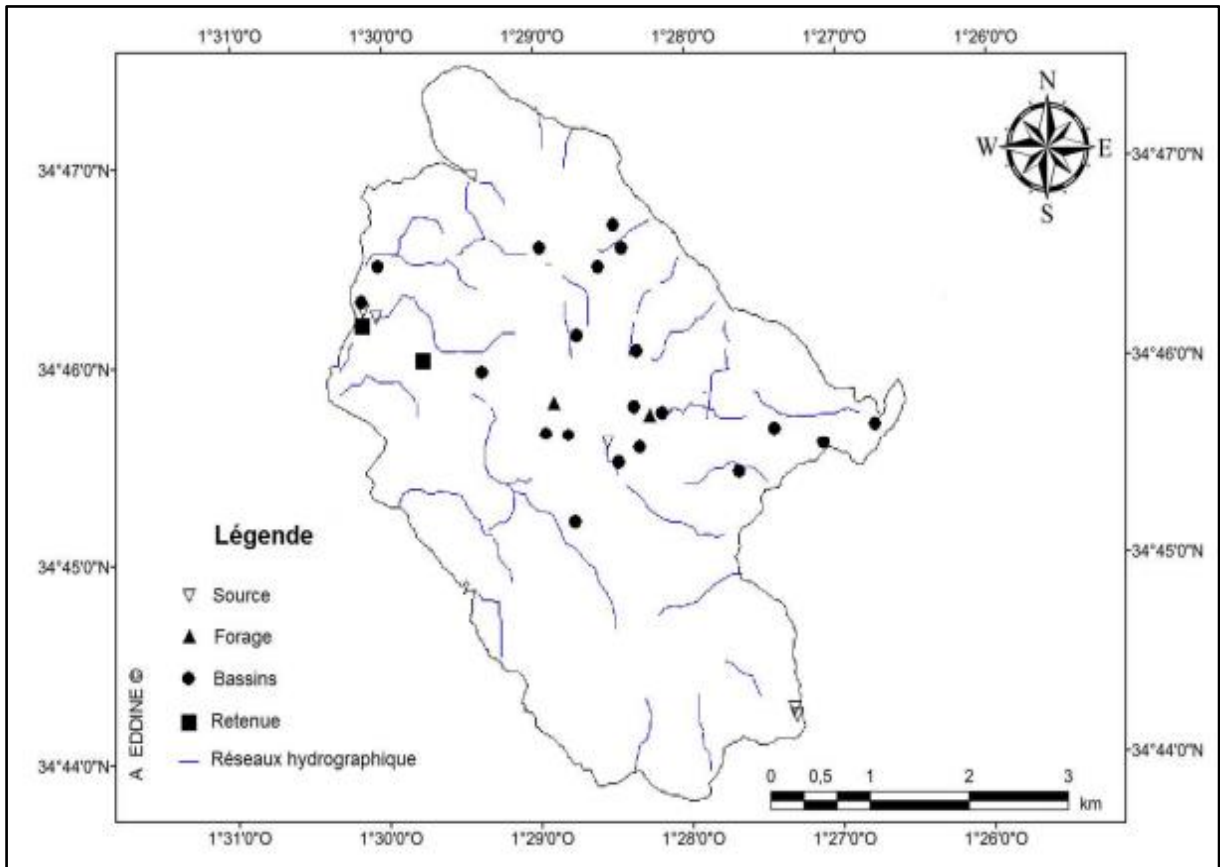


Figure 9 : Carte du réseau hydrographique et ressources hydriques de la RCT (Eddine, 2017)

I.2.5. Contexte pédologique

Les sols de la région de Tlemcen, au sein de laquelle s'inscrit la RCT, sont fortement déterminés par la nature du substrat géologique (calcaires, dolomies, grès), la configuration topographique ainsi que par les conditions climatiques méditerranéennes (Ozenda, 1954 ; Dahmani, 1984 ; Duchauffour, 1977). Deux grands ensembles pédologiques y sont distingués : les sols rouges méditerranéens, riches en oxydes de fer et en silice, issus de processus de rubéfaction sous végétation sclérophylle, et les sols lessivés à tendance

podzolique, caractérisés par un lessivage prononcé, généralement observés sur les versants (Bricheteau, 1954 ; Bouazza, 1991).

À l'échelle de la réserve, plusieurs unités pédologiques ont été recensées (Fig. 10) (Bricheteau, 1954 ; Direction de la RCT, 2011). Le sol brun-rouge fersiallitique constitue la formation dominante, couvrant environ 1 340 ha ; il s'agit d'un sol caillouteux, dépendant de la pente, présentant un horizon humifère superficiel et associé aux formations forestières. Le sol brun calcaire, faiblement représenté (≈ 13 ha), est dépourvu de CaCO_3 actif et présente une bonne aptitude agricole ; il est localisé à proximité de l'ancienne maison forestière.

Le sol rouge fersiallitique à moder, occupant près de 79 ha, est lié aux formations de chêne vert et de chêne-liège en contexte sub-humide et se caractérise par un humus de type moder. Les rankers à moder développés sur grès correspondent à des sols peu épais (20 à 30 cm), fréquemment rencontrés en forte pente sur substrats durs (grès, granites) et supportant des formations résineuses clairsemées ; ils couvrent environ 555 ha. Le sol brun-rouge colluvial, issu de dépôts de matériaux d'érosion et situé en bas de versant, occupe près de 143 ha. Le lithosol sur calcaire, très peu évolué et pauvre en matière organique, demeure marginal (≈ 9 ha). Enfin, le sol brun-rouge à caractère vertique, riche en argiles gonflantes, présente une fertilité relativement élevée mais reste très localisé (≈ 7 ha) (Bricheteau, 1954 ; Direction de la RCT, 2011).

Dans l'ensemble, la pédologie de la réserve traduit une mosaïque de sols, allant de formations profondes et relativement fertiles à des sols superficiels et peu évolués, ce qui conditionne fortement la distribution des groupements végétaux et des habitats fauniques (Bouazza, 1991).

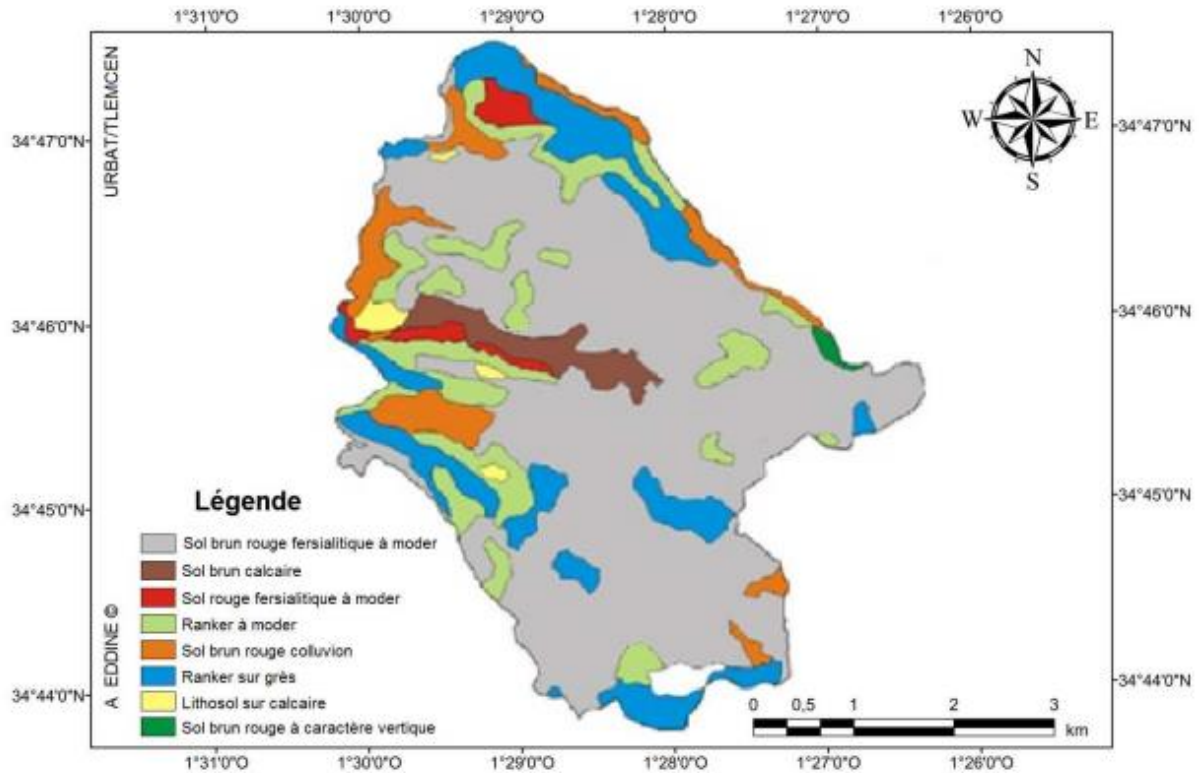


Figure 10 : Carte pédologique de la réserve de chasse de Tlemcen (Source : RCT, modifiée par Eddine, 2017)

II.3. Climatologie

Le climat constitue un facteur majeur structurant les écosystèmes par l'ensemble de ses composantes, telles que la température, les précipitations, la pression atmosphérique et les vents, qui caractérisent l'état moyen de l'atmosphère en un lieu donné. Plusieurs travaux climatologiques et bioclimatologiques menés sur l'Algérie et particulièrement sur la région de Tlemcen ont permis de confirmer son appartenance au domaine méditerranéen (Angot, 1881 ; Seltzer, 1946 ; Emberger, 1930-1955 ; Bagnouls et Gaussen, 1953 ; Sauvage, 1961 ; Borteli *et al.*, 1969 ; Le Houérou, 1975 ; Médail et Quézel, 1996 ; Benabadji et Bouazza, 2000). Ce climat se caractérise par deux saisons contrastées : une période estivale chaude et sèche et une période hivernale relativement froide et humide (Seltzer, 1946 ; Emberger, 1942).

Dans l'Ouest algérien, les précipitations sont généralement faibles et marquées par une forte variabilité interannuelle et inter mensuelle (Bouazza et Benabadji, 2010). Cette irrégularité est accentuée par l'influence limitée de l'océan Atlantique, du fait des reliefs de l'Atlas marocain et du sud de l'Espagne (Seltzer, 1946). Globalement, du nord au sud, le

climat devient progressivement plus chaud et plus sec, traduisant une aridité croissante qui se manifeste à la fois par la baisse du régime pluviométrique et par l'élévation des températures estivales entraînant une évaporation intense (Bouazza, 2021).

Cependant, certaines zones d'altitude, notamment au nord des monts de Tlemcen où l'altitude dépasse 1000 m, reçoivent une pluviométrie plus abondante. Ces secteurs comptent parmi les plus arrosés de l'Ouest algérien, ce qui en fait des zones particulières du point de vue climatique (Barylénger *et al.*, 1979). Les données climatiques utilisées pour caractériser cette région reposent à la fois sur des séries anciennes (1913–1938) établies par Seltzer (1946) et sur des séries récentes couvrant la période 1980–2016, permettant ainsi une comparaison diachronique de l'évolution climatique.

II.3.1. Choix des stations météorologiques

En l'absence d'une station météorologique spécifiquement implantée au niveau de la réserve, l'analyse climatique a porté sur les données climatiques de trois stations proches de celle-ci (Zenata, Maghnia et Saf-Saf) (Tab.2). Le choix de ces stations repose sur leurs caractéristiques géographiques qui les rendent représentatives des conditions de la zone d'étude et sur la disponibilité de séries climatiques pour les périodes considérées. Cela permet d'accéder à des informations fiables et comparables pour la caractérisation du climat régional et l'analyse de ses variations spatio-temporelles.

Tableau 2: Données géographiques des stations météorologiques

Stations	Latitude	Longitude	Altitude
<i>Maghnia</i>	34°52' N	01°47' W	426 m
<i>Safsaf</i>	34°57' N	01°17' W	592 m
<i>Zenata</i>	35°01' N	01°27' W	247 m

O.N.M: Office National de la Météorologie

II.3.2. Paramètres climatiques

Le climat d'une région est principalement déterminé par des paramètres tels que la température et les précipitations, qui constituent les éléments fondamentaux du climat (Barry *et al.*, 1979). L'étude de ces paramètres permet de comprendre les conditions environnementales, la répartition de la végétation, et l'adaptation des sociétés aux contraintes climatiques.

II.3.2.1. Précipitations

La pluviométrie constitue un paramètre essentiel dans la détermination du type de climat (Djebaili, 1984). Ces précipitations sont estimées en millimètres par jour, par mois, par saison ou par an, ce qui permet une analyse fine de leur distribution temporelle. Outre son rôle climatique, les précipitations conditionnent le maintien et la répartition du couvert végétal, tout en jouant un rôle déterminant dans les processus de dégradation du milieu naturel à travers l'érosion (Letreuch-Belarouci, 2002). L'altitude, la latitude et la longitude constituent également des gradients majeurs influençant la pluviosité : les précipitations tendent à diminuer du nord vers le sud et de l'est vers l'ouest, tout en étant plus abondantes au niveau des reliefs montagneux (Chaabane, 1993).

La région de l'Ouest algérien se caractérise par un faible volume pluviométrique accompagné d'une forte variabilité intermensuelle et interannuelle (Bouazza & Benabadji, 2010). Plus spécifiquement, le climat de la région de Tlemcen, à l'instar de l'ensemble des zones méditerranéennes, se distingue par une répartition irrégulière des précipitations dans le temps et dans l'espace (Benabdelli, 1996).

Les précipitations moyennes mensuelles et annuelles enregistrées dans les trois stations de référence, pour les deux périodes étudiées (P1 : 1913–1938 ; P2 : 1996–2017), sont présentées dans le tableau suivant :

Tableau 3: Précipitations moyennes mensuelles et annuelles durant (1913-198) et (1996-2017)

<i>Station</i>	<i>Période</i>	J	F	M	A	M	J	JU	A	S	O	N	D	P_{Annuelle}
<i>Maghnia</i>	P1	60	52	49	41	37	10	1	4	22	35	49	58	418
	P2	36.69	30.42	31.46	26.56	23.34	6.56	1.65	7.12	17.13	22.34	34.82	37.40	263.2
<i>Saf saf</i>	P1	70	72	72	61	48	16	2	3	15	40	70	76	545
	P2	41.9	47	50	35	29	6.3	1.2	3.8	14.8	25	49	40	345
<i>Zenata</i>	P1	65	62	49	44	38	11	1	4	23	42	68	67	474
	P2	53.14	38.08	29.36	23.17	22.25	7.69	1.51	2.71	11.75	19.58	37.71	42.68	299.5

(Bouazza ; 2021)

Le régime saisonnier des précipitations est établi à partir d'un classement décroissant des valeurs pluviométriques saisonnières. Pour la RCT, ce régime correspond au type HPAE pour les deux périodes étudiées (Tab. 4).

Tableau 4 : Régime saisonnier au niveau de la réserve de chasse de Tlemcen

Station	HIVER	PRINTEMPS	ETE	AUTOMNE	TYPE DE REGIME
Maghnia P1	170	127	15	164	HAPE
Maghnia P2	104	80.36	15.33	74.29	HPAE
Saf Saf P1	218	181	21	125	HPAE
Saf Saf P2	138.9	114	11.3	88.8	HPAE
Zenata P1	194	131	16	133	HAPE
Zenata P2	133.9	74.78	11.91	69.04	HPAE

(Bouazza ; 2021)

II.3.2.2. Température

Outre la pluviométrie, qui demeure le facteur limitant en zone semi-aride, la température joue également un rôle déterminant dans l'évolution et la distribution des êtres vivants. Elle se définit généralement par trois variables : la température moyenne mensuelle (T), la température maximale (M) et la température minimale (m). Selon Emberger (1955), la valeur maximale du mois le plus chaud (M) et la minimale du mois le plus froid (m) revêtent une signification biologique particulière. À l'instar des précipitations, la température est étroitement liée au gradient altitudinal.

Les données thermiques enregistrées dans les stations de référence (Tab. 5) permettent ainsi de suivre l'évolution des températures sur les deux périodes étudiées et d'évaluer leur rôle dans la structuration du climat régional.

Tableau 5 : Températures moyennes mensuelles et annuelles (en °C) durant les deux périodes (1913-198) et (1996-2017)

Station	Période	J	F	M	A	M	J	JU	A	S	O	N	D	P Annuelle
Maghnia	P1	9	10.2	12.2	14.65	18.1	21.7	25.9	26.4	22.9	18.11	12.9	9.8	16.82
	P2	8.44	9.14	11.36	13.95	17.38	21.51	24.81	25.43	19.93	16.47	12.60	9.44	16.98
Saf saf	P1	9	9.5	11.3	14.3	16.8	21.3	24.7	26	22.3	17.9	13.1	10	16.38
	P2	9.1	10.1	11.3	14	16.6	20.8	24.4	25.2	21.7	17.2	12.5	9.5	15.5
Zenata	P1	9.9	10	10.5	13	15	21	24	26	21.5	17	13	10	15.91
	P2	11.79	12.49	14.19	17.00	20.11	23.88	20.93	27.69	24.54	21.34	20.91	12.76	19.4

(Bouazza ;2021)

L'analyse du tableau des températures pour les stations de Maghnia, Safsaf et Zenata montre que le mois de janvier reste le plus froid, tandis que les mois de juillet et août sont les plus chauds. La période froide s'étend généralement de décembre à mars. Durant la période ancienne (P1), les températures de janvier se situaient entre 9,0 °C et 9,9 °C, alors qu'elles varient entre 8,4 °C et 11,79 °C dans la période récente (P2). La comparaison des moyennes annuelles confirme une hausse nette des températures : +1,14 °C à Maghnia, +0,89 °C à Safsaf et +3,49 °C à Zenata. Ces résultats mettent en évidence une modification climatique caractérisée par un accroissement progressif des températures, particulièrement accentué à Zenata, ce qui confirme la tendance au réchauffement régional.

II.3.2.3. Vent

Le vent constitue un facteur écologique majeur dans la région d'étude, jouant un rôle déterminant dans le transport des particules du sol, le façonnement des dunes, la propagation des feux, ainsi que dans la dissémination et la pollinisation des graines. Plusieurs types de vents influencent la zone : les vents d'ouest et de nord-ouest, dominants, apportent la majorité des précipitations grâce à l'ascendance forcée sur les reliefs et soufflent presque toute l'année, à l'exception de l'été. Les vents du nord, froids et secs en hiver, favorisent les chutes de neige à haute altitude, tandis qu'au printemps et en été, ils deviennent parfois chauds et humides en traversant la mer, contribuant ainsi à modérer la chaleur estivale. Enfin, les vents du sud et du sud-est, connus sous le nom de Sirocco, se caractérisent par leur chaleur et leur sécheresse, transportant sable et limon. Plus fréquents à l'est de la région, ils provoquent un dessèchement marqué et peuvent causer des dégâts importants sur la végétation, notamment sur les jeunes plants, lorsqu'ils surviennent en pleine période de croissance (Djebaili, 1984).

II.3.2.4. Neige

L'enneigement dans la région d'étude est fortement conditionné par l'altitude (Seltzer 1946). Au-dessus de 600 à 700 m, la neige apparaît presque chaque hiver mais fond rapidement, alors qu'à partir de 1000 m, elle peut persister plus longtemps, bien que son épaisseur ne dépasse généralement pas 10 cm sur les hautes plaines. Historiquement, la station de Hafir enregistre en moyenne 24,7 jours d'enneigement par an, en coïncidence avec les périodes de fortes précipitations. Dans la zone de Moutas, les épisodes neigeux sont devenus plus rares et souvent de courte durée (1 à 2 jours), atteignant parfois 25 cm

d'épaisseur. Toutefois, l'altitude moyenne de la réserve (supérieure à 1100 m) favorise un enneigement presque annuel, avec des épaisseurs variables. En 2016, un épisode exceptionnel a même atteint 50 cm de neige, provoquant d'importants chablis et des perturbations écologiques notables (Eddine, 2017).

II.3.3. Synthèse climatique

La combinaison des températures et des précipitations constitue la base essentielle pour caractériser le climat de la région d'étude, en permettant de définir ses traits bioclimatiques et d'évaluer la durée de la période sèche.

II.3.3.1. Les diagrammes ombrothermiques de Bagnouls et Gaussen

Parmi les outils les plus utilisés pour la caractérisation climatique, le diagramme ombrothermique occupe une place importante. Il met en évidence, sur un même graphique, les moyennes mensuelles de température et de précipitations, permettant ainsi de délimiter la période sèche selon le critère suivant : $P < 2T$ (où P représente les précipitations moyennes mensuelles et T la température moyenne mensuelle). Le climat est considéré comme sec lorsque la courbe des températures se situe au-dessus de celle des précipitations, et humide dans le cas inverse. Dans la région d'étude, la période sèche dure généralement de 4 à 6 mois, coïncidant avec la saison estivale mais pouvant également englober une partie du printemps et de l'automne (Figure 11). Sa durée est fortement influencée par l'altitude, les températures augmentant plus tardivement et décroissant plus précocement en montagne qu'au niveau du littoral (Bagnouls & Gaussen, 1953).

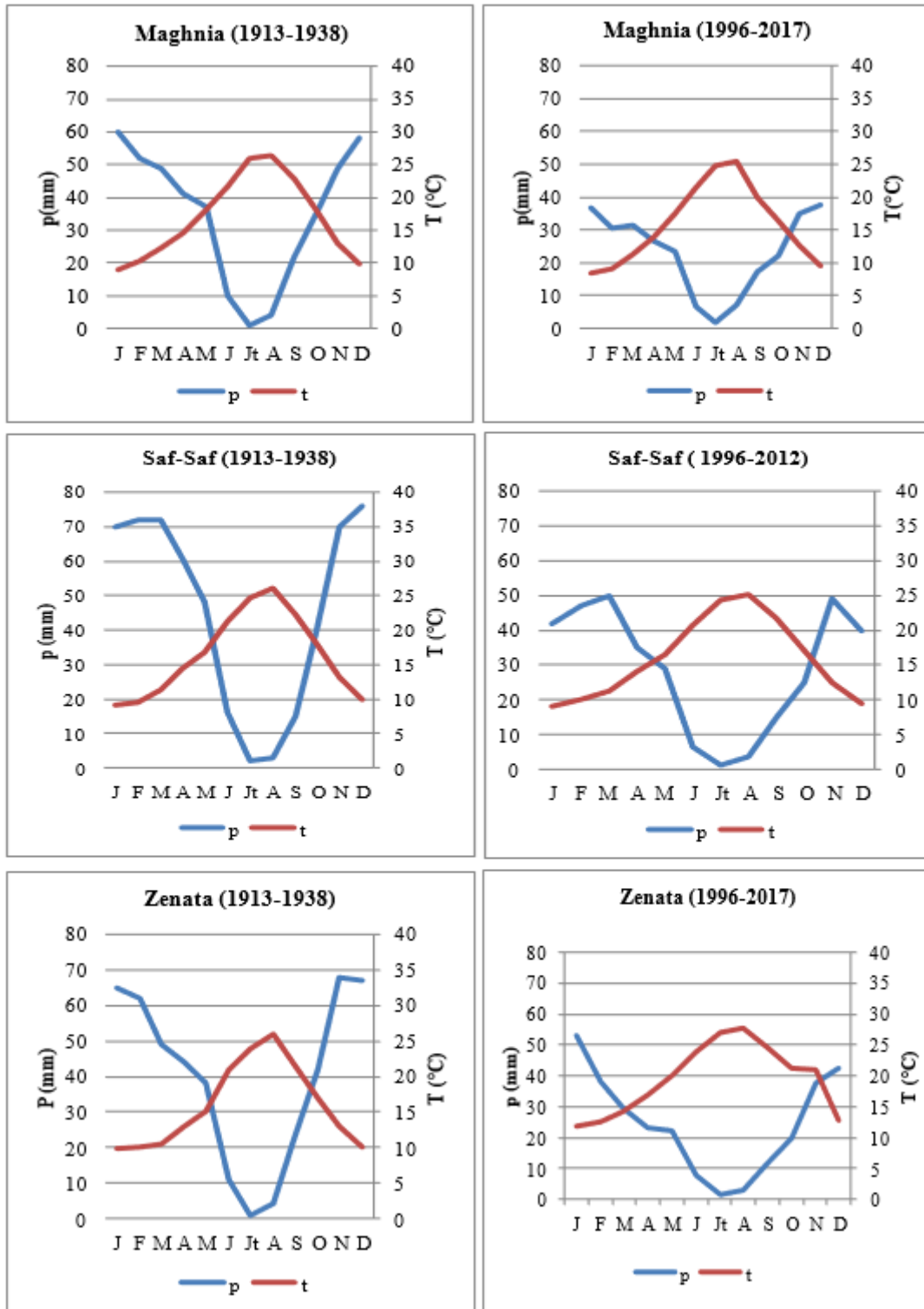


Figure 11 : Diagrammes ombrothermiques des trois stations durant les deux périodes (Bouazza, 2021)

II.3.3.2. Quotient pluviothermique d'Emberger

Le quotient pluviothermique d'Emberger (Q_2), proposé initialement par Emberger (1952, 1955), est un indice bioclimatique largement utilisé dans les régions méditerranéennes, notamment en Afrique du Nord, car il permet de distinguer avec précision les différents étages bioclimatiques. Cet indice intègre à la fois les précipitations annuelles et les températures extrêmes. Il se calcule selon la formule suivante :

$$Q_2 = \frac{(2000P)}{M^2 - m^2} = \frac{1000P}{\frac{M+m}{2} \times (M-m)}$$

Où **P** représente la pluviosité moyenne annuelle (mm), **M** la moyenne des températures maximales du mois le plus chaud ($T + 273$ °K) et **m** la moyenne des températures minimales du mois le plus froid ($T + 273$ °K). L'intérêt de cet indice réside dans sa capacité à situer une station météorologique ou une région donnée dans un contexte climatique précis, et par conséquent à délimiter l'aire bioclimatique d'une espèce ou d'un groupement végétal (Ayache, 2007).

L'exploitation conjointe du quotient pluviothermique d'Emberger (Tab. 6) et du climagramme (Fig.12) établi à partir des données des stations météorologiques voisines de Marnia, Saf-Saf et Zenata permettent de caractériser le climat de la RCT. Les résultats montrent un glissement net des étages bioclimatiques vers des conditions plus sèches. En effet, la station de Maghnia traduit une évolution du semi-aride vers l'aride à hiver tempéré, la station de Saf-Saf passe du subhumide à hiver tempéré au semi-aride à hiver frais, tandis que la station de Zenata évolue du subhumide vers le semi-aride à hiver tempéré. La convergence de ces données indique que la RCT, classée auparavant dans l'étage sub-humide frais, se situe actuellement dans l'étage semi-aride supérieur à hiver tempéré. Cette évolution confirme une accentuation de l'aridité en lien avec la variabilité climatique régionale.

Tableau 6 : Quotient pluviothermique d'Emberger

Stations	Période	Q ₂	Etage bioclimatique
MAGHNIA	Ancien période	48,80	Semi-aride à hiver tempéré
	Nouvelle période	29,80	Aride à hiver tempéré
SAF SAF	Ancien période	69,06	Subhumide à hiver tempéré
	Nouvelle période	41,90	Semi-aride à hiver frais
ZENATA	Ancien période	64,08	Subhumide à hiver tempéré
	Nouvelle période	35,90	Semi-aride à hiver tempéré

(Bouazza, 2021)

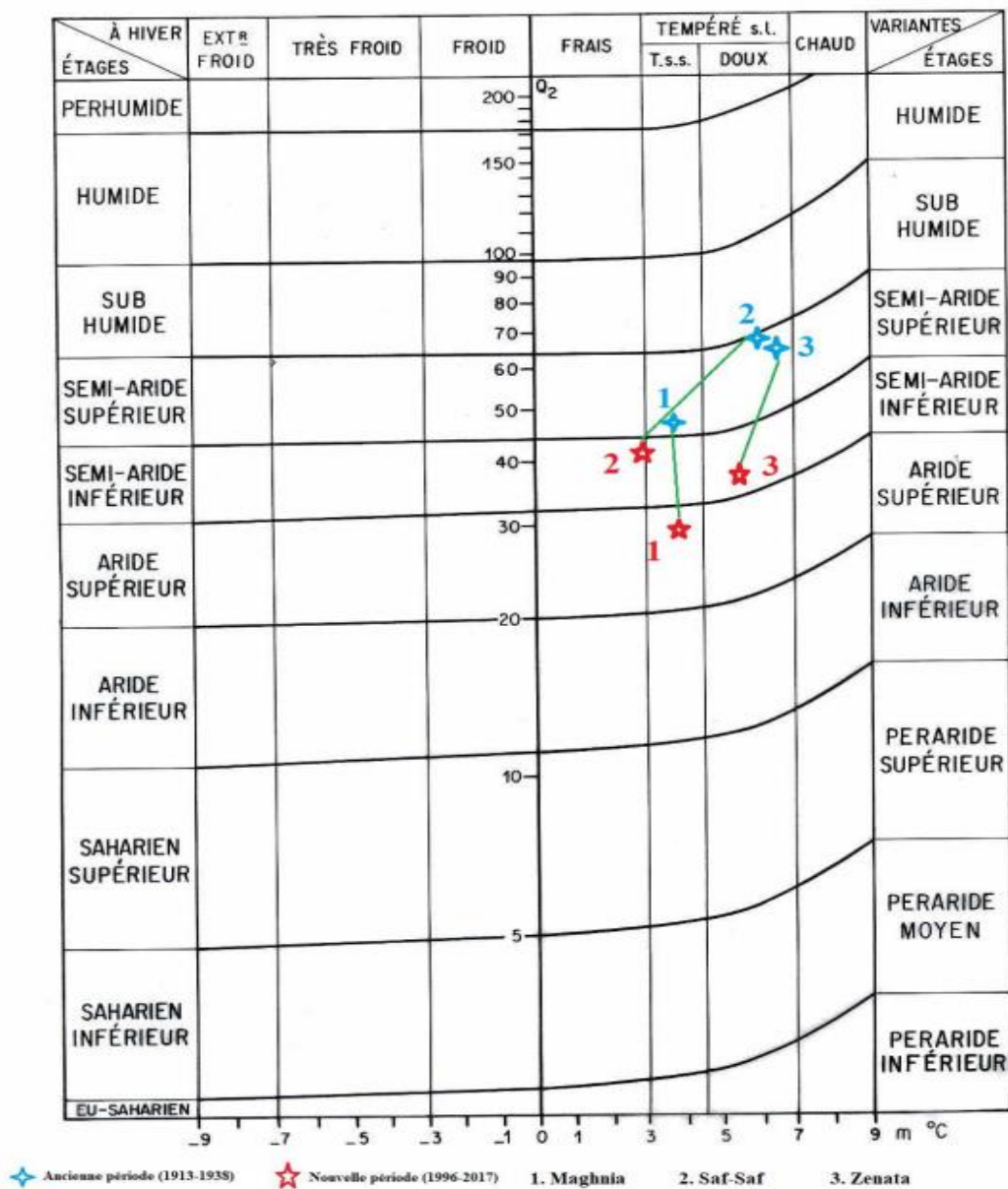


Figure 12 : Climagramme pluviothermique d'Emberger (Bouazza, 2021)

II.4. Diversité biologique

La réserve de chasse est un écosystème particulièrement riche, où les conditions physiques favorables, comme le climat et les sols, favorisent une grande diversité floristique et faunistique. Cette interaction entre milieu et êtres vivants explique sa valeur écologique.

II.4.1. Richesse faunistique

La diversité de la faune de la réserve de chasse est favorisée par la variété de couvert végétale et la variation morphologique du relief du terrain, qui offrent des habitats propices à de nombreuses espèces. Selon l'inventaire réalisé par la réserve, cette richesse se traduit par 134 espèces recensées : 69 oiseaux, 20 mammifères, 16 reptiles, 4 amphibiens et 25 insectes (uniquement les papillons). Les mammifères appartiennent à plusieurs ordres (carnivores, artiodactyles, lagomorphes, rongeurs et insectivores) chacun regroupant plusieurs familles, illustrant la diversité taxonomique de cette classe. À cette faune autochtone s'ajoutent trois espèces introduites dans le cadre du développement cynégétique : le Mouflon à manchettes (*Ammotragus lervia*), la Gazelle dorcas (*Gazella dorcas*) et le Cerf daim (*Dama dama*).

II.4.2. Richesse floristique

Selon Babali (2014), la végétation de la réserve présente une diversité remarquable, avec 690 taxons répartis en 87 familles, dont les Astéraceae sont les plus nombreuses (92 espèces). Quatre grands types de milieux dominant le territoire et structurent les habitats : les pelouses ouvertes, les formations à Thuya de Berbérie, les yeuseraies et les zeenaies.

Les pelouses sont positionnées sur les zones les plus dégagées, cultivables, notamment les plaines de Moutas, M'nakher et Ain Jediye. Elles sont formées de végétation basse et saisonnière (blé, avoine), plantes vivaces (ciste, sauge, thym), qui constituent également une source alimentaire pour le gibier. Les tetraclinaies, regroupant le Thuya de Berbérie (*Tetraclinis articulata*), espèce endémique, occupent une surface réduite de la réserve. On y trouve également quelques oliviers (*Olea europea*), peupliers (*Populus alba*, *Populus tremula*) et caroubiers (*Ceratonia siliqua*), dispersés de manière éparse. Les yeuseraies, dominées par le Chêne vert (*Quercus ilex*), sont associées à des espèces comme le Chêne liège, le Chêne kermès, le Genévrier oxycèdre, le Pistachier térébinthe et l'Arbousier commun. Dans les zones dégradées ou ouvertes, apparaissent *Chamaerops humilis*, *Ampelodesmos mauritanicum*, *Stipa tenacissima* et *Calicotome intermedia*. Enfin, les zeenaies, centrées sur le Chêne Zeen (*Quercus fagenia*), occupent principalement les parties centrales et exposées au nord, souvent en association avec le Chêne vert. Leur sous-

bois est composé de *Chamaerops humilis*, *Ampelodesmos mauritanicum*, *Pistacia lentiscus* et *Quercus coccifera* (Fig.13).

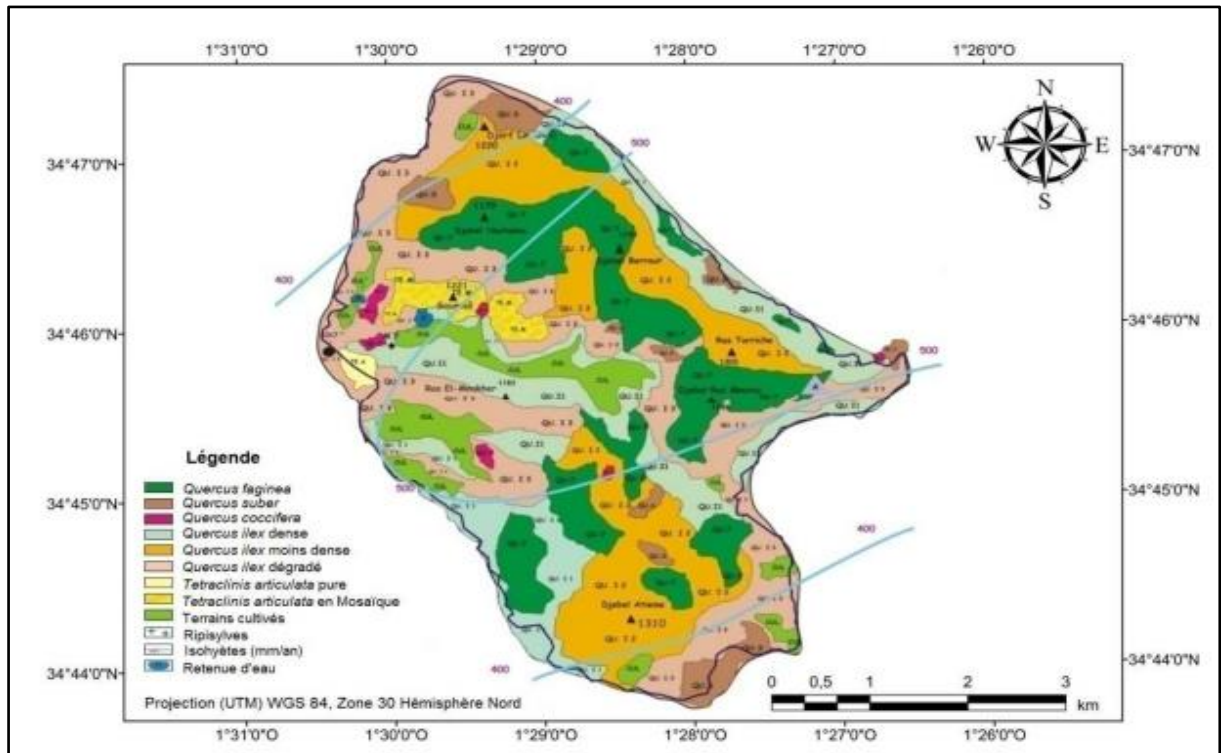


Figure 13 : Carte de la végétation de la réserve de chasse de Tlemcen (Babali, 2014, modifiée par Eddine, 2017)

II.5. Impact des activités humaines et enjeux socio-économiques régionales

Les activités humaines agissent d'une manière très profonde sur les milieux naturels, parfois de manière durable. Selon Quézel *et al.* (1991), le milieu naturel méditerranéen, en particulier, s'affaiblit et perd sa biodiversité sous l'effet des changements climatiques et des pressions humaines. La demande croissante en ressources ont entraîné l'apparition de pratiques qui, bien qu'ancrées dans la tradition locale, contribuent à la transformation du milieu à travers des pratiques telles que le défrichement, surpâturage, feux de forêt, exploitation de bois et de plantes médicinales. L'analyse de ces interventions permet de mieux comprendre les dynamiques régionales et les enjeux liés à la gestion durable des territoires.

II.5.1. Élevage et interactions avec la faune

L'élevage constitue une activité majeure pour les populations riveraines de la réserve. Ovins, caprins et bovins pâturent sur les versants non clôturés et parfois à l'intérieur même

de la réserve, où la pression exercée par le cheptel est estimée à 35 503 têtes (R.C.T, 2011). Ces pratiques contribuent à l'exploitation des ressources végétales et peuvent affecter la structure et la composition des habitats naturels.

Elles exercent également une pression directe sur la végétation et entraînent des interactions avec la faune, en particulier en constituant une source alimentaire supplémentaire pour certains grands carnivores. L'apiculture, introduite plus récemment, apporte un revenu complémentaire aux populations locales et est progressivement développée par les forestiers afin de diversifier les activités économiques, bien qu'elle reste moins répandue que l'élevage traditionnel.

II.5.2. Aménagement et gestion de la réserve

La réserve de chasse malgré son statut de conservation, n'est pas seulement un espace protégé que l'on observe de loin : elle vit au rythme des interventions humaines qui tentent de préserver son équilibre fragile. Des pistes forestières de 35,4 km et une route goudronnée de 5,76 km serpentent à travers le territoire (Fig. 14), permettant aux gardes et aux gestionnaires d'accéder rapidement aux zones sensibles. Sur les lignes de crête, de larges tranchées de protection couvrant 50 ha ont été creusées, comme des barrières naturelles prêtes à contenir un feu imprévu.

Mais la protection ne se limite pas aux incendies. L'élagage régulier des arbres, la construction de seuils de correction torrentielle et l'installation de bassins d'eau participent à la fois à la gestion des ressources et au bien-être des animaux présents. Ces aménagements offrent des points d'eau vitaux et préviennent l'érosion, tout en rendant la réserve plus facile à surveiller et à entretenir.

Pourtant, chaque intervention laisse sa trace. Le passage des engins, le cliquetis des outils, le bruit des véhicules... autant de perturbations qui font battre plus vite le cœur des animaux et modifient leurs habitudes. Ces contraintes rappellent que l'homme, même lorsqu'il cherche à protéger, peut perturber la nature.

Au final, cette mosaïque d'aménagements illustre parfaitement le fragile équilibre entre action humaine et conservation : chaque piste, chaque tranchée, chaque bassin est à la fois un outil de protection et un rappel que la gestion de la nature demande réflexion, patience et respect.

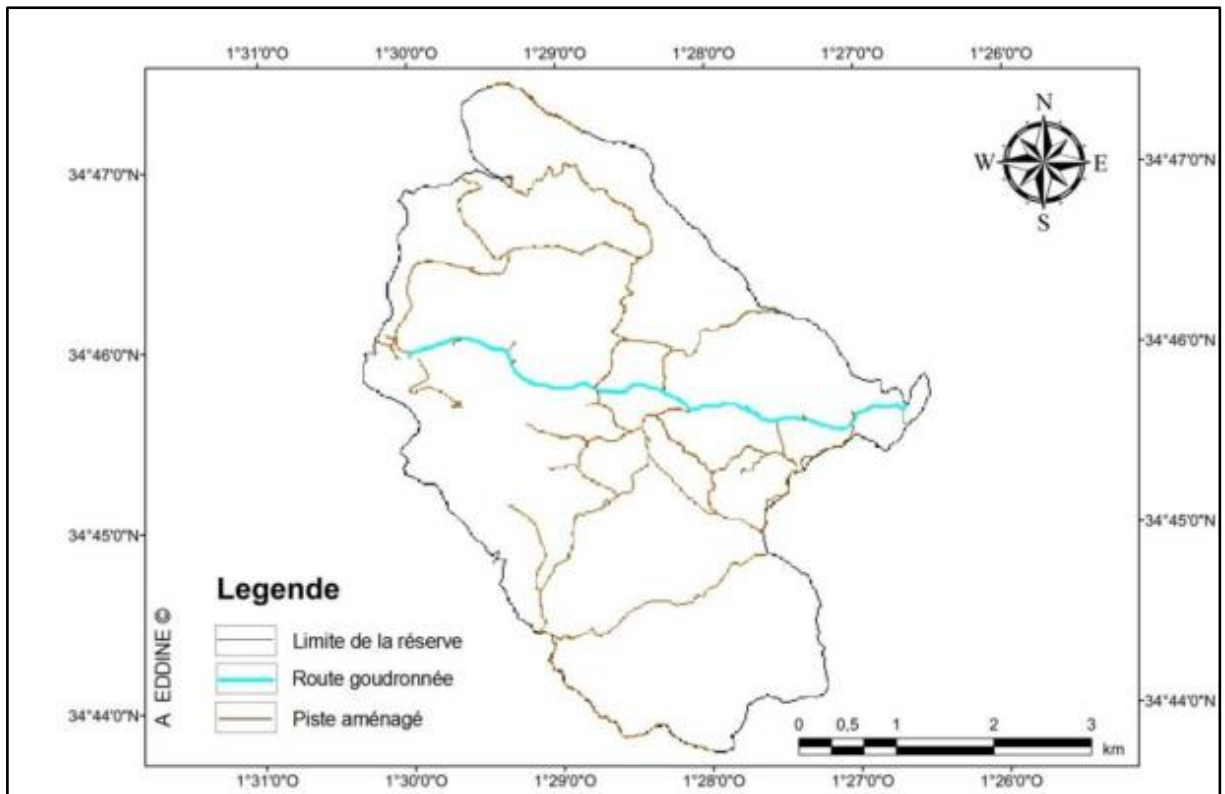


Figure 14 : Réseau d'infrastructure routière au niveau de la RCT (Eddine, 2017)

II.5.3. Pressions ponctuelles et activités annexes

Les incendies, bien que rares à l'intérieur de la réserve grâce à la surveillance, proviennent généralement des zones forestières avoisinantes et restent maîtrisés avant d'atteindre les secteurs sensibles.

Dans l'ensemble, cette mosaïque d'actions anthropiques et de pratiques socio-économiques met en lumière la complexité des interactions entre l'homme et la nature : chaque culture, chaque troupeau, chaque aménagement participe à transformer le paysage, parfois en le préservant, parfois en le fragilisant. Comprendre ces liens est essentiel pour envisager des stratégies de gestion qui équilibrent développement humain et conservation de la biodiversité.

CHAPITRE III

ECOLOGIE TROPHIQUE

III.1. Introduction

La compréhension du régime alimentaire des grands mammifères en générale et les carnivores en particulier, constitue une étape cruciale pour appréhender leur écologie trophique, leur rôle dans l'écosystème ainsi que les interactions interspécifiques. En effet, l'analyse précise de leur habitudes alimentaires permet de mieux comprendre la dynamique des populations et la structure des communautés écologiques (Monterroso *et al.*, 2019). Parmi les différentes méthodes disponibles, certaines nécessitent le sacrifice d'un nombre important d'individus, telles que l'analyse des contenus stomacaux (Berté *et al.*, 2008). Ceci peut entraîner une perturbation des populations naturelles et par conséquent, une déstabilisation de l'écosystème (Lodé, 1989). L'analyse des crottes reste l'une des techniques les plus utilisées, car c'est une technique non invasive qui permet de collecter un grand nombre d'échantillons sans stresser les espèces étudiées (Livatis, 2000), et permet d'obtenir des informations détaillées sur la composition alimentaire à travers l'examen des éléments non digestibles comme les poils, os, dents et fragments de plantes (Jedrzejewska & jedrzejewski, 1998 ; Weaver, 1993).

Cette approche a été largement appliquée pour l'étude du régime alimentaire des carnivores dans diverses régions en Europe (Day, 1966 ; Ansorge *et al.*, 2006 ; Wagner, 2006 ; Mandel *et al.*, 2018...) et en Algérie (Khidas, 1986 ; Hamdine *et al.*, 1993 ; Mostefai *et al.*, 2003 ; Amroun *et al.*, 2006 ; Eddine *et al.*, 2017).

Cependant, en Algérie, les recherches portant sur l'écologie trophique des grands carnivores restent très limitées. À ce jour, elles ne concernent qu'une seule espèce : le loup doré d'Afrique (*Canis anthus*) (Khidas, 1986 ; Amroun *et al.*, (2006) ; Oubellil, 2010 ; Amroun *et al.*, 2014 et Eddine *et al.*, 2017). La hyène rayée, bien qu'elle soit un grand carnivore nécrophage, demeure peu étudiée. Malgré son rôle écologique crucial en tant que recycleur de matière organique et sa position au sommet de la chaîne alimentaire, son écologie trophique reste largement méconnue, aucune étude approfondie n'ayant encore été menée à ce sujet.

III.2. Méthodologie

Afin d'étudier le régime alimentaire de la hyène rayée au sein de la RCT, nous avons opté pour l'analyse des fèces. Cette méthode, non invasive et adaptée aux conditions de terrain, permet d'obtenir des données fiables en évitant toute perturbation des populations animales.

III.2.1. Identification et collecte du matériel fécale

L'identification et la collecte des fèces de la hyène rayée n'ont pas présenté de difficultés majeures au cours de nos sorties de terrain. En effet, les crottes de cette espèce présentent des caractéristiques morphologiques distinctives : une couleur blanchâtre résultant de l'ingestion

d'ossements, une forme reconnaissable, ainsi qu'un mode de dépôt généralement régulier (Fig. 15), souvent observé le long des pistes, à proximité des tanières ou dans des zones dégagées.

Contrairement à celles d'autres carnivores, dont les excréments peuvent prêter à confusion, les fèces de la hyène rayée sont aisément identifiables, ce qui a permis une reconnaissance rapide et fiable sur le terrain.

Les crottes récoltées ont été conditionnées individuellement dans des sacs en plastique, étiquetés avec la date et la saison d'échantillonnage, la région, ainsi que, lorsque cela était possible, les coordonnées géographiques du site de collecte.



Figure 15 : Crottes de la hyène rayée : (1) grisâtre à l'état fraîche - (2) blanche à l'état sec (originales)

III.2.2. Période de terrain et nombre d'échantillons

Une période de trois ans, s'étendant de novembre 2016 à octobre 2019, a été consacrée à la collecte des échantillons fécaux de la hyène rayée. Durant cette phase, l'ensemble du territoire de la réserve a été prospecté à la recherche du matériel biologique (crottes), avec une fréquence d'une à deux sorties par mois. Les fèces collectées ont été ensuite analysées au laboratoire tout en écartant les échantillons partiellement dégradés ou difficilement exploitables.

III.2.3. Analyse des échantillons au laboratoire

Le traitement des échantillons récoltés a été effectué au laboratoire de recherche à l'université de Tlemcen (Laboratoire de gestion conservatoire de l'eau, du sol et des forêts et de développement durable des zones montagneuses), selon une méthode combinant les recommandations de plusieurs auteurs (Khidias, 1986 ; Hamdine *et al.*, 1993 ; Eddine, 2017).

Après avoir mesuré la longueur, la largeur et le poids frais des différents fragments, chaque échantillon a d'abord été stérilisé à 118 °C afin d'éliminer les risques de contamination liés aux parasites ou bactéries pathogènes fréquemment présents dans les excréments de carnivores (Amroune *et al.*, 2014).

Les fèces ont ensuite été immergées dans de l'eau pendant 48 heures pour faciliter leur désagrégation, puis rincées sous un jet d'eau à travers un tamis à maille fine (200 µm), permettant ainsi de conserver les plus petits fragments (Fig.18).

Après un séchage à 60 °C pendant 24 heures, les résidus solides tels que les poils, os, végétaux ou insectes ont été soigneusement triés, classés et pesés à l'aide d'une balance.

III.2.4. Identification des items alimentaires

L'analyse des crottes permet d'identifier une grande variété d'items alimentaires, en fonction de la nature et de la taille des proies consommées. La reconnaissance des restes alimentaires repose sur des approches complémentaires, incluant des observations macroscopiques et microscopiques.

Les poils, qui demeurent relativement intacts après digestion (Day, 1966), ont constitué la base principale pour l'identification des mammifères proies. L'analyse macroscopique a pris en compte la couleur, l'épaisseur et la longueur des poils (Eddine, 2017), tandis que l'examen microscopique a été réalisé à l'aide d'un microscope Euromax (série OXION) avec différents niveaux de grossissement (10×10, 10×40) et une caméra connectée à un ordinateur (Fig. 16 et 17). L'identification spécifique des poils s'est fondée sur la structure de la cuticule, caractéristique de chaque espèce (Teerink, 1991). L'utilisation d'huile d'immersion entre la lame et la lamelle a parfois été nécessaire pour améliorer le contraste lors de l'observation.

Certains poils, correspondant au prédateur lui-même, ont été attribués à des comportements de toilettage (Ansorge, 2006 ; Eddine, 2017). Ces poils n'ont pas été pris en compte dans l'analyse du régime alimentaire. L'identification des espèces a été réalisée à l'aide de guides classiques (Day, 1966 ; Faliu *et al.*, 1980 ; Debrot *et al.*, 1982 ; Eddine, 2017).

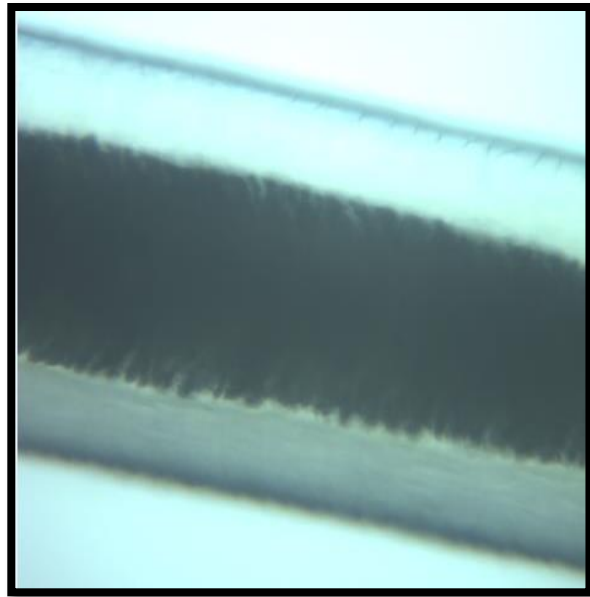


Figure 16 : Poil de *Lepus capensis* (originale) Figure 17 : Poil de *Sus scrofa* (originale)

L'analyse des items végétaux contenus dans les fèces a permis de distinguer deux grandes catégories :

- des végétaux énergétiques (fruits), identifiables par la présence de noyaux et de graines ;
- des végétaux non énergétiques (feuilles de graminées, d'arbustes ou d'arbres), retrouvés relativement intacts.

L'identification de ces éléments a été facilitée par la comparaison avec des spécimens de référence collectés dans la réserve, ainsi que grâce à la collaboration de botanistes.

Par ailleurs, les fragments d'insectes tels que les élytres, pattes, mandibules, etc. ont été identifiés avec l'aide d'entomologistes. Toutefois, les fourmis et autres insectes ingérés de manière accidentelle n'ont pas été pris en compte dans l'analyse.

En ce qui concerne les os, les dents et les restes de reptiles, leur identification spécifique n'a pas été possible en raison de l'absence de guides de référence appropriés et de moyens d'analyse génétique.



Figure 18 : Différentes étapes d'analyse des crottes

(1) pesage -(2) stérilisation -(3) trempage -(4) lavage et décorticage -(5) séchage -(6) pesage -(7) triage
-(8) préparation des items pour l'identification

III.3. Occupation de l'espace

L'étude de l'occupation de l'espace par la hyène rayée repose sur la détection des signes et des traces laissées par l'animal dans la réserve de chasse. Selon Thornton et *al.* (2004), l'utilisation des indices de présence est la méthode la plus efficace pour le suivi des carnivores dans leur milieu naturel. C'est dans cet objectif que nous avons choisi d'appliquer à la fois des techniques directes et indirectes, afin de rechercher et de regrouper les différents indices de présence de la hyène au sein de la réserve.

Cette approche permet non seulement de confirmer la présence de l'espèce dans la zone d'étude, mais aussi de mieux comprendre la manière dont elle occupe et utilise son espace vital. Plusieurs sorties de terrain ont été effectuées pour parcourir toute la réserve, y compris les zones boisées et les pistes intérieures.

III.3.1. Techniques directes

Les techniques directes ont consisté à rechercher la présence de la hyène rayée par des observations visuelles effectuées au cours des sorties sur terrain. Les prospections ont été menées à pied, le long des pistes, et dans les zones susceptibles d'abriter l'espèce.

Les restes d'individus (cadavres), les individus blessés et/ ou accidentés aux alentours de la réserves ont également été considérés comme indices de présence.

III.3.2. Techniques indirectes

Les techniques indirectes ont constitué la principale source d'information sur la présence et l'occupation de la réserve par la hyène rayée. Ils incluaient les fèces, les empreintes, les terriers, les enregistrements de pièges photographiques et les informations obtenues par les enquêtes auprès des agents forestiers et de la population locale.

- **Les fèces** : elles représentent la source d'information la plus facilement accessible et la plus disponible (Oubellil, 2011). Dans notre cas, l'identification des fèces s'est appuyée principalement sur leurs formes, mais également sur leurs couleurs spécifiques. Ces dernières ont été recherchées sur l'ensemble de la zone d'étude, notamment dans les clairières, le long des routes et des pistes. Leur présence a permis de confirmer l'occupation de l'espace par la hyène rayée.
- **Les empreintes** : les conditions d'humidité, telles que la pluie ou la rosée, favorisent la conservation des empreintes sur le sol, notamment dans les zones humides comme les flaques d'eau ou les bordures d'oueds, mais aussi sur les sols. Les empreintes

relevées ont ensuite été identifiées en fonction de leur forme, leur taille et des dessins caractéristiques propre à l'espèce étudiée.

- **Les terriers** : les tanières ont été localisées et leur activité a été confirmée à partir d'indices comme les poils, traces, crottes, et les restes alimentaires.
- **Les caméras pièges** (camera traps) ou pièges photographiques : les piègeages photographiques ont été installés dans des endroits stratégiques, principalement à proximité des terriers, le long des sentiers de passage et dans des zones forestières susceptibles d'être fréquentées par la hyène. Ces dispositifs ont permis d'obtenir des enregistrements visuels, facilitant la confirmation de sa présence et l'observation de certains comportements. Au total, trois caméras pièges ont été utilisées au cours de l'étude (Fig.19) installées à différentes périodes, dans des endroits différents.



Figure 19 : Installation d'une caméra piège dans la réserve de chasse de Tlemcen (Originale)

Enfin, les enquêtes informelles auprès des gardes forestiers, les éleveurs et les habitants ont permis de compléter les informations sur la présence et l'occupation de l'espace par la hyène rayée.

III.3.3. Cartographie d'habitat

Les différents indices de présence, notamment les empreintes et les crottes, ont été relevés sur un carnet de terrain en se basant sur différents repères topographiques, tels que les pistes, croisement des pistes, bassins d'eau, postes de vigie et enclos.

Ces informations ont ensuite été reportées sur la carte de la réserve de chasse, extraite de Google Earth, afin d'y géoréférencer les points et d'enregistrer les coordonnées GPS et de visualiser la distribution des indices obtenus.

III.4. Analyse et traitement des données collectées

Dans le but de mieux comprendre les variations saisonnières du régime alimentaire, les données issues de l'analyse des échantillons ont été classés selon des périodes trimestrielles. Cette répartition permet de comparer les tendances alimentaires en fonction des saisons climatiques typiques de la région méditerranéenne.

III.4.1. Fréquence d'occurrence (Fi)

La fréquence d'occurrence (Fi) d'un item alimentaire identifié dans les échantillons analysés est calculée en divisant le nombre de crottes contenant cet élément par le nombre total d'échantillons traités, puis en multipliant le résultat par 100 (Ansorge *et al.*, 2006 ; Eddine 2017).

$$Fi(\%) = \frac{N_i \times 100}{N}$$

Où :
 Fi : Fréquence d'occurrence
 Ni : Nombre de crottes où l'item i a été identifié
 N : Nombre total des crottes analysées

III.4.2. Fréquence relative d'occurrence (Fr)

La fréquence relative d'occurrence (Fr) d'un item alimentaire correspond au rapport entre le nombre de fois où cet item a été observé et le nombre total d'occurrences de tous les items identifiés (Mostefai *et al.*, 2003 ; Eddine, 2017).

$$Fr(\%) = \frac{N_i \times 100}{N}$$

Où :
 Fr : Fréquence relative
 Ni : Nombre d'apparition d'item i
 N : Nombre total des items identifiés

III.4.3. Calcul de a biomasse

La méthode utilisée pour le calcul de la biomasse ingérée s'appuie sur celle proposée par Goszczynski (1974), qui a déterminé le coefficient de digestibilité de différentes catégories de proies (Tab. 7) ainsi que la formule de calcul de la biomasse. Cette approche, reprise et utilisée dans plusieurs études (Fairey *et al.*, 1987 ; Jędrzejewska & Jędrzejewski, 1998 ; Ansorge *et al.*, 2006 ; Lanszki *et al.*, 2009 ; Borkowski *et al.*, 2011 ; Eddine *et al.*, 2017), consiste à multiplier le poids sec total de chaque catégorie de proie par le coefficient de digestibilité spécifique. La formule utilisée est la suivante :

$$BM(kg) = TMi \times VK$$

Où :
 BM : Biomasse
 TMi : poids sec total de l'espèce (i) en (kg)
 VK : coefficient de digestibilité spécifique

Il est à noter que les catégories alimentaires telles que les déchets et les particules de sol (terre et pierres) n'ont pas été prises en compte dans le calcul, car elles ne disposent pas de coefficients de digestibilité établis dans la littérature.

Tableau 7: Coefficient de digestibilité spécifique des différentes catégories alimentaires

Catégories des items	Coefficient de digestibilité
Adultes et grands mammifères (sauvages et domestiques)	118
Mammifères de tailles moyennes	50
Petits mammifères	23
Oiseaux	35
Reptiles	18
Matériels végétales	14
Insectes	5

(Source :Goszczynski ,1974)

Le calcul de la biomasse des proies consommées a été estimé par la détermination préalable du poids sec des résidus alimentaires non digérés, en tenant compte de la proportion volumique de chaque item identifié dans les crottes. Lorsque plusieurs espèces de proies sont présentes dans un même échantillon, une estimation macroscopique des proportions est réalisée par la même personne pour assurer la cohérence.

Selon Goszczyński (1974), le poids sec des items identifiés est calculé par l'équation suivante :

$$TMi (g) = \frac{\sum TM \times Vol (\%)}{100}$$

Où
 TM_i : masse sèche de l'espèce *i* (exprimée en grammes) ;
 ΣTM : masse sèche totale des résidus alimentaires en (g)
 Vol : fraction volumique de l'espèce *i* dans l'échantillon en (%)

III.4.4. Indice de diversité Shannon

Pour mieux caractériser la diversité du régime alimentaire de la Hyène rayée, nous avons eu recours à l'utilisation de l'indice de Shannon (H') qui Permet également d'évaluer à la fois la richesse et l'abondance des proies identifiées dans les échantillons. Il est calculé selon la formule suivante :

$$H' = - \sum_{i=1}^{i=n} Pi \times \log_2 Pi$$

Où
 P_i : Fréquence relative d'occurrence de chaque item alimentaire
 n : Nombre d'items alimentaire identifiés

III.4.5. Indice d'équitabilité

L'indice d'équitabilité a été intégré à notre analyse afin d'évaluer la répartition relative des différents items alimentaires identifiés dans le régime de la hyène rayée. Contrairement à l'indice de diversité, qui combine richesse et abondance, l'équitabilité permet de déterminer dans quelle mesure les ressources alimentaires sont utilisées de façon homogène. Cet indice apporte ainsi une information complémentaire en précisant si l'alimentation repose sur une variété de proies réparties de manière équilibrée ou, au contraire, dominée par quelques items spécifiques. Cet indice varie entre 0 et 1 : une valeur proche de zéro indique une forte dominance d'un petit nombre de proies, tandis qu'une valeur proche de 1 reflète une consommation plus homogène et répartie entre les différents items alimentaires. Cet indice est calculé selon la formule proposée par Ramade (2003) :

$$E = \frac{H'}{H_{\max}} \quad \text{avec} \quad H_{\{max\}} = \text{Log}_{\{2\}} S$$

Où E : Indice d'équitabilité
 H' : Indice de diversité de Shannon
 Hmax : diversité maximale

III.4.6. Test d'indépendance de khi-deux

Le test du khi-deux (χ^2) d'indépendance a été utilisé pour vérifier s'il existe une différence significative dans l'apparition de proies ingérées par la hyène au cours des quatre saisons. Ce test permet de comparer des échantillons indépendants en mesurant l'écart entre les fréquences observées des différents items alimentaires (nombre d'apparitions) et les fréquences attendues si la composition du régime alimentaire ne varie pas selon la saison. Il est particulièrement adapté à l'analyse de variables qualitatives. La formule utilisée est la suivante :

$$\chi^2 = \sum \frac{(obs - exp)^2}{exp}$$

Où obs : valeur observée
 exp : valeur attendue

III.5. Résultats

III.5.1. Occupation spatiale par la hyène rayée

III.5.1.1. Techniques directes (observations visuelles)

La hyène rayée n'a été observée qu'une seule fois à l'intérieur de la réserve au cours des prospections de terrain.

Deux autres observations ont été faites à proximité de la réserve où les individus ont été piégés accidentellement dans des pièges à sanglier. Ces observations confirment la présence active de l'espèce dans et autour de la zone d'étude.

III.5.1.2. Techniques indirectes

- **Crottes** : les crottes ont été principalement localisées à proximité des tanières et des zones rocheuses, mais parfois dispersées sur les pistes. Elles se présentent le plus souvent sous une forme arrondie, avec des extrémités effilées à l'avant comme à l'arrière (Fig.20). Cependant, elles peuvent parfois apparaître sous un aspect plus cylindrique et allongé, comportant plusieurs renflements le long du segment. Leur

couleur varie selon l'état : elles sont généralement brunes grisâtres lorsqu'elles sont fraîches, puis deviennent blanchâtres après dessiccation. La longueur des crottes est très variable, allant d'environ 3 à 6.3 cm, pour un diamètre de 1 et 5.3 cm. Ces variations morphologiques sont souvent liées à la nature des aliments ingérés. De plus, les différences de taille remarquée sur la longueur et l'épaisseur, traduisent la présence de plusieurs individus appartenant à des classes d'âge différentes.



Figure 20 : Différentes formes de crottes de la Hyène rayée dans la réserve de chasse de Tlemcen (Originale)

- **Tanières :** Durant nos prospections de terrain, nous avons rencontrée plus de 17 tanières sur le territoire de la réserve. Certaines sont creusées directement dans le sol, tandis que d'autres sont situées dans des cavités rocheuses. Ces tanières sont situées généralement dans des endroits sécurisés et calmes où la végétation est modérément dense, bien exposée au soleil et offrant un certain abri. Seulement cinq tanières étaient occupées par la hyène rayée, occupation confirmée par la présence des empreintes fraîches, poils, crottes, et reste de carcasse.
- **Traces :** contrairement aux crottes les empreintes ont été observées dans la quasi-totalité des pistes et sentiers, y compris dans les zones forestières de la région d'étude. Elles présentent une forme globalement ovale, légèrement allongée, et comportent quatre doigts bien distincts, se terminant par des griffes fines bien marquées. La trace plantaire se distingue par la présence d'un coussinet postérieur en forme de cœur, étroitement rapproché des quatre doigts, lesquels apparaissent presque liés les uns aux autres (Fig. 21).



Figure 21 : Empreintes de la hyène rayée a- dans le substrat humide, b- dans le substrat sableux (Originale)

- **Coexistence avec d'autres carnivores**

Chez les carnivores, il est bien établi que les dépôts d'excréments constituent un moyen efficace de délimitation et de défense du territoire. Lors des prospections réalisées le long des transects, nous avons observé plusieurs cas d'overmarking, phénomène correspondant au dépôt des excréments d'une espèce sur ceux d'une autre. Ce comportement a été particulièrement noté entre la hyène rayée (*Hyaena hyaena*) et le loup doré d'Afrique (*Canis anthus*) (Fig. 22), où chaque espèce déposait ses excréments sur ceux de l'autre. Ces observations suggèrent une interaction territoriale ou une forme de compétition spatiale entre les deux espèces.



Figure 22 : Overmarking au niveau de la RCT. La crotte du Loup doré d'Afrique (noire) au-dessus de celle de la Hyène rayée (blanche) (Originale)

III.5.2. Cartographie d'habitat

Pour mieux déterminer le territoire utilisé par la hyène rayée et identifier les habitats qu'elle privilégie à l'intérieur de la réserve, nous avons procédé à la cartographie des empreintes, crottes et terriers observés. La figure 23 indique la répartition des différents indices de présence relevés dans la réserve. Les empreintes apparaissent largement dispersées sur l'ensemble du territoire, tandis que les crottes et les tanières présentent une distribution plus localisée, concentrée principalement dans la partie nord de la réserve, notamment les zones de Souamâa, Boumedrer, Beni Seghir et Barghout.

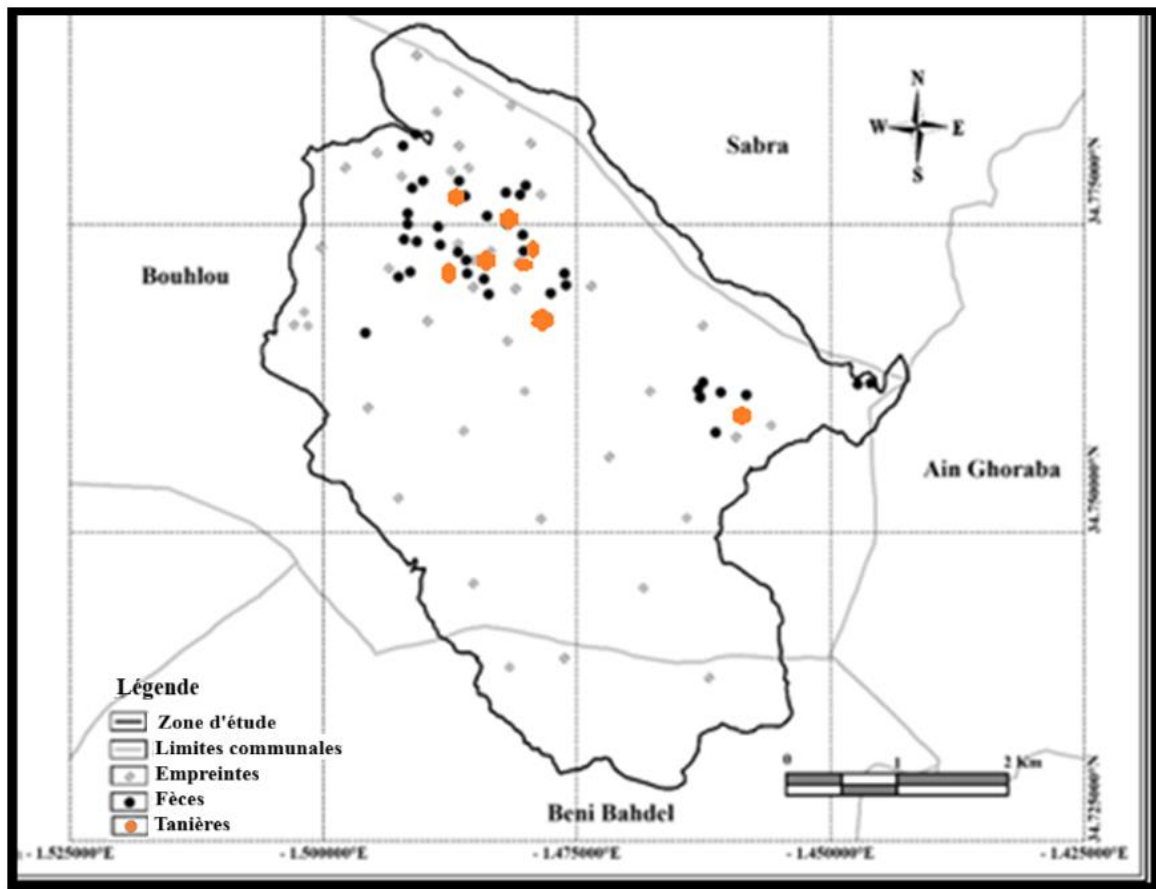


Figure 23 : Carte de répartition des indices de présence de la Hyène rayée au sein de la réserve de chasse Tlemcen

III.5.3. Composition du régime alimentaire

Un total de 197 échantillons de fèces de la hyène rayée a été collecté durant une période de trois ans. Leur analyse a fourni des informations précieuses sur le régime alimentaire de la hyène, au sein de la RCT, et ont permis d'identifier 740 proies appartenant à 37 taxons distincts, ainsi que la présence de déchets organiques et de particules de sol (Tab.8).

Parmi les proies identifiées figurent 17 espèces de mammifères, dont trois espèces domestiques : le mouton (*Ovis aries*), le bœuf (*Bos taurus*) et le chat domestique (*Felis catus*). En parallèle, 14 espèces végétales ont également été trouvées dans les échantillons, principalement représentées par des fruits et graines de *Chamaerops humilis*, *Arbutus unedo*, *Prunus persica*, *Ceratonia siliqua*, *Juniperus oxycedrus*, *Rosa* sp, *Prunus armeniaca*, *Cucumis melo* et *Citrullus lanatus*.

Trois familles d'insectes ont également été identifiées : les Carabidae, les Scarabaeidae et les Buprestidae. En fin, un seul oiseau domestique, le poulet (*Gallus gallus domesticus*), a été détecté.

L'analyse quantitative des fèces révèle que la majorité des échantillons, jusqu'à 84 %, contenaient entre deux et six items alimentaires. Plus précisément, 27,92 % contenaient quatre items, 21,83 % en contenaient trois, 18,27 % deux, 16,24 % cinq et 11,17 % six. Une proportion plus faible (3,05 %) ne contenait qu'un seul item, tandis que les fèces contenant sept (1,02 %) ou huit (0,51 %) éléments alimentaires étaient rares (Fig. 24).

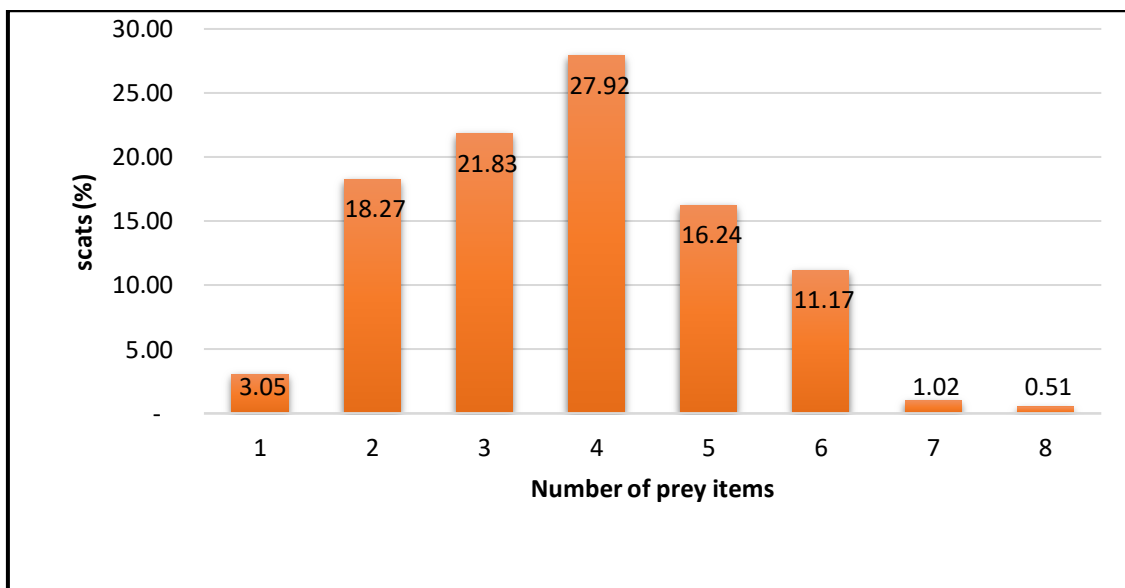


Figure 24 : Nombre d'items par fèces de la hyène rayée dans la réserve de chasse de Tlemcen

Les items alimentaires identifiés ont été classés en neuf grandes catégories à savoir : les mammifères sauvages, les mammifères domestiques, les insectes, les oiseaux, les reptiles, les fruits et graines, autres plantes, les déchets organiques et particules de sol. Ces différentes catégories ne sont pas représentées en proportions égales dans les fèces analysées, et certaines d'entre elles, notamment les éléments végétaux ou abiotiques, présentent une valeur nutritive négligeable.

En effet, l'analyse des résultats révèle une nette prédominance des mammifères dans le régime alimentaire de la hyène rayée. Bien que les végétaux affichent une fréquence d'occurrence légèrement supérieure à celle des mammifères (39,46 % contre 32,43 %) (Fig.25), leur contribution à la biomasse totale consommée reste marginale (4,11 %) (Fig.26). À l'inverse, les mammifères, bien que légèrement moins fréquents dans les échantillons, représentent la quasi-totalité de la biomasse ingérée (94,52%). Parmi ceux-ci, les mammifères sauvages constituent la composante principale du régime alimentaire, avec une contribution de 78,24 % à la biomasse totale et une fréquence d'occurrence de 26,89 % (Tab.8).

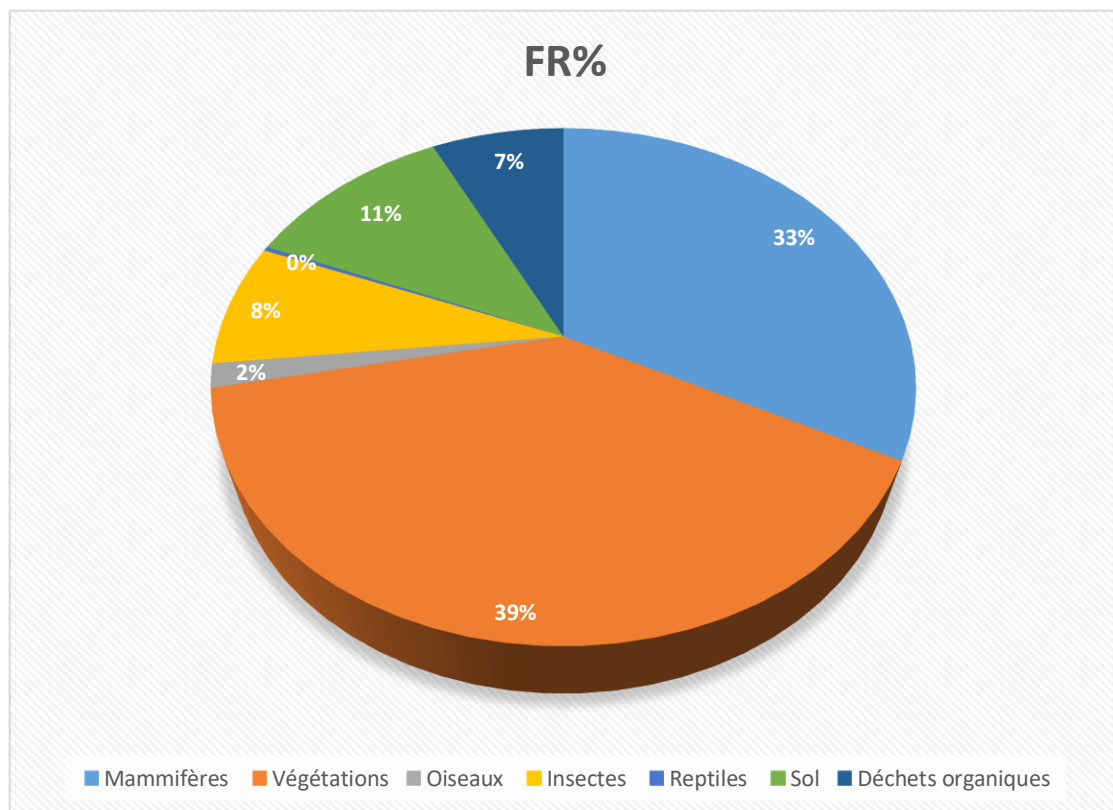


Figure 25 : Fréquences relatives d'apparition des différentes catégories de proies de la hyène rayée dans la réserve de chasse de Tlemcen

Parmi les mammifères sauvages identifiés, le sanglier (*Sus scrofa*) constitue la proie la plus consommée par la hyène rayée. Il a été détecté dans 34,52 % des échantillons, avec une fréquence d'occurrence de 9,19 %, et représente à lui seul 36,29 % de la biomasse totale consommée, ce qui souligne sa haute valeur énergétique (Tab.8).

Le renard roux (*Vulpes vulpes*) et le lapin de garenne (*Oryctolagus cuniculus*) occupent respectivement les deuxième et troisième places, avec des fréquences d'occurrence

respectives de 2,84 et 3,92 % et des contributions à la biomasse de 14,80 et 8,80 %. Toutefois, *Oryctolagus cuniculus* présente une fréquence d'occurrence plus élevée que *Vulpes vulpes*, ce qui indique une consommation plus régulière mais apportant une valeur énergétique moindre. Le daim (*Dama dama*) suit avec une contribution de 6,13 % à la biomasse, pour une fréquence d'occurrence de 1,35 %.

En dehors de ces principales espèces de grande taille et de taille moyenne, plusieurs autres taxons de mammifères sauvages ont été identifiés, bien que leur fréquence d'apparition et leur contribution à la biomasse soient nettement plus faibles. C'est notamment le cas de Lièvre (*Lepus capensis*), le chat sauvage (*Felis lybica*), la genette (*Genetta genetta*), le porc épic (*Hystrix cristata*) et le hérisson d'Algérie (*Atelerix algirus*). Certaines, comme *Atelerix algirus*, n'ont été détectées que dans un ou deux échantillons.

Les petits mammifères, en particulier les rongeurs, sont également bien représentés. Bien que leur contribution à la biomasse totale reste limitée. Quatre espèces de rongeurs ont été clairement identifiées, parmi elles, le rat noir (*Rattus rattus*), le Souris domestique (*Mus musculus*) et le mulot sylvestre (*Apodemus sylvaticus*) sont les plus fréquentes, avec des fréquences d'apparition respectives de 2,30, 2,03 et 1,89 %. Par contre, *Lemniscomys barbarus*, n'a été observée qu'occasionnellement.

En plus des mammifères sauvages, la hyène rayée consomme également des mammifères domestiques, mais dans une moindre mesure. Ces derniers apparaissent dans 3,51 % des échantillons et représentent une part non négligeable de la biomasse totale, soit 15 %. Cette catégorie est dominée par les bovins et les ovins, qui présentent chacun une fréquence d'apparition de 1,62 %, avec une contribution respective à la biomasse de 7,63 et 6,73 %.

Les oiseaux, quant à eux, apparaissent de manière marginale dans le régime alimentaire, avec une fréquence d'apparition de 1,49 % et une contribution à la biomasse de 1,16 %.

Les insectes présentent une fréquence d'apparition relativement élevée (7,70 %), mais leur apport énergétique reste très faible, avec une contribution à la biomasse de seulement 0,13 %.

En fin, parmi les vertébrés, les reptiles ne sont apparus que de manière exceptionnelle, avec une fréquence d'apparition de 0,27 %, et une contribution négligeable à la biomasse totale.

Au-delà des proies animales, des végétaux sont également consommés par la hyène rayée, mais avec des proportions moindres. Les fruits et graines représentent 13,78 % de la fréquence relative d'apparition, et ne contribuent qu'à 2,02 % de la biomasse totale. Parmi les espèces identifiées, *Chamaerops humilis* est la plus fréquemment rencontrée (4,19 %), suivie par *Arbutus unedo* (2,03 %) et *Prunus persica* (1,76 %). Certaines espèces, bien que moins

fréquemment observées, présentent une contribution plus importante à la biomasse, comme *Juniperus oxycedrus* (1,03 %), suggérant une valeur nutritionnelle plus élevée.

Les feuilles et autres parties végétatives des plantes sont plus représentées en termes de fréquence d'apparition, atteignant 21,62 %, mais leur contribution à la biomasse reste faible (1,73 %). Ce groupe est dominé par les graminées, en particulier l'herbe grasse, qui représente à elle seule 13,24 % de la fréquence d'apparition et 1,14 % de la biomasse totale.

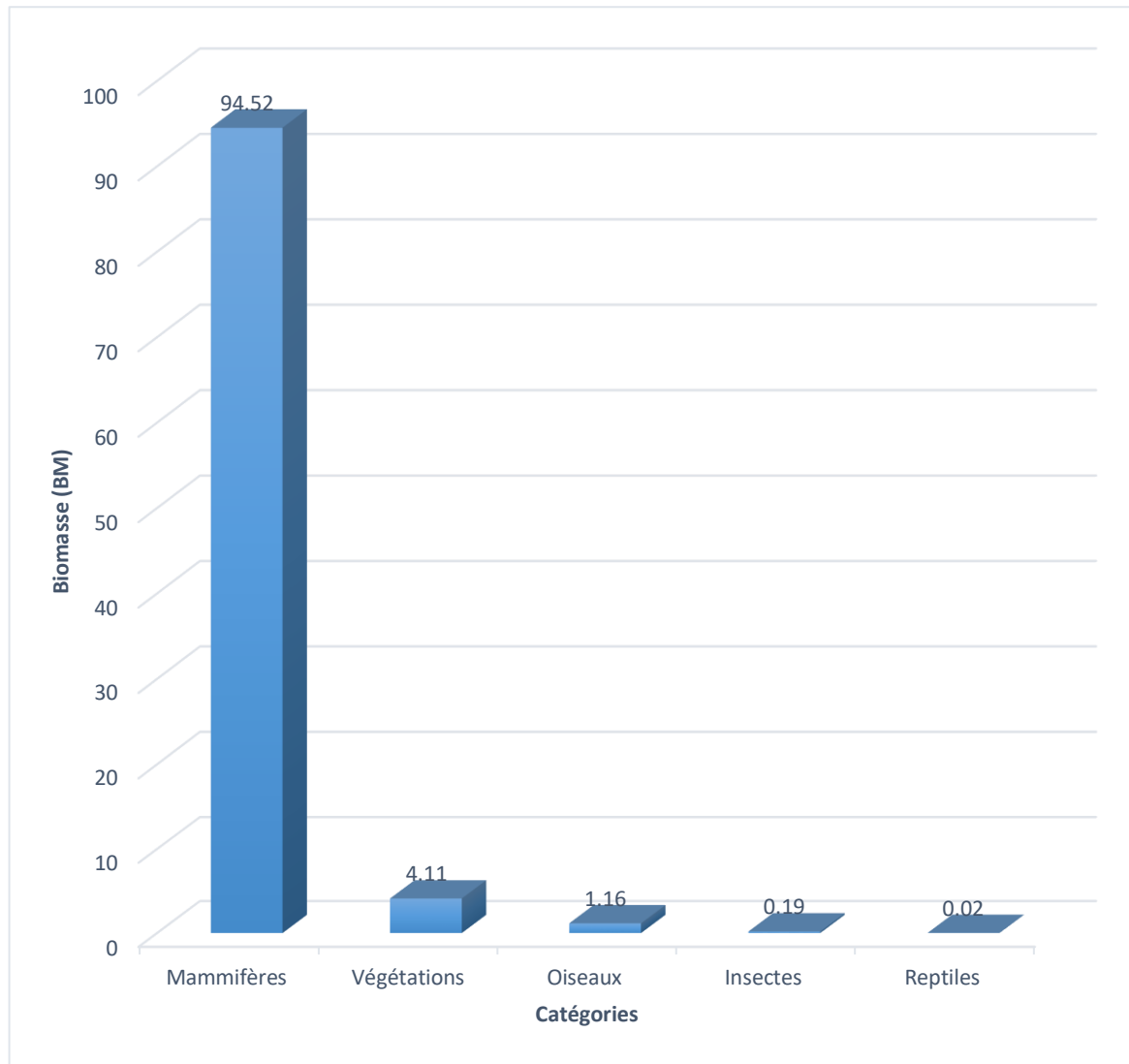


Figure 26 : Biomasse des différentes catégories de proies ingérées par la Hyène rayée dans la réserve de chasse de Tlemcen

Tableau 8 : Composition annuelle du régime alimentaire de la Hyène rayée dans la réserve de chasse de Tlemcen. n : nombre d'apparition de chaque items, FR (%) : fréquence relative d'occurrence, BM(%) : biomasse, FI (%) : fréquence d'occurrence

Items alimentaires	n	FR (%)	BM (%)	FI (%)
Mammifères sauvages	199	26,89	78,24	82,74
<i>Sus scrofa</i>	68	9,19	36,29	34,52
<i>Vulpes vulpes</i>	21	2,84	14,80	10,66
<i>Dama dama</i>	10	1,35	6,13	5,08
<i>Oryctologus cuniculus</i>	29	3,92	8,80	14,72
<i>Lepus capensis</i>	4	0,54	1,24	2,03
<i>Felis lybica</i>	6	0,81	0,58	3,05
<i>Genetta genetta</i>	3	0,41	1,95	1,52
<i>Hystrix cristata</i>	4	0,54	0,98	2,03
<i>Atelerix algirus</i>	2	0,27	1,02	1,02
<i>Apodemus sylvaticus</i>	14	1,89	1,92	7,11
<i>Rattus rattus</i>	17	2,30	2,41	8,63
<i>Mus musculus</i>	15	2,03	1,54	7,61
<i>Lemniscomys barbarus</i>	5	0,68	0,45	2,54
<i>Mustela nivalis</i>	1	0,14	0,13	0,51
Mammifères domestiques	26	3,51	15,01	13,2
<i>Bos Taurus</i>	12	1,62	7,63	6,09
<i>Ovis aries</i>	12	1,62	6,73	6,09
<i>Felis catus</i>	2	0,27	0,65	1,02
Animaux indéterminés	15	2,03	1,27	7,61
Oiseaux	11	1,49	1,16	5,58
Insectes	57	7,70	0,19	28,93
Reptiles	2	0,27	0,02	1,02
Total des proies animales	310	41,89	95,90	-
Fruits et graines	102	13,78	2,02	51,78
<i>Chamaerops humilis</i>	31	4,19	0,09	15,74
<i>Juniperus oxycedrus</i>	9	1,22	1,03	4,57
<i>Rosa sp</i>	7	0,95	0,03	3,55
<i>Ceratonia siliqua</i>	10	1,35	0,12	5,08
<i>Arbutus unedo</i>	15	2,03	0,32	7,61
<i>Prunus persica</i>	13	1,76	0,27	6,6
<i>Prunus armeniaca</i>	6	0,81	0,07	3,05
<i>Citrullus Lanatus</i>	2	0,27	0,03	1,02
<i>Oléa eureupea</i>	1	0,14	0,00	0,51
<i>Solunum lycopersicum</i>	4	0,54	0,02	2,03
<i>Cucumis melo</i>	3	0,41	0,02	1,52
<i>Vitis vinifera</i>	1	0,14	0,01	0,51
Feuilles des plantes	160	21,62	1,73	81,22
<i>Quercus ilex</i>	39	5,27	0,27	19,8
<i>Quercus faginea</i>	12	1,62	0,08	6,09
<i>Quercus Suber</i>	2	0,27	0,07	1,02
Grass	98	13,24	1,14	49,75
Forage	9	1,22	0,17	4,57
Végétaux indéterminés	30	4,05	0,37	15,23
Total des items végétaux	290	39,19	4,12	147,21
Sol	84	11,35	-	42,64
Déchets organiques	54	7,30	-	27,41
Grand total	740	100,00	100,00	-

III.5.4. Variations saisonnières du régime alimentaire

Le test du khi-deux (χ^2), appliqué à l'ensemble des données (Tab.9), met en évidence une variation saisonnière globale hautement significative dans l'alimentation de la hyène rayée ($\chi^2=323.25$; ddl=120 ; $p<0.001$). L'analyse séparée par catégorie révèle que la végétation ($\chi^2=176.66$; ddl= ; $Q^2=0.87$; $p<0.0001$) et les mammifères ($\chi^2=107.48$; $Q^2=0.42$; $p<0.001$) subissent des fluctuations significatives au fil des saisons, ce qui traduit une forte dépendance saisonnière.

La consommation d'oiseaux ($\chi^2 = 3,90$; ddl = 3 ; $p = 0,273$), ainsi que les insectes ($\chi^2 = 2,02$; ddl = 3 ; $p = 0,568$) et les reptiles ($\chi^2 = 5,41$; ddl = 3 ; $p = 0,144$) ne semble pas varier au cours des saisons et il apparaît que la disponibilité ou l'utilisation de ces proies est assez homogène au cours de l'année.

En revanche, la catégorie "Sol" ($\chi^2= 61,41$; ddl = 3 ; $p < 0,001$) présente des variations saisonnières importantes contrairement aux "Déchets" ($\chi^2 = 3,77$; ddl = 3 ; $p = 0,287$) qui ne montrent pas de tendance significative. Ces résultats soulignent que certaines ressources, telles que la végétation et les mammifères, sont exploitées de manière opportuniste selon la disponibilité saisonnière, alors que d'autres, comme les oiseaux, les insectes et les reptiles, constituent des apports plus réguliers et stables dans le régime alimentaire annuel de la hyène rayée (Fig.27).

Tableau 9 : Test du χ^2 appliqué aux différentes catégories alimentaires de la hyène rayée

Catégorie	χ^2	DDI	p-value	Interprétation
Globale	323,25	120	<0,001	Variation saisonnière très significative
Végétation	176,66	51	<0,001	Variation saisonnière marquée
Mammifères	107,48	51	<0,001	Variation saisonnière marquée
Sol	61,41	3	<0,001	Variation saisonnière marquée
Oiseaux	3,9	3	0,273	pas de variation significative
Déchets	3,77	3	0,287	pas de variation significative
Reptiles	5,41	3	0,144	pas de variation significative
Insectes	2,02	3	0,568	pas de variation significative

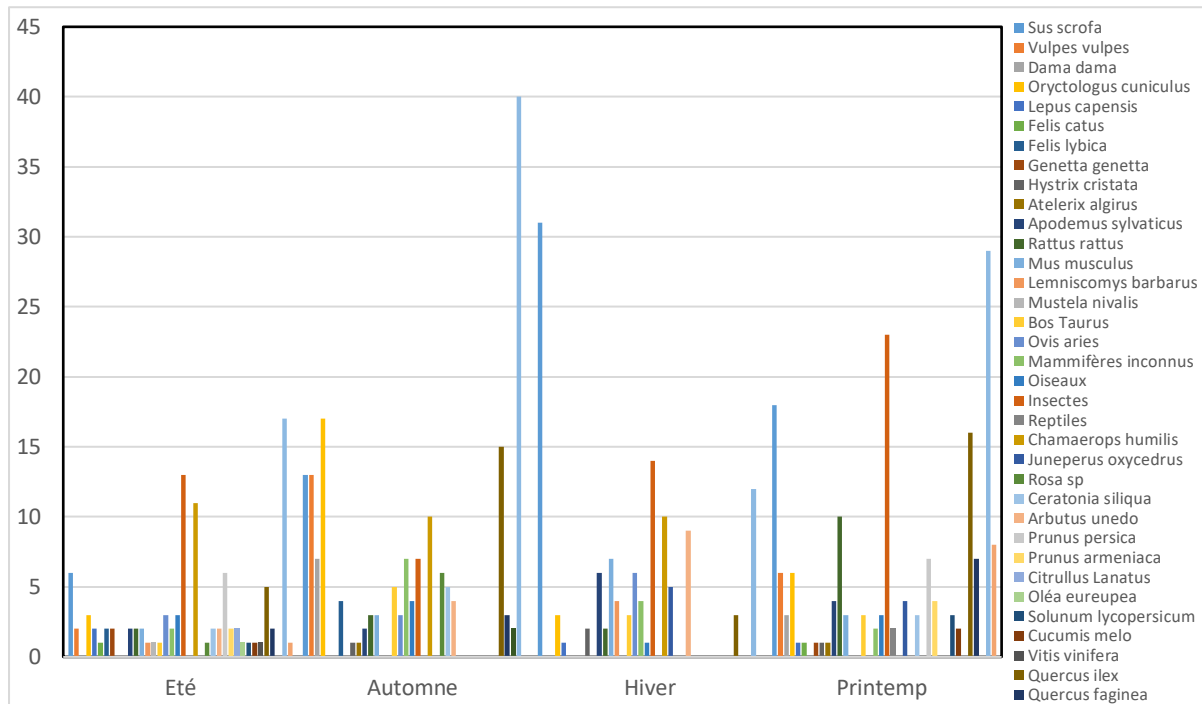


Figure 27 : Variations saisonnières du régime alimentaire de la hyène rayée dans la réserve de chasse de Tlemcen

III.5.4.1. Période estivale

Durant la saison estivale, 51 échantillons de crottes ont été collectés, au cours des trois années de terrain, et analysés. Les résultats montrent un contraste marqué entre la fréquence relative d'occurrence (FR) et la biomasse (BM) des items ingérés. Les mammifères sauvages, bien que moins fréquents que les fruits et graines (FR = 19.40% contre 22.06 %), dominent largement en biomasse (66.36 %). Dans cette catégorie, *Sus scrofa* est l'espèce la plus représentée (Fr= 4.48% ; BM=25.63%), suivi par *Oryctologus cuniculus* (Fr=2.24 % ; BM=7.63%). Les mammifères domestique suivent le même schéma, avec une fréquence d'occurrence de 2.98% et une biomasse notable (17.49%). Concernant la végétation, l'été se distingue par la plus grande diversité spécifique avec la présence de nombreuses espèces. Les fruits et graines apparaissent souvent (Fr=22.06%) mais représentent une part réduite de la biomasse (3.36%), dominées par le *Chamaerops humilis* (Fr= 8.21 % ; BM= 3.66). On note également la présence d'*Arbutus unedo*, *Prunus persica*, *Prunus armeniaca*, *Citrullus lanatus*, *Olea eureupea*, *Vitis vinifera*, *Solanum lycopersicum* et *Cucumis melo*. Parmi ces espèces, certaines comme *Citrullus lanatus*, *Olea eureupaea* et *Vitis vinifera*, sont exclusives à la saison estivale. Les oiseaux présentent une fréquence relative d'occurrence de 2.24 % pour une biomasse de 3.46%, tandis que les insectes (Fr= 9.70%) et la végétation indéterminées

(FR=6.71 %) affichent des biomasses très faibles (0.51 % et 1.34 % respectivement). Les déchets et les particules de sol sont également présents mais en proportions négligeable (Fig. 28).

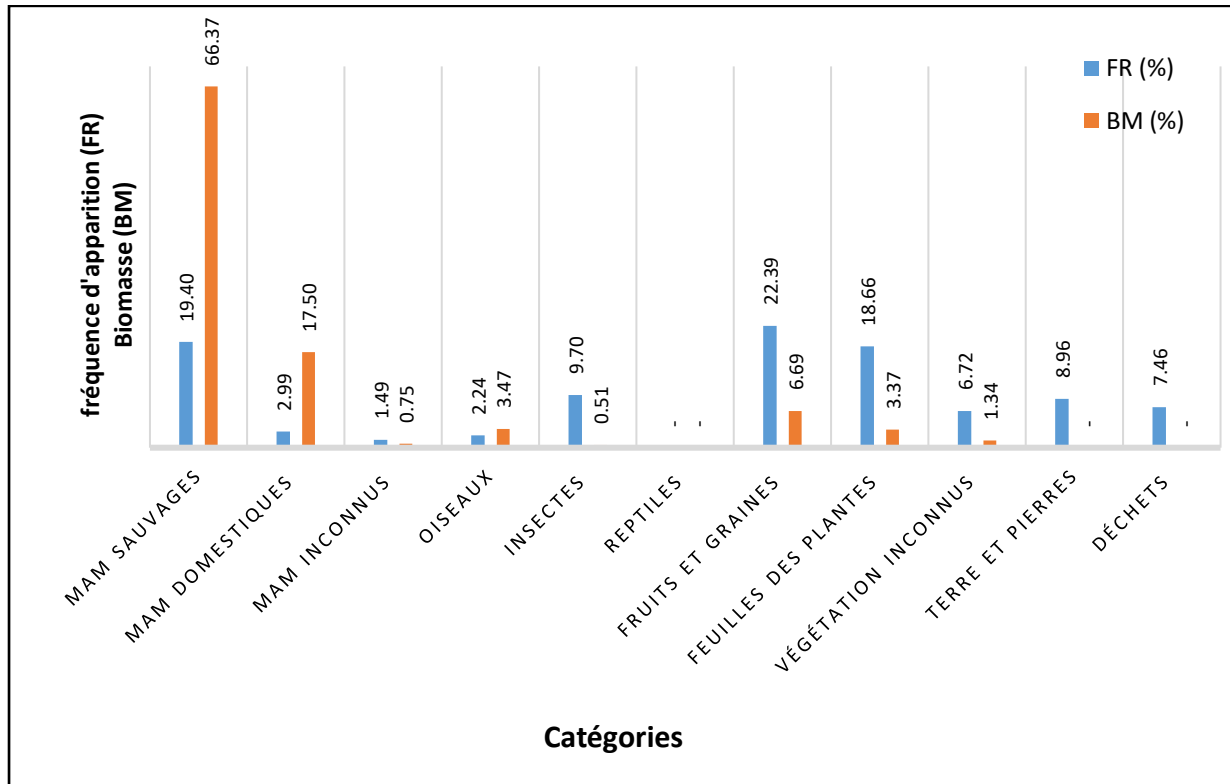


Figure 28 : Composition du régime alimentaire de la hyène rayée en période estivale en fonction de la fréquence relative d'apparition (FR) et la biomasse (BM)

III.5.4.2. Période Automnale

Soixante-sept (67) fèces, appartenant à cette saison, ont fait l'objet d'analyse. Les résultats obtenus révèlent une nette prédominance des mammifères sauvages, avec une fréquence relative d'occurrence de 27.95 % et une biomasse très élevée (80.26%). Parmi eux, l'*Oryctolagus cuniculus* est l'espèce la plus fréquente dans le régime automnal (FR=7.42 %), tandis que *Vulpes vulpes* et *Sus scrofa* dominent en termes de biomasse (24.73% et 20.70% respectivement). les mammifères domestiques suivent, avec une fréquence de 3.49% pour une biomasse de 15.80%. Les feuilles de plantes occupent également une place importante dans le régime automnal, avec une fréquence (FR) de 26.20% mais une biomasse très faible (1.58%). Les fruits et graines apparaissent avec une fréquence relative d'occurrence de 10.92 % pour une biomasse limitée (1.60%), dominée par le *chamaerops humilis* (FR=4.37 % ; BM=0.99

%). Les oiseaux sont peu représentés (FR= 1.65% ; BM= 0.65 %), de même que les insectes (FR=3.06 % ; BM=0.07%) (Fig. 29).

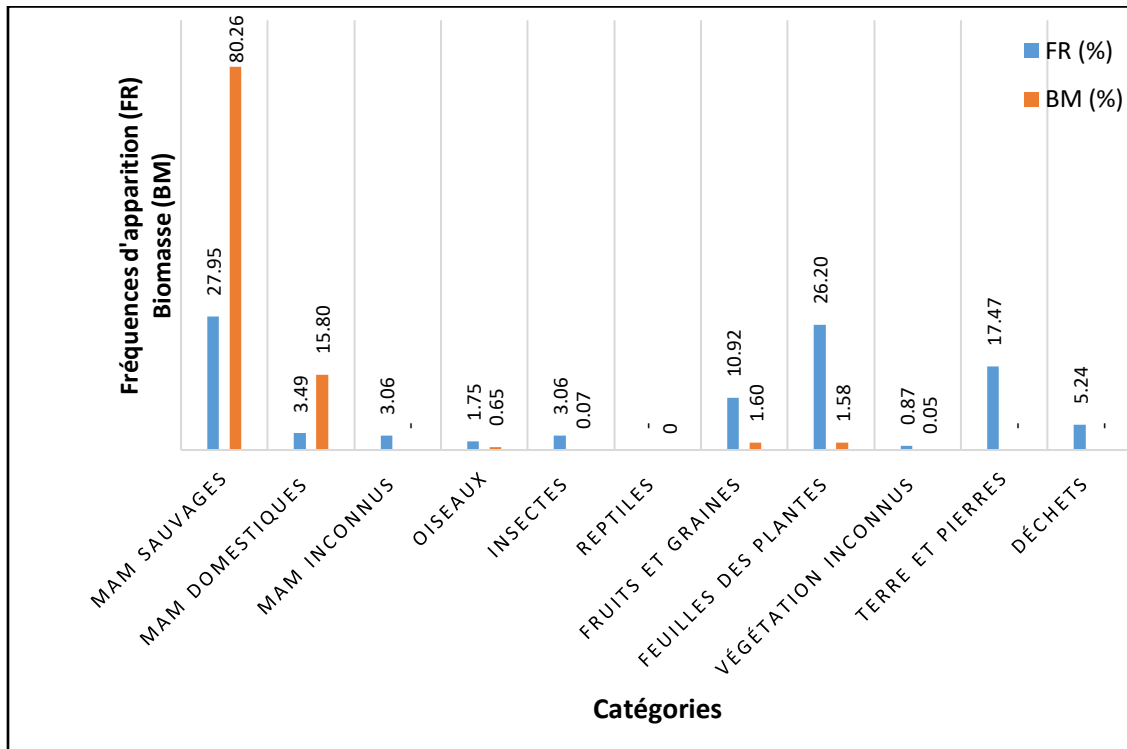


Figure 29 : Composition du régime alimentaire de la hyène rayée en période automnale en fonction de la fréquence relative d'apparition (FR) et la biomasse (BM)

III.5.4.3. Période hivernale

La saison hivernale a connu la récolte de 49 crottes. L'analyse coprologique de ces derniers a montré que la catégorie des mammifères sauvages reste au sommet du spectre alimentaire (FR= 30.77 % ; BM= 74.38 %) où *Sus scrofa* domine largement avec 17.03 % de fréquence relative d'occurrence et 58.25 % de biomasse. Les mammifères domestiques représentés par *Bos taurus* et *Ovis aries* occupent la deuxième position (Fr=4.95% ; BM=21.48 %). La contribution des fruits et graines reste notable (Fr= 13.19 % ; BM=2.24%), dominés par *Chamaerops humilis* (Fr= 5.49 % et 1.29% de biomasse) suivi par *Arbutus unedo* (Fr=4.95% et BM=0.065). Les feuilles de plantes atteignent 8.24 % de fréquence et 0.71% de biomasse, tandis que les insectes et les oiseaux restent marginaux. Enfin les éléments non nutritives sont représentés par les particules de sol et les déchets avec 13.19% et 8.74% de fréquence relative d'occurrence (Fig. 30).

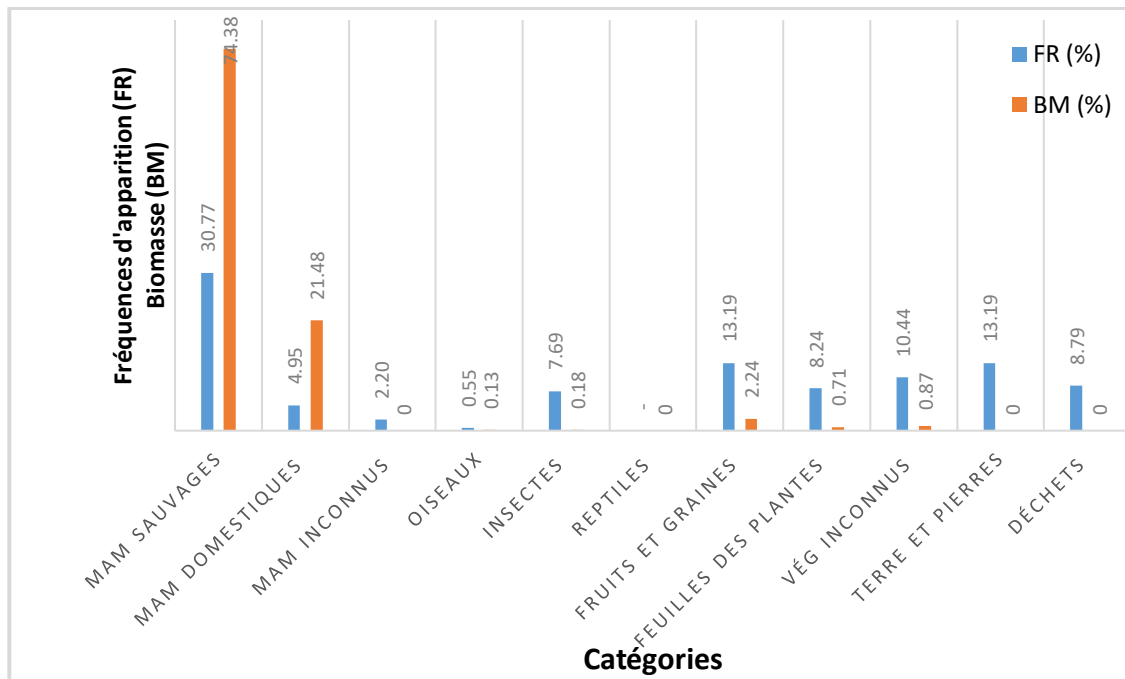


Figure 30 : Composition du régime alimentaire de la hyène rayée en période hivernale en fonction de la fréquence relative d'apparition (FR) et la biomasse (BM)

III.5.4.4. Période printanière

Lors de la saison printanière, nous avons pu collecter des échantillons de 50 crottes dont l'examen des items indique toujours la prédominance des mammifères sauvages dans le spectre alimentaire de la hyène rayée (Fr= 27.84 % ; BM= 85.18 %). *Sus scrofa* reste l'espèce la plus représentée (Fr=9.28 % ; BM= 29.02 %), suivie par *Vulpes vulpes* (Fr= 3.09 % ; BM=9.86 %) et *Oryctolagus cuniculus* (Fr=3.09 % ; BM=9.86%). La présence de *Rattus rattus* est également notable dans cette saison avec 5.15% de fréquence relative d'occurrence. Les mammifères domestiques demeurent marginaux (Fr=1.55 % ; BM=8.48 %).

En ce qui concerne la végétation, on note l'absence du *Chamaerops humulis*, pourtant bien représenté dans les autres saisons, mais l'apparition de plusieurs espèces fruitières : *Prunus persica* (Fr=3.61 % ; BM= 0.38 %), *Prunus armeniaca* (Fr=2.06 % ; BM=0.29 %) et *Juniperus Oxycedrus* (Fr=2.06 % ; BM= 0.18 %). Les feuilles de plantes occupent une place importante dans le régime alimentaire printanier (Fr=30.93 % ; BM= 2.90 %) où les graminées occupent la place principale avec (Fr=14.95 % ; BM=2.9 %) suivies par *Quercus ilex* (Fr=8.29 % ; BM=0.42 %) et d'autres espèces arborées.

Les autres catégories, telles que les oiseaux (Fr= 1.55 %), les insectes (Fr=11.86 %), les reptiles (Fr=1.03 %) sont faiblement consommés. Il est toutefois à noter que les reptiles n'ont

été observés qu'au printemps. Enfin les éléments non alimentaires, tels que les particules de sol (Fr=8.25 %) restent secondaires (Fig. 31).

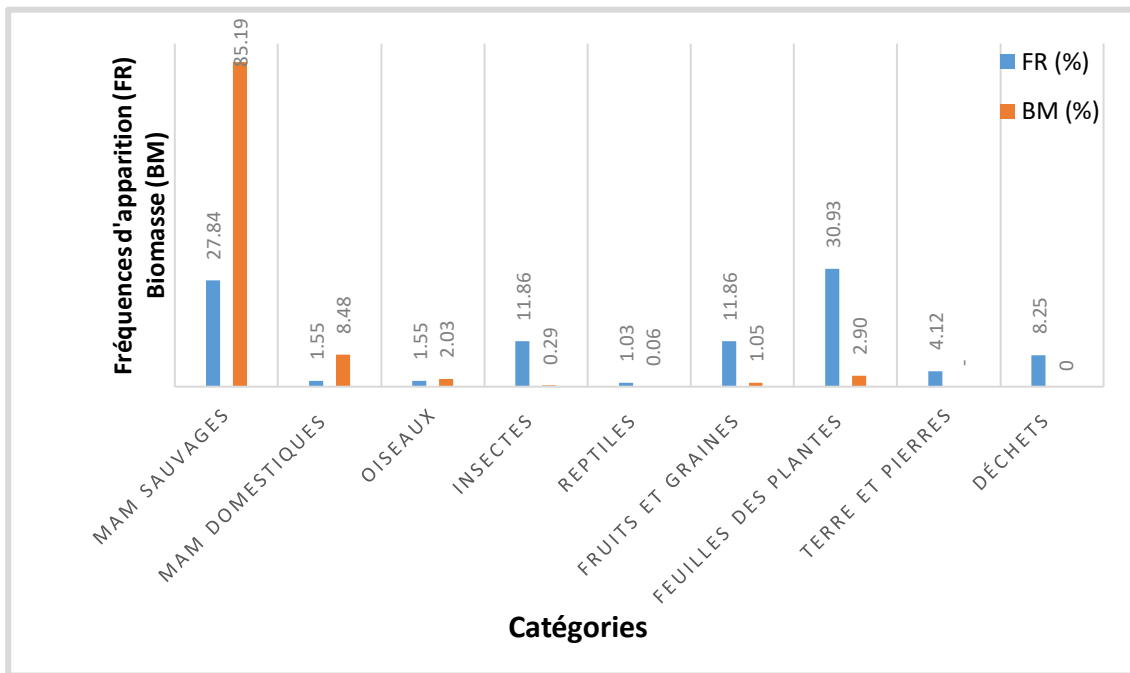


Figure 31 : Composition du régime alimentaire de la hyène rayée en période printanière en fonction de la fréquence relative d'apparition (FR) et la biomasse (BM)

III.5.5. Diversité et équitabilité

L'étude des indices de diversité associés au régime alimentaire de la hyène rayée révèle une importante variation saisonnière. En termes de richesse spécifique, on enregistre 18 espèces consommées en hiver, 22 en automne, 29 au printemps et 31 en été (Fig. 32). L'indice de diversité de Shannon (H') évolue de manière similaire avec un minimum de 1.98 en hiver et un maximum de 2.88 en été alors que les valeurs des saisons intermédiaires sont proches en automne ($H'=2.69$) et au printemps ($H'=2.62$). Concernant la valeur de l'indice d'équitabilité (E), son évolution est un peu différente puisque pour cet indice, la valeur la plus élevée est mesurée en automne ($E=0.87$), suivie de celle de l'été ($E=0.84$) et du printemps ($E=0.78$) alors que la valeur en hiver est la plus faible ($E=0.69$). L'ensemble de ces résultats indique que l'été présente les valeurs les plus élevées pour la richesse et la diversité, alors que l'hiver enregistre les valeurs les plus faibles pour les trois indices.

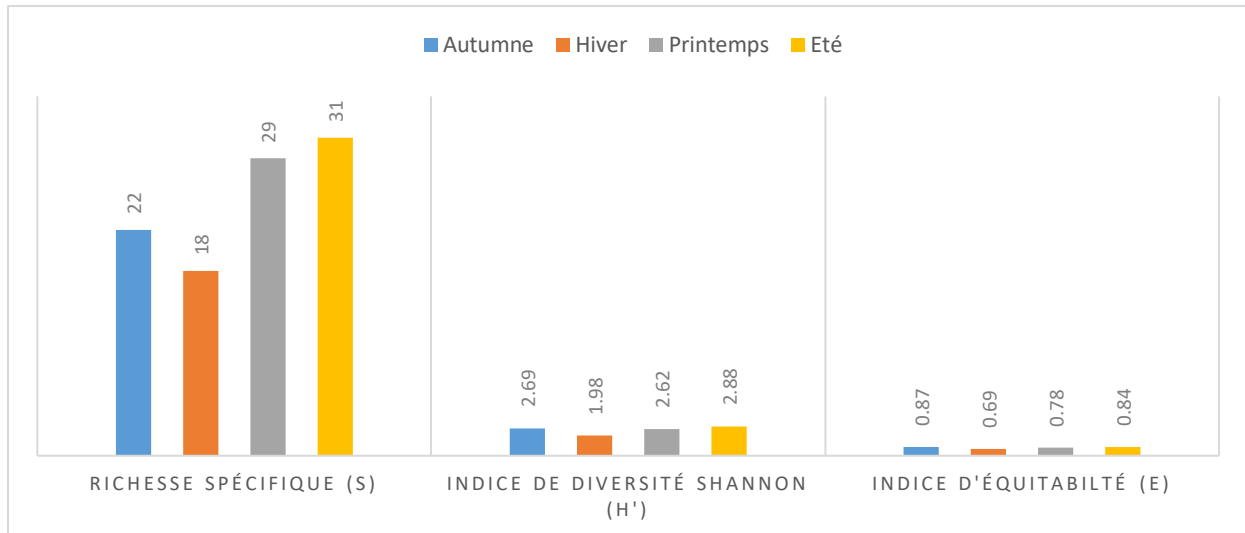


Figure 32 : Richesse spécifique, Indice de diversité de Shannon et Indice d'équitabilité des proies ingérées par la hyène rayée dans la réserve de chasse de Tlemcen

III.6. Discussion

Du point de vue de l'occupation de l'espace, la hyène rayée délimite son territoire principalement par l'intermédiaire de ses excréments, généralement déposés au ras du sol ou sur la végétation basse. La majorité des fèces observées se situent à proximité immédiate des tanières, à des distances variant entre 45 et 50 mètres, ce qui semble correspondre aux limites du territoire défendu par l'espèce.

La distribution des sites de défécation et des tanières, exclusivement localisés dans la partie nord de la réserve, suggère que cette zone constitue l'habitat principal de la hyène rayée, bien que l'espèce puisse parcourir l'ensemble du territoire de la réserve.

En tant que grand carnivore, la hyène rayée occupe effectivement toute la réserve, mais ses activités, en particulier la localisation des tanières et des sites de défécation, demeurent concentrées dans la partie nord. Cette préférence spatiale semble être dictée par plusieurs facteurs écologiques favorables, tels que la densité du couvert végétal, qui offre des zones d'abri et de repos, la tranquillité du milieu en raison de la faible activité humaine, ainsi que la disponibilité des ressources alimentaires. Ainsi, bien que l'espèce occupe l'ensemble du territoire de la réserve, le secteur nord constitue son noyau d'habitat privilégié, alliant sécurité, calme et accessibilité à la nourriture.

Enfin, les observations sur le terrain montrent que la hyène rayée et le loup doré d'Afrique peuvent partager certains espaces de ressources au sein de la réserve. La présence de crottes superposées (Overmarking), ainsi que les images capturées par les pièges photographiques montrant les deux espèces consommant un même cadavre (Fig. 33), confirment cette

proximité spatiale. Ce phénomène suggère que ces deux carnivores peuvent cohabiter au sein du même territoire. Cette coexistence est probablement facilitée par une répartition des ressources dans le temps ou l'espace, limitant ainsi la compétition directe et maintenant un certain équilibre écologique entre les deux espèces.



Figure 33 : Hyène rayée et loup doré d'Afrique partageant le même cadavre au niveau de la réserve de chasse de Tlemcen (Originale)

La présente étude propose un aperçu global du régime alimentaire de la hyène rayée dans la réserve de chasse de Tlemcen. Il s'agit de la première recherche consacrée à l'écologie trophique de cette espèce en Algérie et en Afrique du Nord. Afin de mieux contextualiser nos résultats, nous les avons comparés à ceux obtenus dans d'autres régions d'Afrique et d'Asie. Au total, les 197 échantillons de fèces analysés ont permis d'identifier 740 items alimentaires, répartis en neuf grandes catégories : mammifères sauvages, mammifères domestiques, insectes, oiseaux, reptiles, fruits et graines, autres plantes, déchets organiques, et particules de sol.

Parmi celles-ci, la catégorie des mammifères apparaît comme la plus importante, tant en termes de fréquence d'occurrence que de biomasse. Elle présente également la plus grande diversité spécifique, avec 17 proies différentes identifiées. Ce résultat est en accord avec celui de Bopanna (2013), qui a recensé 19 espèces de mammifères proies dans 1 460 échantillons de fèces collectés en Inde. En revanche, nos résultats surpassent ceux rapportés par Bhandari *et al.* (2020) au Népal, et par Mandal *et al.* (2018) en Inde, qui n'ont respectivement identifié que 9 espèces dans 68 et 86 échantillons.

Ces différences peuvent s'expliquer, en premier lieu, par la diversité des écosystèmes propres à chaque région, celle-ci influençant directement la richesse spécifique locale. Une plus grande variété d'habitats peut en effet abriter une faune plus diversifiée. Par ailleurs, l'écart observé dans la diversité des espèces détectées pourrait également résulter d'un effet de taille d'échantillonnage, un nombre plus élevé d'échantillons augmenterait les chances de détecter un plus grand nombre d'espèces.

Nos résultats ont montré que la hyène rayée adopte un régime alimentaire varié, composé de vertébrés de différentes tailles, allant de petits à moyens et grands. Elle se nourrit principalement de mammifères, tant sauvages que domestiques, ce qui corrobore les conclusions d'études antérieures menées dans diverses régions de son aire de répartition (Kruuk, 1976 ; Leakey *et al.*, 1999 ; Mandal *et al.*, 2018 ; Bhandari *et al.*, 2020 ; Mwebi *et al.*, 2024). La forte proportion de ces catégories alimentaires peut s'expliquer par leur haute valeur énergétique.

Les données issues de notre étude révèlent que le régime alimentaire de la hyène rayée comprend notamment le sanglier, le daim, le mouton et le bétail (grands mammifères), le renard roux, le lapin, le lièvre brun, les chats, la genette commune, le porc-épic à crête, l'herisson d'Afrique du Nord et la belette européenne (mammifères de taille moyenne), ainsi que divers rongeurs (petits mammifères). À cela s'ajoutent des fruits et graines, des insectes, des oiseaux, des reptiles, des particules de sol et des déchets. La consommation régulière de petits mammifères, d'insectes et de fruits a également été documentée par plusieurs auteurs (Kruuk, 1976 ; Wagner, 2006 ; Alam, 2011 ; Alam et Khan, 2015).

En comparaison avec d'autres études menées en Afrique, le régime alimentaire de la hyène rayée dans le Serengeti, au Kenya, inclut des buffles (très grands mammifères), des zèbres, des gnous, des kongonis, des topis (grands mammifères), des gazelles de Grant et de Thomson, ainsi que des impalas (mammifères de taille moyenne), sans oublier les dik-diks, les lièvres et les springboks (petits mammifères), les rongeurs et musaraignes (très petits mammifères), ainsi que des reptiles (lézards, serpents, tortues), des oiseaux, des insectes et des végétaux. Ces observations suggèrent une préférence marquée pour les mammifères de petite taille (Kruuk, 1976).

En Asie, notamment dans le parc national et sanctuaire de Gir (GNPS), en Inde, le régime alimentaire de la hyène rayée se compose de sambar, de chital, de buffles, de vaches, de lièvres, de rongeurs, de civettes, d'écureuils, de sangliers, de langurs, de chiens, ainsi que de paons, d'autres oiseaux, d'insectes, de fruits et d'herbes (Alam et Khan, 2015). Ces données

confirment que la disponibilité des ressources alimentaires varie considérablement selon la région géographique.

Parmi les mammifères identifiés, le sanglier (*Sus scrofa*) apparaît comme la proie la plus fréquemment consommée par la hyène rayée dans la RCT, avec une fréquence d'occurrence de 34,52 % et une contribution à la biomasse de 36,29 %. Ce résultat est cohérent avec la forte densité de sangliers observée sur le terrain durant nos travaux. La proportion élevée de cette espèce dans le spectre alimentaire de la hyène tout au long de l'année suggère qu'elle peut en partie chasser activement le sanglier, bien qu'elle le consomme probablement majoritairement sous forme de charogne. De manière similaire, Alam et Khan (2015) ont rapporté une consommation importante de sangliers dans le GNPS en Inde, ce qui renforce l'idée que cette espèce constitue une proie de prédilection pour la hyène rayée.

Le lapin de garenne (*Oryctolagus cuniculus*) et le renard roux (*Vulpes vulpes*) constituent les deuxièmes proies mammaliennes les plus fréquemment consommées par la hyène rayée. Bien que la densité de population du lapin dans la zone d'étude ne soit pas précisément connue, sa présence constante dans les fèces tout au long de l'année suggère qu'il représente une ressource alimentaire stable. Les vastes plaines agricoles, la tranquillité qui règne à l'intérieur de la réserve, ainsi que les grandes surfaces cultivées en périphérie, semblent offrir un habitat favorable au maintien d'une population pérenne de lapins, expliquant ainsi leur consommation régulière par la hyène.

Le daim européen (*Dama dama*) est le seul cervidé détecté dans les échantillons fécaux. Selon nos propres observations, deux carcasses de daims morts ont été abandonnées par les forestiers locaux, ce qui laisse supposer que leur présence dans le régime alimentaire de la hyène résulte probablement d'une consommation opportuniste de charognes.

Le lièvre brun (*Lepus capensis*), en revanche, est très faiblement représenté. Aucun individu n'a été observé au cours de nos missions de terrain, probablement en raison de son activité principalement crépusculaire et nocturne, comme le soulignent Chakraborty *et al.* (2006). Toutefois, de nombreux relevés d'excréments de *Lepus capensis* ont été enregistrés, indiquant une forte abondance locale. Sa faible fréquence dans le régime alimentaire de la hyène pourrait s'expliquer par la difficulté à capturer une proie aussi rapide et agile.

Les chats domestiques et sauvages (*Felis catus* et *Felis lybica*), la genette commune (*Genetta genetta*) et la belette européenne (*Mustela nivalis*) ont également été retrouvés dans les fèces analysées. Toutefois, il reste difficile de déterminer si ces animaux ont été activement chassés ou consommés sous forme de charogne. Selon Lanszki *et al.* (2009) et Nadeem *et al.* (2012), la part des mammifères domestiques dans le régime alimentaire des carnivores varie en

fonction de l'abondance des proies sauvages et du niveau de protection du bétail. Dans notre étude, la contribution des mammifères domestiques à l'alimentation de la hyène rayée demeure faible, avec une fréquence d'occurrence de 3,24 % et une contribution à la biomasse de 14,36 %, soulignant toutefois leur haute valeur énergétique. Cette faible représentation s'explique par la rareté du bétail dans la zone d'étude.

À l'inverse, plusieurs études ont mis en évidence une plus grande consommation de bétail par la hyène rayée dans certaines régions d'Asie. Ainsi, dans le parc national de Gir, en Inde, Alam et Khan (2015) ont rapporté une fréquence de 20,74 %, tandis que Mandal *et al.* (2018), dans le nord-ouest de l'Inde, ont noté une proportion de 10,72 %. Ces taux restent encore plus élevés dans les zones pastorales, où la densité de bétail est particulièrement importante (Mwebi *et al.*, 2024).

Au cours de notre enquête de terrain, deux carcasses de bovins et une carcasse de mouton ont été observées après avoir été jetées par des éleveurs locaux. Leur détection dans les fèces laisse penser qu'elles ont été consommées par la hyène. Il est également plausible que les moutons et les chèvres soient activement chassés par cet animal, comme l'ont déjà rapporté Mills et Hofer (1998) ainsi qu'Alam et Khan (2015).

Des rongeurs tels que le rat noir (*Rattus rattus*), le mulot sylvestre (*Apodemus sylvaticus*), la souris domestique (*Mus musculus*) et la souris rayée de Barbarie (*Lemniscomys barbarus*) ont également été identifiés dans les échantillons analysés. Leur présence suggère que la hyène rayée les consomme pour compléter son régime alimentaire, probablement par prédation.

Les insectes, quant à eux, pourraient avoir été ingérés de manière accidentelle lors de la consommation de carcasses ou de végétaux. Les reptiles étaient très peu représentés dans les fèces, n'apparaissant que sporadiquement au printemps, ce qui laisse penser qu'ils constituent une proie occasionnelle et saisonnière.

Des restes d'herbes et de plantes, notamment *Quercus ilex*, *Q. faginea* et *Q. suber*, ont également été identifiés dans les fèces. Leur ingestion pourrait être liée à des comportements zoopharmacognosiques visant à faciliter la digestion, à éliminer certaines toxines ou à s'hydrater, comme l'ont suggéré Amroun *et al.* (2014).

Par ailleurs, les déchets organiques et les particules de sol ont contribué de manière non négligeable à l'alimentation de la hyène rayée. La forte proportion de terre retrouvée dans les excréments est probablement due à l'ingestion accidentelle de sol lors de la consommation de carcasses en contact direct avec le substrat.

Nos résultats confirment le caractère généraliste et opportuniste du régime alimentaire de la hyène rayée, ce qui pourrait expliquer sa forte présence au sein de la réserve de chasse de

Tlemcen. Une variation saisonnière marquée a été observée dans les catégories d'aliments consommés. Le pic enregistré en été (31 items alimentaires) reflète une plus grande abondance ou accessibilité des proies, suggérant une alimentation plus diversifiée et opportuniste durant cette saison. En revanche, la baisse notée en hiver (18 items) pourrait résulter d'une réduction de la disponibilité ou de l'accessibilité des ressources alimentaires. Les saisons d'automne et de printemps présentent des valeurs intermédiaires, traduisant des périodes de transition dans la composition du régime alimentaire, en lien avec la dynamique saisonnière des ressources.

L'indice de diversité de Shannon atteint ses valeurs les plus élevées en été et en automne, ce qui signifie une plus grande variété dans le choix des proies au cours de ces saisons. À l'inverse, la valeur la plus faible enregistrée en hiver pourrait refléter une baisse de la diversité des proies disponibles ou indiquer une tendance à la spécialisation alimentaire en période de ressources limitées. Par ailleurs, l'indice d'équitabilité montre également des variations saisonnières, ce qui est en accord avec une stratégie alimentaire flexible, adaptant le régime de la hyène rayée à la disponibilité spatio-temporelle des ressources au fil de l'année.

CHAPITRE IV

DIVERSITÉ GENÉTIQUE

IV.1. INTRODUCTION

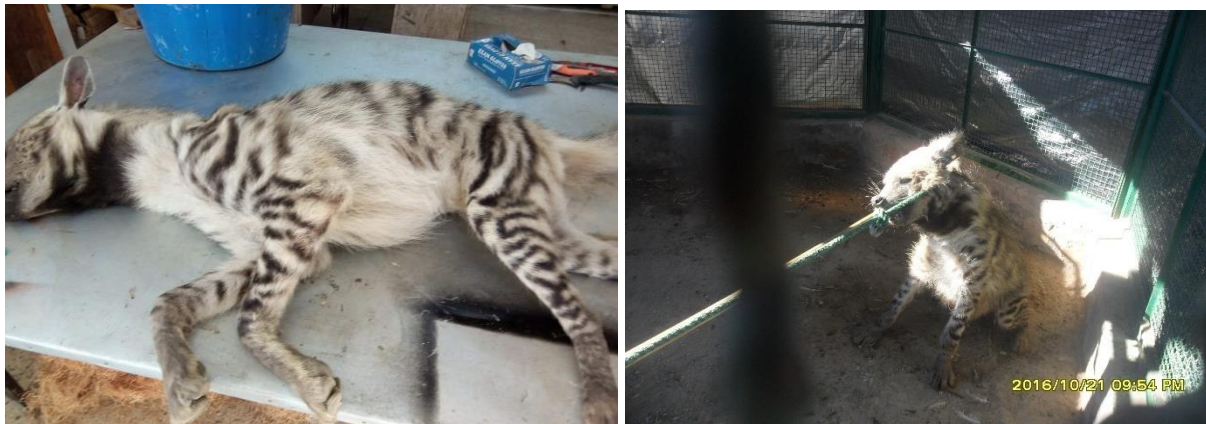
Dans les sciences de la conservation, la génétique représente un outil clé pour évaluer le potentiel d'adaptation des populations en fonction des pressions environnementales et anthropiques. La diminution de la diversité génétique réduit la capacité des espèces à évoluer, favorise la consanguinité et accentue la dérive génétique, rendant les populations plus vulnérables à long terme (Land, 1995 ; Willi *et al.*, 2006 ; Augst *et al.*, 2022). De nombreuses études montrent que les mécanismes génétiques sont impliqués bien avant la disparition des espèces et contribuent au déclin de celles-ci (Land, 1998 ; Spielman *et al.*, 2004 ; Frankham, 2005). L'intégration des données moléculaires dans l'élaboration des stratégies de conservation s'est désormais imposée, comme le passage aujourd'hui des marqueurs classiques à la génomique de la conservation permet d'approfondir notre compréhension de la structure et de l'histoire des populations (Ouborg *et al.*, 2020).

C'est dans ce contexte que la hyène rayée (*Hyaena hyaena*) est particulièrement intéressante. Ce carnivore strictement charognard est un acteur clé de l'écologie en tant qu'agent de recyclage biologique (Kruuk, 1976) malgré l'importance fonctionnelle du rôle qu'il joue. L'espèce est à l'échelle mondiale en déclin et parmi les carnivores vulnérables en raison de sa persécution par l'homme, de la raréfaction de ses proies et de la fragmentation de son habitat (AbiSaid & Dloniak, 2015). Dans ce cadre, notre travail a pour objectif de caractériser la diversité génétique de la hyène rayée en Algérie, de comparer les séquences obtenues avec celles disponibles dans la banque des gènes à travers des analyses phylogénétiques, et de fournir des éléments scientifiques susceptibles de contribuer à l'élaboration de programmes de conservation pour cette espèce vulnérable.

IV. 2. Matériels et méthodes

IV.2.1. Collecte des échantillons

Au cours de la période comprise entre novembre 2016 et août 2017, un ensemble de collecte d'échantillons biologiques a été menée afin d'obtenir des données génétiques sur la hyène rayée. Les spécimens étudiés provenaient de situations variées : certains individus avaient été victimes d'accidents routiers (Fig. 34), d'autres ont été repérés et prélevés lors des sorties sur terrains en zones montagneuses, tandis qu'une partie du matériel a été recueillie à l'occasion de captures en milieu sauvage. En complément, des échantillons issus d'animaux empaillés ont également été intégrés afin d'élargir la diversité et la représentativité des données.



A

B

Figure 34 : Exemple de prélèvements effectués : (A) spécimen accidenté destiné à la taxidermie (prélèvement tissulaire), (B) individus blessé (Poils) (Originale)

Au total, 96 échantillons ont été rassemblés, comprenant 12 fragments de tissus, 14 prélèvements de poils et 70 échantillons fécaux. L'ensemble de ces matériaux provenait de cinq régions différentes couvrant le nord de l'Algérie (Tlemcen, Bouira, Béjaïa, Batna, Souk Ahras) (Fig. 35), ce qui assure une représentativité géographique notable de la population étudiée.

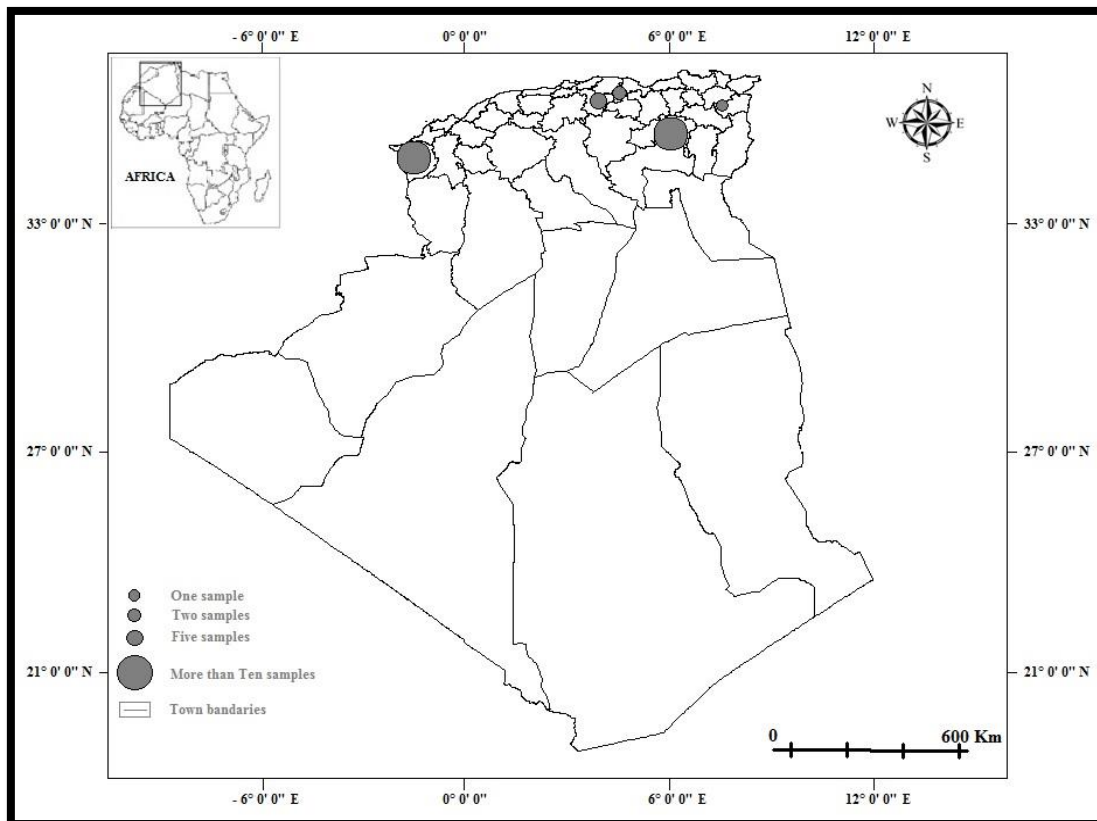


Figure 35 : Carte de distribution des points de collecte des échantillons biologiques (Originale)

IV.2.2. Etiquetage

L'ensemble des analyses génétiques a été réalisées au niveau du laboratoire de la Royal Zoological Society of Scotland (RZSS) à Edinburgh, Royaume-Uni. Un laboratoire connu dans le domaine de la conservation génétique de la faune sauvage. Au niveau de ce laboratoire, toutes les procédures expérimentales ont été réalisées dans des conditions sécurisées afin d'éviter toute forme de contamination croisée ou de transfert viral. Pour cela, les échantillons biologiques ont d'abord été transférés sous hotte stérile dans de nouveaux tubes et enveloppes. Chaque échantillon a ensuite été réétiqueté en tenant compte de son numéro d'identification, de son type (tissu, poil ou fèces) ainsi que de sa région d'origine.

IV.2.3. Extraction d'ADN

Selon la nature des échantillons, différentes méthodes ont été utilisées pour l'extraction d'ADN: les échantillons invasifs tels que les fragments de tissus ont été traités à l'aide du kit Qiagen Blood and Tissue, les poils avec le kit QIAGEN QIAamp DNA Investigator (Tissue) et les échantillons non- invasifs (matières fécales) à l'aide du kit Isohelix Xtrem DNA (XME-50). Tous ces protocoles, appliqués dans le respect des recommandations du fabricant, ont permis d'assurer la qualité et la fiabilité des données obtenues.

IV.2.3.1. Protocole d'extraction d'ADN à partir des tissus

L'extraction de l'ADN à partir des tissus a été réalisée dans des conditions strictes afin d'éviter toute contamination ou problèmes techniques. Pour limiter les risques, les premières étapes ont été effectuées sous une hotte, le matériel utilisé a été soigneusement nettoyé avec du chlorix (désinfectant). Les fragments de tissus ont ensuite été découpés en très petites tranches, séchés et écrasés à l'aide d'un papier absorbant afin d'éliminer toute trace d'éthanol. Ensuite, ont été transférés dans des tubes Eppendorf d'une capacité de 1,5 ml.

À chaque échantillon, nous avons ajouté 180 µl d'ATL buffer et 20 µl de Proteinase K. les tubes ont été agités, centrifugés, puis incubés dans un thermo-mixeur à 56 °C pendant 3 heures, parfois prolongée toute la nuit, afin d'assurer la lyse complète des tissus.

La suite du protocole comprenait une agitation rapide (environ 5 secondes), l'ajout successif de 200 µl d'AL buffer de 200 µl d'éthanol (96 %), suivi d'une centrifugation. Le contenu des tubes a été transféré dans de nouveaux tubes à filtres de 1,5 ml et centrifugé à 8000 rpm pendant 1 minute, les filtres récupérés et replacés dans de nouveaux tubes collecteurs et la procédure a été répétée avec 500 µl de solution AW1 puis avec 500 µl de solution AW2, chaque fois suivie d'une centrifugation d'une minute. Une centrifugation supplémentaire à 14 500 rpm pendant une minute a permis de sécher complètement la membrane des filtres..

Enfin, les filtres ont été placés dans des tubes de collection propres (1,5 ml), avec un ajout de 100 µl de solution AE directement sur la membrane. Après une incubation à température ambiante (22 °C) pendant une minute et une centrifugation à 8000 tpm durant une minute, l'ADN a été récupéré et conservé à - 25 °C, tandis que les filtres usagés ont été jetés.

IV.2.3.2. Protocole d'extraction d'ADN à partir des poils avec follicules

L'extraction d'ADN à partir des poils a été réalisée en suivant plusieurs étapes successives. Dès le départ, toutes les manipulations ont été effectuées sous une hotte, afin de limiter les risques de contamination. Cette mesure de sécurité était indispensable, aussi bien pour protéger les chercheurs que pour préserver l'intégrité des échantillons, particulièrement sensibles aux contaminations bactériennes et virales.

Avant toute manipulation, la paillasse et le matériel de base (pipettes, pinces, etc.) ont été soigneusement désinfectés avec du chlorix à 96 %. Cette précaution est essentiels dans le cas des échantillons non invasifs, car ils ne contiennent qu'une faible quantité d'ADN et sont donc plus vulnérables à toute contamination.

Pour chaque extraction, la partie du poil contenant le follicule (en moyenne 4 à 7 poils) a été découpée puis placée dans un tube Eppendorf stérile de 1,5 ml. Nous avons ensuite ajouté 180 µl d'ATL buffer, suivi d'une agitation et d'une courte centrifugation, puis 20 µl de Proteinase K. Les tubes ont été de nouveau agités et centrifugés avant d'être incubés à 56 °C. L'incubation a duré environ trois heures, mais elle a parfois été prolongée toute la nuit lorsque la dégradation des tissus folliculaires était plus lente.

Après cette étape, le protocole a continué avec l'ajout de 200 µl d'AL buffer, suivi d'une agitation, d'une centrifugation de 15 secondes et d'une incubation dans un thermo-mixeur à 56 °C pendant 10 minutes. Ensuite, 200 µl d'éthanol (96–100 %) ont été ajoutés avant une nouvelle agitation et centrifugation.

Le contenu des tubes a alors été transféré dans des tubes à filtres de 1,5 ml et centrifugé à 8000 tpm pendant une minute. Les filtres ont été récupérés, tandis que les tubes collecteurs et leurs contenus ont été éliminés. Les filtres ont ensuite été replacés dans de nouveaux tubes de collection de 1,5 ml, puis rincés avec 500 µl de la solution AW1 et centrifugés durant une minute à 8000 tpm. Après un nouveau changement de tubes, la même opération a été répétée avec 500 µl de la solution AW2.

Afin de sécher complètement la membrane des filtres, une centrifugation supplémentaire a été effectuée à 14 500 rpm pendant une minute. Les filtres secs ont ensuite été replacés dans des tubes propres et étiquetés (1,5 ml). À ce stade, 100 µl de la solution AE (préchauffée à 20 °C)

ont été déposés directement sur la membrane. Après une incubation d'une minute à température ambiante et une dernière centrifugation à 8000 tpm pendant une minute, l'ADN extrait a pu être récupéré.

Les échantillons finaux ont été conservés à $-25\text{ }^{\circ}\text{C}$, tandis que les filtres usagés ont été éliminés.

IV.2.3.3. Protocole d'extraction d'ADN à partir des crottes

L'extraction d'ADN à partir des crottes est la plus délicate des trois méthodes, car elle repose sur une quantité d'ADN généralement très faible et s'accompagne d'un risque élevé de contamination. Pour cette raison, chaque étape a été réalisée avec une grande précaution.

Le protocole suivi comprend les étapes suivantes :

- Toutes les manipulations ont été effectuées sous une hotte, après désinfection soigneuse de la paillasse et du matériel (pipettes, pinces, etc.) ;
- Des tubes Eppendorf stériles de 1,5 ml ont été préparés pour chaque échantillon ;
- Dans chaque tube, 500 μl de solution LYS ont été ajoutés ;
- Un écouvillon a servi à froter et rincer l'échantillon dans la solution ;
- Deux à trois fragments de fèces ont ensuite été prélevés avec l'écouvillon et placés dans le tube (Fig. 36) ;
- Cette opération a été répétée 3 à 5 fois afin d'obtenir une quantité suffisante de matière ;
- Le tube a ensuite été refermé en laissant la partie utilisée de l'écouvillon dans la solution ;
- Après agitation et centrifugation, 25 μl de Proteinase K ont été ajoutés ;
- Une nouvelle agitation a été effectuée, suivie d'une incubation dans un thermoblock à $60\text{ }^{\circ}\text{C}$ pendant 2 à 3 heures ;
- Ensuite, 750 μl de solution CB buffer ont été ajoutés, puis centrifugés pendant 30 secondes ;
- Un volume de 1 ml de la solution obtenue a été transféré dans un tube de collection de 2 ml ;
- À ce mélange, 1 ml d'éthanol a été ajouté et homogénéisé doucement ;
- Environ 700 μl de la solution ont été transférés dans un tube à filtre de 2 ml, puis centrifugés pendant 1 minute à 8000 tpm ;
- Les filtres ont été récupérés et placés dans de nouveaux tubes de collection de 1,5 ml, tandis que les tubes collecteurs usagés ont été éliminés ;
- Un premier lavage a été effectué avec 700 μl de solution WB, suivi d'une centrifugation de 1 minute à 8000 tpm ;
- Ce lavage a été répété une seconde fois avec de nouveaux tubes collecteurs ;

- Les filtres ont ensuite été transférés dans des tubes propres et centrifugés pendant 3 minutes à 10 000 tpm, afin d'éliminer toute trace d'éthanol résiduel ;
- Enfin, les filtres ont été replacés dans des tubes étiquetés, puis 100 µl de solution EB buffer (préchauffée à 70 °C) ont été ajoutés directement sur la membrane ;
- Après incubation à température ambiante pendant 1 minute, une centrifugation de 1 minute à 8000 tpm a permis de récupérer l'ADN extrait.

Les échantillons d'ADN obtenus ont été conservés à - 25 °C, et les filtres usagés ont été éliminés.

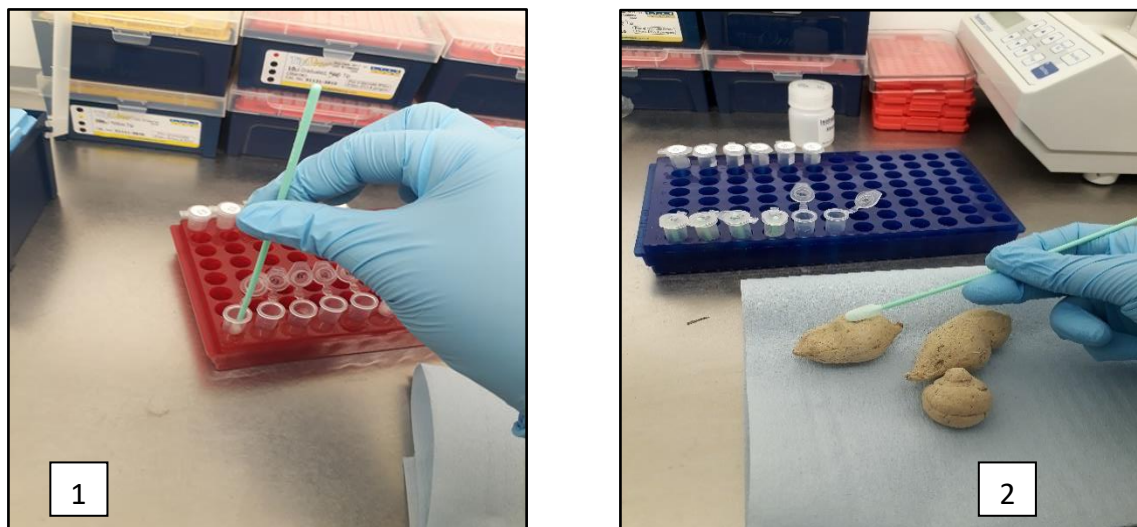


Figure 36 : Prélèvement (1) et mise en tube d'échantillons microbiologiques (2) destinés à l'extraction d'ADN (Originale)

IV.2.4. Évaluation de la qualité de l'ADN

Une fois l'extraction terminée, la quantité et la pureté de l'ADN obtenues ont été évaluées à l'aide d'un NanoDrop, un spectrophotomètre de microvolume spécialement développé pour ce type d'analyse. Cet appareil permet de mesurer l'absorbance des acides nucléiques à différentes longueurs d'onde, en particulier à 260 nm (absorption maximale de l'ADN) et à 280 nm (absorption des protéines). Le rapport A260/A280 donne ainsi une indication sur la pureté des échantillons : une valeur proche de 1,8 est généralement considérée comme représentative d'un ADN de bonne qualité, ne contient pas de protéines ou autres contaminants. Le NanoDrop ne nécessite que quelques microlitres d'échantillon, ce qui le rend particulièrement adapté pour travailler avec des prélèvements rares ou obtenus en faible quantité, comme c'est souvent le cas dans les études sur la faune sauvage.

IV.2.5. Amplification et séquençage d'ADN mitochondrial

IV.2.5.1. Amplification

IV.2.5.1.1. Fragment d'ADN mitochondrial du cytochrome b (Cyt b)

Les amorces PCR ont été élaborées à partir d'une comparaison des séquences disponibles du gène mitochondrial cytochrome b (*cytb*) de la hyène rayée provenant de GenBank. Après alignement des séquences, les amorces ont été créées manuellement : HYA_CytB_F1 (5' GAA AAT CTC ACC CGC TCA TTA AAA 3', amorce sens) et HYA_CytB_R1 (5' GTA AGA CGT AAC CTA TGA ATG CG 3', amorce antisens), pour amplifier une région de 387 pb du gène *cytb*. La spécificité des amorces a été vérifiée à l'aide de Primer-Blast (www.ncbi.nlm.nih.gov). L'amplification par PCR a été réalisée avec 1 µL d'ADN matrice (10–50 ng/µL), 1 µL de chaque amorce (10 µM) et 7 µL de Maxima Hot Start PCR Master Mix (Thermo-Fisher), puis incubée dans l'appareil PCR pendant 2 h 20 min selon le programme Main HAKESNP (Fig. 37).

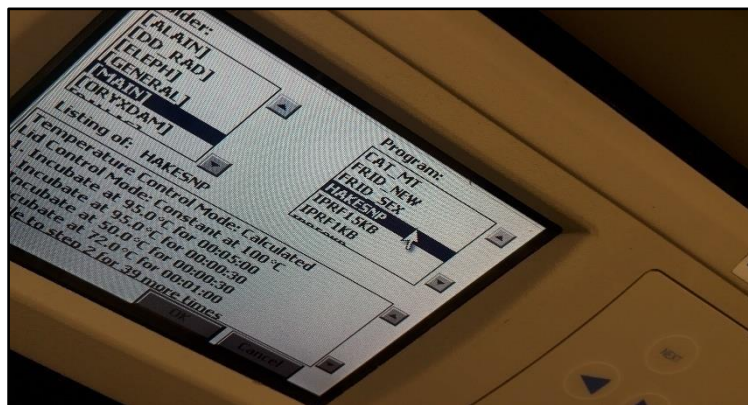


Figure 37 : Programme utilisé dans l'appareil de PCR (Originale)

IV.2.5.1.2. Fragment de la région de commande (D-loop)

Pour la région D-loop, les mêmes étapes que celles appliquées au *cytb* ont été suivies, incluant l'alignement des séquences, la conception des amorces, et l'amplification par PCR.

Quatre amorces ont été élaborées à partir de séquences disponibles sur GenBank afin d'amplifier différentes régions.

- **HYA_Dloop_F1** : 5' CATCAACACCCAAAGCTGAA 3' (amorce sens) et 5' CCAAATGCATGACATCACAGT 3' (amorce antisens), pour une amplification de 1024 pb ;
- **HYA_Dloop_F2** : 5' CGAACCTCAATCCAATCCTT 3' (amorce sens) et 5' TTTAAGCTAGTTGTTTATCTGTTGGA 3' (amorce antisens), pour une amplification de 595 pb ;

- **HYA_Dloop_F3** : 5' CGTGCATTAATTGATAGTCCCCA 3' (amorce sens) et 5' CCGGTTGATCATTGGGGTTG 3' (amorce antisens), pour une amplification de 553 pb ;
- **HYA_Dloop_F4** : 5' AAACGCACCCACCACACA 3' (amorce sens) et 5' GGTACTTAATATTCATGGGGACTATCA 3' (amorce antisens), pour une amplification de 246 pb.

IV.2.5.2. Vérification de l'amplification PCR par électrophorèse sur gel d'agarose

L'évaluation de l'extrait de l'amplification des produits PCR a été vérifiés par électrophorèse sur gel d'agarose à 1 %, préparé dans un tampon TAE 0,5× et placé dans une cuve d'électrophorèse. Chaque échantillon a été mélangé avec le colorant de charge Blue Juice (Invitrogen) avant d'être déposé dans les puits du gel. Pour chaque ligne de migration, 0,8 µL de DNA ladder a été chargé dans un puits séparé afin de servir de référence de taille moléculaire. La migration a été réalisée à 80 V pendant 20 minutes, puis les fragments d'ADN ont été visualisés sous lumière UV après coloration intercalant. Après la migration, les acides nucléiques, chargés négativement, se sont déplacées vers l'anode sous l'effet du champ électrique. Le gel a ensuite été placé sur une table à Trans-illumination UV, couplée à un système de capture d'image. Les bandes obtenues ont été visualisées sur ordinateur (Fig. 38).

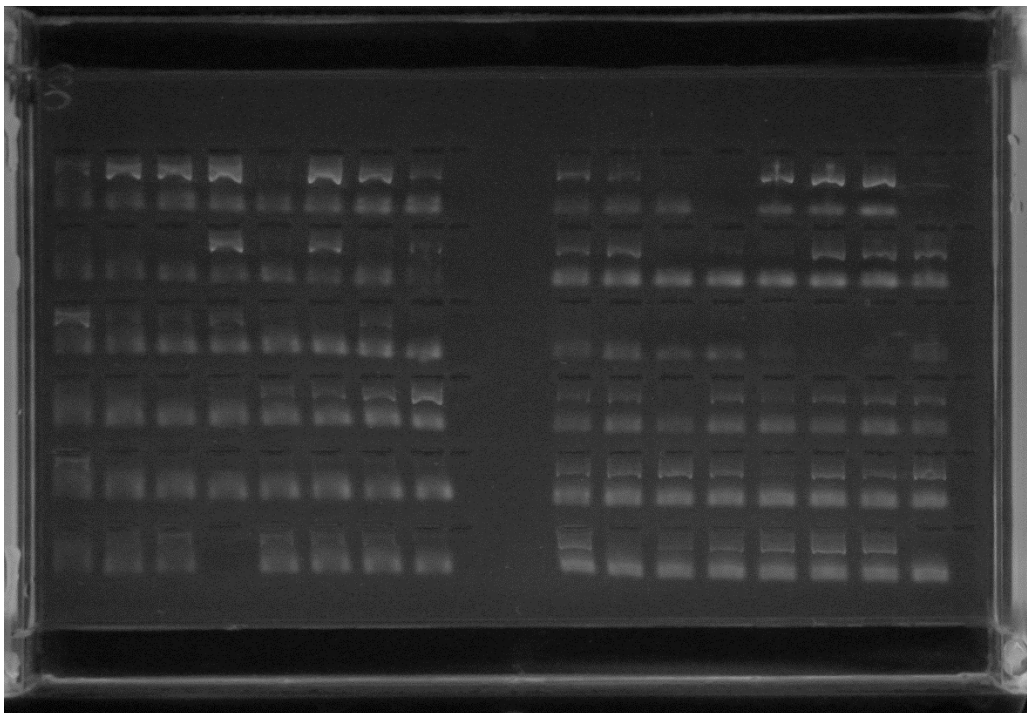


Figure 38 : Gel d'électrophorèse sous un rayonnement ultraviolet (originale)

IV.2.5.3. Séquençage

Avant le séquençage, les produits PCR purifiés (traités Exo-FAP) ont été préparés pour le séquençage Sanger à l'aide du kit BigDye Terminator v3.1 (Applied Biosystems). Pour chaque réaction, un mélange maître contenait 0,5 μL de BigDye Terminator, 1,75 μL de tampon 5 \times , 1 μL d'amorce directe et 4,75 μL d'eau ultrapure (ddH₂O). Les volumes ont été multipliés par le nombre d'échantillons afin de préparer un master mix global, puis 8 μL de ce mélange ont été distribués dans chaque puits et complétés par 2 μL de produit PCR, pour un volume final de 10 μL . Les réactions ont été amplifiées dans un thermocycleur (Fig. 39) selon le programme standard SEQ-BD, puis envoyées à la plateforme Edinburgh Genomics (University of Edinburgh, Royaume-Uni) pour le séquençage capillaire.

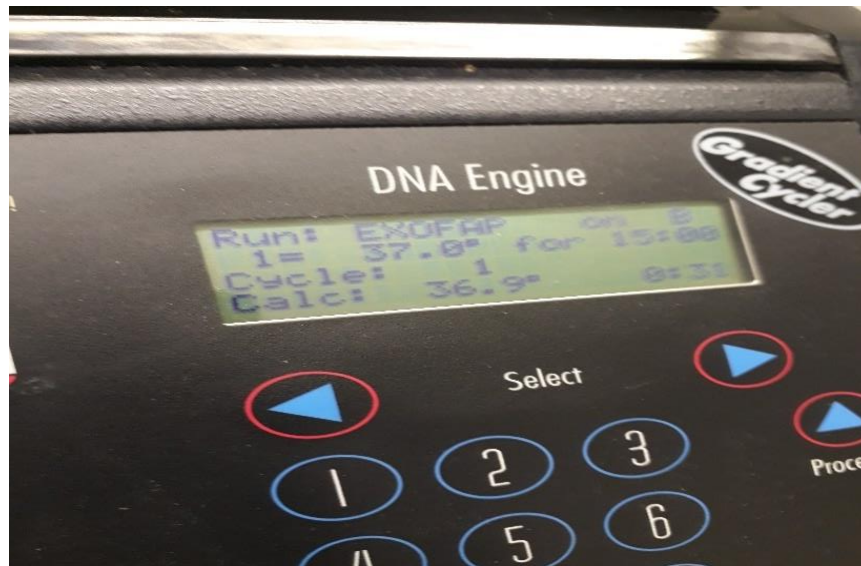


Figure 39 : Thermocycleur pour préparation post-PCR avant séquençage (Originale)

IV.2.6. Amplification et génotypage des microsatellites

Les analyses de microsatellites ont été réalisées au laboratoire de génétique de la « RZSS » par un technicien qualifié. Une série initiale de dix locus microsatellites a été proposée aux membres du laboratoire (Tab. 11). Au total 46 échantillons, issus de poils, tissus et de fèces, ont été soumis à l'analyse de seulement deux locus microsatellite (Ccr04 et Cccroc05) dans le cadre d'un premier test préliminaire.

VI.2.6.1. Protocole d'amplification PCR

- **Préparation du mélange réactionnel pour chaque puits de 10ul :**

Le mélange réactionnel de chaque puits contient tous les composants nécessaires à la PCR. Le MasterMix fournit l'ADN polymérase, les dNTPs et le tampon pour créer des conditions optimales de réaction. Les amorces directe et inverse ciblent la séquence d'ADN à amplifier, tandis que l'ADN matrice sert de modèle. La solution Q fournie par QIAGEN améliore la qualité de l'amplification des séquences difficiles, et l'eau distillée complète le volume total à 10 ul (Tab.10).

Tableau 10 : mélange réactionnel d'amplification des microsatellites

Composant	Volume (µL)
Master Mix	5
Eau distillée (ddH ₂ O)	2
Solution Q	1
Amorce directe (Forward)	0.5
Amorce inverse (Reverse)	0.5
ADN matrice (extraits brut dilué 1 :10)	1
Total	10

Tableau 11 : Les loci microsatellites proposées

Locus	Primer sequence (5'-3')	Ta c	Source
Ccroc01	(F)CCTCAATTAGGAACATAAAAAGTG	56	JAYNE PARRIS;2013)
	(R)GAAGGAAGGAAGCAATATGC		
Ccroc05	(F)ACCAGTGATCTGGACTGGGA	61	JAYNE PARRIS;2013)
	(R)(TET)- AAAAGTAATATGACTGCCAAAAGC	58	
Ccroc06	(F)GATCGTTTTTGACAAGTGCTG	58	.(JAYNE PARRIS;2013)
	(R)(6-FAN)-AAACCCACTTCGAGCCTGAT	61	
Ccroc07	(F)TCCCTCAAGTCACTCGGTGT	61	.(JAYNE PARRIS;2013)
	(R)(HEX)-TGCTAATGTTTCATTGCAGGG	60	
Ccroc09	(F)CAGAATTAATCCATATCACAACTGC		
	(R)TAGGAACCTCTTGCCGTCAG		
Ccr04	(F)TCTGGATTGTGGTCACAACC	54	JAYNE PARRIS;2013)
	(F)TCTGGATTGTGGTCACAACC		
Ccro05	(F)GAGGACCCACAACCTCAAACC	58	JAYNE PARRIS;2013)
	(R)CTCACAATCCCTCTCATAATTCTC		
Ccro06	(F)CATGGCTGCTGTGAAGATC	58	JAYNE PARRIS;2013)
	(R)TAACTACAATCTGACAGCTC		
CcroA05	(F)GACATCCTGAGCGAGGC		NCBI (AY394085)
	(R) CAGTGGGAGT GCAAGG		
Ccr13	(F)TCTCCGAAGAACAGCAAGA		NCBI (AY394085)
	(R) CTACCCCTCTCACCTCTTCA		

- **Programme de Thermocycleur**

Le protocole de thermocyclage utilisé pour l'amplification de nos séquences d'ADN 'appuie sur les étapes fondamentales d'une réaction PCR. Il commence par une dénaturation initiale destinée à séparer les deux brins d'ADN matrice. Cette phase est suivie d'une succession de quarante cycles comprenant la dénaturation, l'hybridation des amorces à leurs séquences

complémentaires et l'élongation assurée par la polymérase. Ensuite une phase d'extension finale permet de compléter l'ensemble des fragments synthétisés. Enfin, un maintien à basse température est programmé afin de préserver la stabilité des produits amplifiés jusqu'à leur récupération. Le déroulement exact du programme est présenté ci-après :

1. Dénaturation initiale : 94 °C, 5 min
2. 40 cycles :
 - Dénaturation : 94 °C, 30 s
 - Hybridation : 57 °C, 30 s
 - Extension : 72 °C, 60 s
3. Extension finale : 72 °C, 10 min
4. Maintien : 10 °C, 10 min

IV.2.7. Traitement, identification et alignement des séquences

Les chromatogrammes bruts ont été examinés avec Geneious Pro v6.1.4 [37], puis vérifiés visuellement afin de détecter d'éventuelles anomalies (pics atypiques ou doubles pics). Les séquences d'amorces ont été retirées et les fragments d'ADN mitochondrial obtenus ont été comparés à la base de données GenBank (NCBI) à l'aide de l'outil BLAST (Benson *et al.*, 2013) pour confirmer l'identification spécifique des échantillons. Les séquences du gène cytochrome b ont ensuite été traduites en acides aminés afin de vérifier l'absence de codons stop prématurés. L'alignement multiple a été réalisé avec Geneious Pro en utilisant l'algorithme, puis revu manuellement pour garantir la fiabilité des positions alignées.

IV.2.8. Analyse de diversité génétique

La diversité en haplotypes et en nucléotides a été estimée à l'aide du logiciel DnaSP v5 (Librado & Rozas, 2009), qui a également permis de déterminer le nombre d'haplotypes, de sites polymorphes et d'indels. Les distances génétiques entre les séquences ont été calculées avec le logiciel MEGA v7 (Molecular Evolutionary Genetic Analysis).

IV.3. RESULTATS

Au début, après l'amplification et le séquençage, l'ensemble des séquences d'ADN mitochondriales a été soumis à une identification spécifique et comparé aux séquences de la banque de gènes. Cette vérification a permis de confirmer que toutes les séquences appartiennent à l'espèce *Hyanea hyanea*.

IV.3.1. Cytochrome b

Parmi les 96 échantillons que nous avons analysés, 64 ont permis d'obtenir des séquences exploitables, soit environ 67%. Les 32 autres échantillons restants (33,3 %) n'ont pas pu être amplifiés car l'ADN était en quantité trop faible ou de mauvaise qualité, malgré plusieurs tentatives répétées de PCR qui se sont achevées par des échecs. L'alignement des séquences obtenues a donné une longueur moyenne de 340 pb. L'analyse de ces séquences a révélé un seul haplotype. Lorsque nous avons élargi la comparaison avec les séquences disponibles dans GenBank (Tab. 12), l'analyse réalisée avec DNAsp a permis d'identifier deux haplotypes distincts parmi l'ensemble des 20 séquences analysées (Fig.40), avec une diversité haplotypique de 0,4421 et trois sites polymorphiques sur les 340 positions de l'alignement.

Tableau 12 : Différentes séquences de référence issues de GenBank (NCBI)

Orgnism	GenBank	Haplotype (DNAsp)	Reference
<i>Hyaena hyaena</i> (Turkie)	KU881801	H1	Atay <i>et al.</i> , (2017)
<i>Hyaena hyaena</i> (Omane)	KP789314	H1	Non publié
<i>Hyaena hyaena</i> isolate Cerza	JF894376	H1	Bon <i>et al.</i> , (2012)
<i>Hyaena hyaena</i>	AY928678	H1	Koepfli <i>et al.</i> , (2006)
<i>Hyaena hyaena</i> isolate TP-Chris	AY048788	H1	Albert (2001)
<i>Hyaena hyaena</i> isolte X-321 (Somale)	AY048787	H2	Albert (2000)
<i>Hyaena hyaena</i> (Allemagne)	AF153055	H1	Albert (2000)
<i>Hyaena hyaena</i> (Grèce)	DQ157578	H2	Rohland <i>et al.</i> , (2005)
<i>Hyaena hyaena</i> (Russie)	DQ157576	H2	Rohland <i>et al.</i> , (2005)
<i>Hyaena hyaena</i> (Angola)	DQ157582	H2	Rohland <i>et al.</i> , (2005)
<i>Hyaena hyaena</i> (Syrie)	DQ157577	H2	Rohland <i>et al.</i> , (2005)
<i>Hyaena hyaena</i> (Angola- Luanda)	DQ157579	H2	Rohland <i>et al.</i> , (2005)
<i>Hyaena hyaena</i> (Inde)	DQ157580	H2	Rohland <i>et al.</i> , (2005)
<i>Hyaena hyaena</i> (Libie)	DQ157581	H2	Rohland <i>et al.</i> , (2005)
<i>Hyaena hyaena</i> Tanzanie	DQ157583	H2	Rohland <i>et al.</i> , (2005)
<i>Hyaena hyaena</i> (Somale)	DQ157584	H2	Rohland <i>et al.</i> , (2005)
<i>Hyaena hyaena</i> (Camérone)	DQ157585	H2	Rohland <i>et al.</i> , (2005)
<i>Hyaena hyaena</i> (Russie)	DQ157586	H2	Rohland <i>et al.</i> , (2005)
<i>Hyaena hyaena</i> (Azerbaïdjan)	DQ157587	H2	Rohland <i>et al.</i> , (2005)

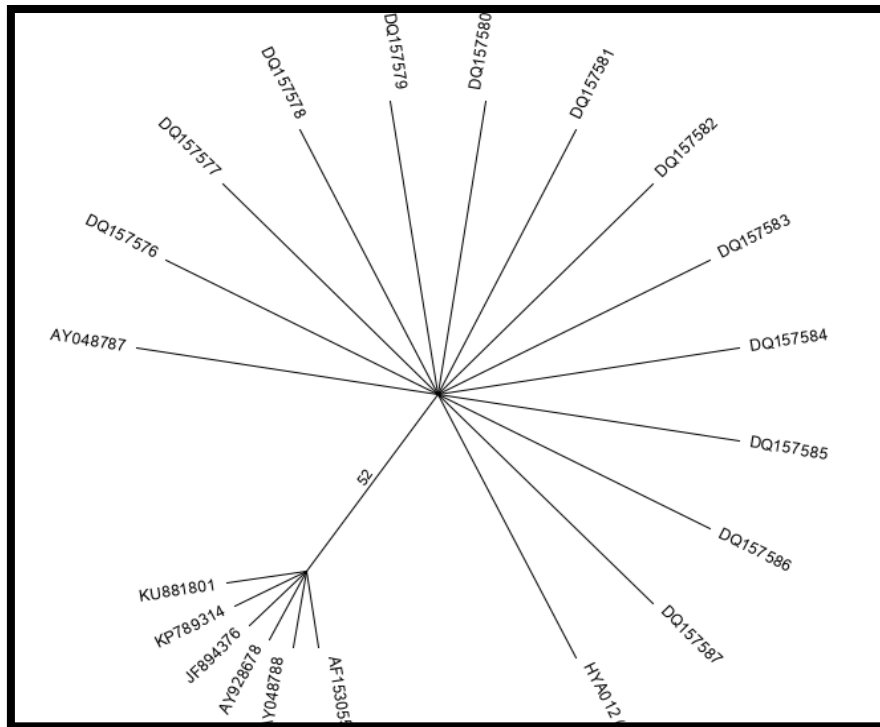


Figure 40 : Arbres phylogénétiques consensus dérivés de l'alignement nucléotidique (Geneious)

IV.3.2. Région de contrôle

- **Amorce 1 (D-loop1)**

Les analyses réalisées avec l'amorce D-loop1 ont rencontré d'importantes difficultés lors de l'amplification et du séquençage du fragment ciblé (supérieur à 1000 pb). Parmi les huit échantillons ayant la meilleure qualité de l'ADN seul une séquence a pu être exploitée. Après alignement et comparaison avec la séquence de référence JF894376 issue de la base NCBI, sur une longueur de 876 pb. Nous avons pu identifier deux haplotypes différents, dix sites polymorphiques et trois événements d'Indel. L'analyse de ces Indels a permis de distinguer deux haplotypes Indel.

- **Amorce 2 (D-loop2)**

En ce qui concerne l'amorce D-loop2, un total de 42 séquences a été obtenu sur un total de 96 échantillons analysés, ce qui correspond à un pourcentage d'amplification d'environ 44 %. Plus de la moitié des échantillons n'ont pas donné de séquences exploitables. L'alignement des 42 séquences avec une longueur de 299 bp dans Geneious a montré la présence d'un haplotype unique, correspondant à une diversité haplotypique nulle. Toutefois, l'analyse du polymorphisme Indels à l'aide de DNAsp a mis en évidence cinq haplotypes Indel ($I = 5$), associés à une diversité haplotypique de 0,337. La comparaison avec la séquence de

référence JF894376 a confirmé la présence d'un seul haplotype et a révélé deux sites polymorphiques. Concernant les Indels, trois événements ont été retenus dans l'analyse, sur un total de huit événements observés, dont cinq chevauchants exclus, ce qui a permis d'identifier quatre haplotypes Indel. Enfin, un Indel constant a été détecté à la position 1060/1061 dans tous les échantillons alignés avec la séquence de référence.

- **Amorce 3 (D-loop 3)**

Pour l'amorce D-loop3, nous avons obtenus un fragment de 274 pb, sept séquences sur huit échantillons ont été obtenues. L'alignement a montré un haplotype unique, avec une diversité haplotypique nulle entre les différents échantillons analysés. La comparaison avec les séquences de référence NCBI (AY048813 et JF894376) a montré la présence de deux haplotypes et une diversité haplotypique de 0,221 : en regroupant les séquences NCBI et l'autre correspondant à l'ensemble des séquences obtenues dans cette étude. Un site polymorphe a été détecté, avec un nombre total de mutations égal à 1.

- **Amorce 4 (D-loop 4)**

La dernière amorce testée (D-loop4) pour cette région, nous a donné neuf séquences d'ADN avec une longueur moyenne de 458 pb. Toutes appartiennent à un seul haplotype, avec zéro site polymorphe. La comparaison avec les deux précédentes séquences NCBI a mis en évidence deux haplotypes et un site polymorphe, avec une diversité haplotypique de 0,2206. Aucun Indel n'a été détecté dans cette région.

Tableau 13 : Tableau récapitulatif des résultats de l'ADN mitochondrial (avec tailles des fragments)

Amorces	CYTb	D-loop1	D-loop2	D-loop3	D-loop4
Nombre de Paire de bases	340	876	299	274	458
Haplotype(Interne)	1	1	1	1	1
Haplotype(Externe)	1	2	1	2	2
Polymorphe (Interne)	0	0	0	0	0
Polymorphe (Externe)	3	10	0	1	1
Indel (Interne)	0	0	5	0	0
Indel (Externe)	0	2	4	0	0

IV.3.3. Microsatellites loci

L'analyse des microsatellites ont été testés pour évaluer leur potentiel à révéler de la diversité génétique au sein de notre population étudiée.

Le locus Ccro05 a permis de génotyper 27 échantillons, dont quatre allèles ont été détectés. Ces derniers sont compris entre 163 et 169 bp. Les individus présentent des génotypes hétérozygotes (163/167, 165/169) ainsi que des génotypes homozygotes (163/163,167/167) (Tab.14).

L'allèle 167 apparaisse comme majoritaire (48%) et il est présent dans toutes les régions ciblées, suivis par l'allèle 163 pb qui est absent juste dans la wilaya de Souk Ahras et qui n'a été représenté que par un seul échantillon, tandis que les allèles 165 et 169 pb sont très rares et ne sont apparu qu'une seule fois dans la population de la wilaya de Batna.

Au locus Ccr04, 31 échantillons ont été génotypés dont la diversité observée est plus réduite. Seul deux allèles (141 et 143 pb) différents ont été identifiés. Les génotypes obtenus incluent 22 homozygotes (141/141 et 143/143) et 9 hétérozygotes (Tab.14).

Donc au total sur les deux locus utilisés, seul trois individus ont pu être génotypés avec succès. Un quatrième individu n'a présenté un profile que sur un locus.

Tableau 14 : Résultats de génotypages avec les deux locus Ccr04 et Ccro05

ID	Sample type	Comments	Location	Ccro05		Ccr04B	
HYA001	Tissue	Male	Batna	167	167	141	141
HYA002	Hair		Tlemcen	167	167	141	141
HYA003	Tissue		Bouira			143	143
HYA004	Tissue	Female	Batna	163	167	141	141
HYA005	Tissue		Bouira			141	141
HYA006	Tissue	Stuffed specimen	Béjaia	163	167	141	141
HYA007	Hair		Batna	163	167	141	141
HYA008	Hair	Stuffed specimen	Bouira				
HYA009	Tissue	Stuffed specimen	Bouira				
HYA010	Tissue	Stuffed specimen	Bouira				
HYA011	Hair	Stuffed specimen	Bouira	163	167	141	141
HYA012	Tissue	Female	Souk Ahras	167	167	141	143
HYA013	Hair		Tlemcen			141	141
HYA014	Hair		Batna	163	163	141	143
HYA015	Hair		Tlemcen				
HYA016	Hair		Tlemcen	163	167	141	141
HYA017	Hair		Tlemcen	163	167		
HYA018	Hair		Tlemcen				
HYA019	Hair		Batna	163	167	141	143

HYA020	Hair		Batna	167	167	141	143
HYA021	Hair		Tlemcen				
HYA022	Hair		Tlemcen				
HYA024	Hair		Tlemcen				
HYA025	Feecal		Tlemcen	163	163	141	141
HYA058	Feecal		Tlemcen	163	163	141	141
HYA059	Feecal		Tlemcen	167	167	141	141
HYA060	Feecal		Tlemcen				
HYA061A	Hair	Couple	Béjaia	163	163	141	141
HYA062	Feecal		Tlemcen	167	167		
HYA063	Feecal		Tlemcen	167	167	141	143
HYA064	Feecal		Tlemcen	163	163	141	141
HYA065	Feecal		Batna	167	167	141	141
HYA066	Feecal		Batna				
HYA067	Feecal		Batna	167	167		
HYA068	Hair		Djurdjura			141	141
HYA070	Feecal		Tlemcen				
HYA071	Feecal		Batna				
HYA072	Feecal		Batna	163	163	141	141
HYA073	Feecal		Batna			141	141
HYA074	Feecal		Batna				
HYA075	Feecal		Batna	167	167	141	143
HYA076	Feecal		Batna	167	167	141	143
HYA077	Feecal		Batna	163	163	141	143
HYA078	Feecal		Batna	165	169	141	143
HYA079	Feecal		Batna			141	141
HYA080	Feecal		Batna	167	167	141	141
HYA081	Feecal		Batna	167	167	141	141
Loci				163		141	
				165		143	
				167			
				169			

IV.4. Discussion

Bien que surprenant, l'analyse des séquences du gène mitochondrial cytochrome b (CytB) et de la région D-loop chez la hyène rayée (*Hyaena hyaena*) en Algérie n'a montré aucune variation entre les individus étudiés, mettant en évidence un monomorphisme dans les deux marqueurs. Ce résultat indique l'absence de polymorphisme intra-population dans les fragments analysés. Cette absence de polymorphisme peut paraître inattendue, surtout pour la région D-loop qui est généralement considérée comme plus variable, mais ces résultats s'inscrivent dans une tendance déjà rapportée pour cette espèce, où plusieurs travaux ont montré une variabilité mitochondriale limitée dans différentes régions de son aire de

répartition (Rohland *et al.*, 2005 ; Westbury *et al.*., 2021 ; Derouiche *et al.*, 2025). Une telle faible diversité génétique est cohérente avec les observations de populations isolées ou en déclin, où les effets de goulot d'étranglement génétique peuvent entraîner une réduction de la variabilité génétique (Westbury *et al.*, 2018).

Des études précédentes ont suggéré que les hyènes possèdent une histoire démographique généralement complexe, avec notamment des réductions prolongées du nombre d'individus reproducteurs dans les populations, ce qui contribue à une diversité mitochondriale restreinte (Rohland *et al.*, 2005 ; Westbury *et al.*, 2018 ; Westbury *et al.*, 2020). Dans ce cas, il n'est donc pas étonnant que certains fragments de l'ADNmt apparaissent conservés.

Plusieurs études concordent avec nos résultats, comme celle de Atay *et al.* (2017) qui a analysé la diversité génétique de la région mitochondriale cytochrome b de dix individus d'hyènes rayées originaires de la Turquie où ses résultats ont révélé des séquences identiques chez l'ensemble des individus. De même, en Algérie, une étude récente (Derouiche *et al.*, 2025) a rapporté un monomorphisme du Cytb dans les populations locales avec absence de structure phylogéographique claire, suggérant une connectivité génétique entre les populations. Ces observations corroborent l'hypothèse selon laquelle la faible variabilité mitochondriale reflète un isolement génétique et une possible histoire démographique marquée par un goulot d'étranglement.

Pour ce qui concerne la région mitochondriale D-loop, la documentation scientifique demeure lacunaire. L'absence de polymorphisme que nous constatons pourrait être due soit à un goulot d'étranglement démographique ou à un effet fondateur, réduisant la diversité mitochondriale (Rohland *et al.*, 2005), soit à la taille réduite de notre échantillon (la majorité des prélèvements étant constituée de fèces, ce qui ne permet pas de garantir que chaque échantillon corresponde à un individu distinct et peut donc fausser les résultats), soit à un réel manque de diversité dans la population étudiée, ou l'utilisation d'amorce ciblant une région relativement conservée du D-loop. Néanmoins, les analyses mitogénomiques et paléogénétiques disponibles montrent que la famille des hyènes présentent une diversité génétique relativement restreinte (Hu *et al.*, 2021 ; Westbury *et al.*, 2020). Cela suggère que nos résultats indiquent une possible intégration de nos résultats dans une tendance plus large, mais leur confirmation exigerait l'analyse d'un grand nombre de marqueurs.

Par ailleurs, une autre étude menée en Iran sur 30 individus de hyènes rayée, fondée sur l'analyse d'un fragment de gène mitochondrial ND2, a permis également de mettre en lumière une très faible variabilité génétique, avec une distance génétique moyenne de seulement 0.74% entre individus et aucune différenciation significative entre provinces (Heidari *et al.*,

2018). Ce résultat, malgré qu'il soit obtenu sur un gène différent, renforce l'idée que la diversité mitochondriale de la hyène rayée est globalement réduite à l'échelle de son aire de répartition.

Dans le même contexte, westbury *et al.* (2021) a analysé la diversité génétique des différentes espèces de hyènes, dont il rapporte des niveaux particulièrement faibles de diversité chez les hyènes brunes et rayées, malgré l'absence de signes de consanguinité, ce qui serait lié à un déclin lent mais continu de la taille effective de leur population au cours des deux derniers millions d'années. À l'inverse, la hyène tachetée et le protèle présentent des niveaux élevés de diversité génétique et des populations plus stables dans le temps.

En comparant nos séquences avec celles qui sont disponibles sur GenBank (Cytochrome b et D-loop), nous constatons que la diversité génétique de la hyène rayée reste très limitée malgré la présence de deux haplotypes différents dans quelques amorces, cela suggère que la faible diversité génétique dans la région mitochondriale de la hyène rayée n'est pas spécifique à notre population, mais englobe la majorité des populations de son aire de répartition, et reflète probablement une caractéristique générale de l'espèce.

En outre, l'alignement des séquences du D-loop avec une séquence de référence a révélé la présence d'un indel fixe, mais absent lorsque on a comparé nos séquences entre elles. La présence de cet indel suggère une mutation stabilisée au sein de la population algérienne, ce qui fait un marqueur génétique potentiel. En effet, selon Vali *et al.* (2000), les indels, souvent négligés au profit des SNP, constituent une source complémentaire d'information génétique et sont de plus en plus utilisés pour la définition d'haplotypes et le suivi de la structuration génétique des populations. Dans notre situation, tant que notre indel n'est pas d'une variabilité intra-populationnelle, sa fixation pourrait être utilisée pour différencier la population étudiée d'autres populations.

Contrairement à l'étude de Derouiche *et al.* (2025), la présence d'Indels dans les échantillons analysés de la population algérienne n'est pas mentionnée. Cette découverte souligne une particularité génétique propre à cette population. Elle pourrait refléter un événement de dérive génétique ou un effet fondateur, ce qui renforce l'idée que la population locale est isolée et homogène sur le plan mitochondrial.

L'analyse de deux locus microsatellites (Ccr04 et Ccroc05) montre une diversité génétique restreinte, avec la présence de plusieurs individus ayant des profils identiques. Ces résultats peuvent s'expliquer directement par le nombre réduit de locus microsatellites analysés. Selon Arthofer *et al.* (2017), un nombre d'au moins de huit marqueurs microsatellites différents est important pour avoir des estimations fiables de la diversité et la structure des populations.

Par ailleurs, la faible diversité au niveau mitochondrial renforce un génotypage nucléaire plus élargi. Il serait donc pertinent de poursuivre avec l'ensemble des microsatellites initialement proposés, afin d'obtenir l'avantage de confirmer si la diversité génétique de la hyène rayée est réellement réduite ou si d'autres profils pourraient être mis en évidence.

CONCLUSION GENERALE

Conclusion générale

Cette thèse a été menée, d'une part, à une échelle micro-écologique pour étudier l'écologie trophique de la hyène rayée (*Hyaena hyaena*) au sein de la réserve de chasse de Tlemcen, et, d'autre part, à une échelle macro-écologique pour analyser sa diversité génétique dans le nord de l'Algérie.

Sur le plan trophique, les résultats obtenus mettent en évidence une grande polyvalence alimentaire chez la hyène rayée. Son régime se révèle particulièrement large, intégrant des mammifères, des oiseaux, des reptiles, des insectes, des fruits, des végétaux ainsi que des déchets d'origine anthropique. Les mammifères, notamment le sanglier, constituent néanmoins la ressource principale, confirmant que la hyène rayée n'est pas uniquement charognarde, mais pratique également une prédation active. L'exploitation de proies variées, en proportions changeantes, traduit un comportement à la fois opportuniste et sélectif, privilégiant les ressources les plus profitables lorsque celles-ci sont accessibles. La présence saisonnière de fruits et de végétaux illustre par ailleurs sa plasticité écologique et sa capacité d'adaptation aux fluctuations de la disponibilité alimentaire. L'ensemble de ces éléments confirme le profil d'un carnivore généraliste, capable d'ajuster efficacement son régime en fonction des conditions environnementales locales.

Sur le plan génétique, l'analyse des échantillons issus de l'ADN mitochondriaux (cytochrome *b* et région D-loop) a révélé un monomorphisme marqué : tous les individus échantillonnés partagent un même haplotype. La comparaison avec les séquences de référence montre une variabilité très faible, indiquant une diversité génétique réduite au sein de la population étudiée. Ces résultats offrent un état des lieux précis de la structuration génétique actuelle de la hyène rayée et constituent une base solide pour de futures analyses comparatives.

Compte tenu de l'importance écologique de cette espèce, il serait pertinent de mener des études complémentaires dans d'autres régions d'Algérie, notamment les zones steppiques et semi-désertiques, afin d'évaluer l'influence des conditions environnementales sur son écologie alimentaire et d'élaborer des mesures de conservation adaptées, garantissant sa pérennité à long terme. De plus, la conduite d'études similaires dans les pays voisins permettrait de valider nos conclusions, d'affiner la compréhension du rôle écologique de *Hyaena hyaena* en Afrique du Nord et de développer des comparaisons interrégionales de sa plasticité trophique. Des analyses croisées avec d'autres carnivores sympatriques, tels que le loup doré d'Afrique, contribueraient également à éclairer les interactions trophiques, les mécanismes de coexistence et le partage des ressources au sein de la réserve de chasse de

Tlemcen. Par ailleurs, l'utilisation du metabarcoding (technique de biologie moléculaire utilisant le séquençage à haut débit (NGS) pour identifier rapidement et simultanément toutes les espèces présentes dans un échantillon complexe (eau, sol, fèces, etc.)) pourrait permettre une identification plus fine des proies, enrichissant considérablement l'analyse du régime alimentaire.

La faible diversité génétique observée souligne la nécessité d'intégrer des marqueurs plus informatifs, tels que les microsatellites, afin d'obtenir une estimation plus précise de la structure des populations, des flux de gènes et des processus d'adaptation. L'analyse de séquences nucléaires additionnelles, ainsi qu'un élargissement de l'échantillonnage aux populations de Tunisie et du Maroc, permettraient de mieux comprendre la variabilité génétique nord-africaine et d'évaluer la connectivité entre populations. Enfin, des études basées sur le génome complet pourraient mettre en évidence d'éventuels gènes adaptatifs. L'ensemble de ces approches fournirait des bases robustes pour l'élaboration d'un plan de conservation et de gestion durable de l'espèce.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Références bibliographiques

Abi Said, M., Dloniak, S.M.D. (2015). *Hyaena hyaena*. - The IUCN Red List of Threatened Species 2015: e.T10274A45195080. Downloaded on 20 June 2018.

Ahmim, M. (2014). Ecologie et biologie de la conservation des chiroptères de la région de la Kabylie des Babors (Algérie). Thèse de doctorat. Université Abderrahmane Mira Bejaia, Algérie. 183p.

Ahmim, M. (2019). Les mammifères sauvages d'Algérie: Répartition et Biologie de la Conservation. *Les Éditions du Net*. 289 p.

Ahmim, M., Lakouachet, D., & Aliane, D. (2021). Data on ethology and behavior of the striped hyena *Hyaena hyaena* (Linnaeus, 1758) under captive conditions in Algeria. *Biodiversity Int J*, 5(1), 19-23. <https://doi.org/10.15406/bij.2021.05.00193> .

Alam, M. S. (2011). Status, ecology and conservation of striped hyena (*Hyaena hyaena*) in Gir National Park and Sanctuary, Gujarat. PhD Thesis. Aligarh Muslim University, Aligarh, India.

Alam, M. S., & Khan, J. A. (2015). Food habits of striped hyena (*Hyaena hyaena*) in a semi-arid conservation area of India. *Journal of Arid Land*, 7(6), 860-866. <https://doi.org/10.1007/s40333-015-0007-2> .

Albert, R. (2001). Gene structure and gene flow in selected populations of spotted hyaena (*Crocuta crocuta*). Phd Thesis, Freie Universita et Berlin.

Albert, R., Hofer, H., East, M., & Pitra, C. (2000). Genetic identification of the geographic origin of spotted hyaenas (*Crocuta crocuta*). *Zoo. Gart*, 70, 1-10.

Allendorf, F. W., Luikart, G., & Aitken, S. N. (2007). Conservation and the genetics of populations. *Mammalia*, 2007(2007), 189-197.

Amroun, M., Giraudoux, P., & Delattre, P. (2006). A comparative study of the diets of two sympatric carnivores : the golden jackal (*Canis aureus*) and the common genet (*Genetta genetta*) in Kabylia, Algeria, *Mammalia*, 70(3-4), 247-254. <https://doi.org/10.1515/MAMM.2006.040> .

Amroun, M., Oubellil, D., & Gaubert, P. (2014). Trophic ecology of the golden jackal in Djurdjura National Park, Algeria. *Revue d'écologie - la terre et la vie*, 69(3-4), 304-317. <https://doi.org/10.3406/revec.2014.1753> .

Angot, A. (1881). Etude sur le climat de l'Algérie (température, pression barométrique et pluie). *Ann. Bull. Cent. Météo*. Paris,7-36p.

Angst, P., Ameline, C., Haag, C. R., Ben-Ami, F., Ebert, D., & Fields, P. D. (2022). Genetic drift shapes the evolution of a highly dynamic metapopulation. *Molecular Biology and Evolution*, 39(12), 4476-4491. <https://doi.org/10.1093/molbev/msac264>.

Ansonge, H., Kluth, G., & Hahne, S. (2006). Feeding ecology of wolves *Canis lupus* returning to Germany. *Acta Theriologica*, 51(1), 99-106. <https://doi.org/10.1007/BF03192661>.

Arthofer, W., Heussler, C., Krapf, P., Schlick-Steiner, B. C., & Steiner, F. M. (2018). Identifying the minimum number of microsatellite loci needed to assess population genetic structure: a case study in fly culturing. *Fly*, 12(1), 13-22. <https://doi.org/10.1080/19336934.2017.1396400>.

Atay, E., Kasapoğlu, A., & Çetin, İ. T. (2017). Status of Striped Hyaena (*Hyaena hyaena*) in Hatay and Şanlıurfa-Turkey. *Türk Tarım-Gıda Bilim ve Teknoloji dergisi*, 5(10), 1165-1172. <https://doi.org/10.24925/turjaf.v5i10.1165-1172.1295>.

Athreya, V., Odden, M., Linnell, J. D., Krishnaswamy, J., & Karanth, U. (2013). Big cats in our backyards: persistence of large carnivores in a human dominated landscape in India. *PloS one* (8) (3), e57872. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0057872>.

Babali, B. (2014). Contribution à une étude phytoécologique des monts de Moutas (Tlemcen Algérie occidentale) : Aspects syntaxonomique, biogéographique et dynamique. Thèse de Doctorat. Université de Tlemcen. 160 p.

Bagnouls, F., & Gaussen, H. (1953). The dry season and the xerothermic index. Université de Toulouse. 47 p.

Bareylenger, A., Avard, R., & Gathy, P. (1979). La forêt verilliant Carmane. IM prim, Liège, 611 p.

Barry, R. G., & Chorley, R. J. (2009). Atmosphere, weather and climate. London: Methuen. 536 p.

Benabadji, N., & Bouazza, M. (2000). Quelques modifications climatiques intervenues dans le Sud-Ouest de l'Oranie (Algérie Occidentale). *Revue des Energies Renouvelables*, 3(2), 117-125. <https://doi.org/10.54966/jreen.v3i2.916>.

Benabdeli, K. (1996). Mise en évidence de l'importance des formations basses dans la sauvegarde des écosystèmes forestiers : cas des monts de Dhaya (Algérie occidentale). *Ecologia mediterranea*, 22(3), 101-112.

Benest, M. (1985). Evolution de la plateforme de l'ouest algérien et du Nord-est marocain au cours du Jurassique supérieur et au début du crétacé : stratigraphie, milieu de dépôt et dynamique de sédimentation. Thèse de Doctorat, Université de Claude Bernard. Lyon. 367 p.

Bentabet, K. (2016). Contribution à l'étude du régime alimentaire hivernale et la cartographie d'habitat de l'Hyène rayée (*Hyaena hyaena*) au niveau de la réserve de chasse de Tlemcen. Mémoire de Master, Département des Ressources Forestières. Université de Tlemcen, Algérie, 71p.

Berte, S., Kouamelon, E. P., Ouattara, N. I., Kone, T., N'Douba, V., & Kouassi, N. J. (2008). Régime alimentaire de *Distichodus rostratus* (Characiformes, Distichodontidae) dans un bassin Ouest africain (fleuve Bandama, Côte d'Ivoire). *Sciences & Nature*, 5(2), 167-176. <https://doi.org/10.4314/scinat.v5i2.42162>.

Bhandari, S., & Chalise, M. K. (2016). People's attitudes toward Striped Hyaena (*Hyaena hyaena* Linnaeus, 1758) (Mammalia: Carnivora: Hyaenidae) conservation in lowland Nepal.

Journal of Threatened Taxa, 8(9),9125-9130. <https://doi.org/10.11609/jott.2518.8.9.9125-9130>.

Bhandari, S., Morley, C., Aryal, A., & Shrestha, U. B. (2020). The diet of the striped hyena in Nepal's lowland regions. *Ecology and Evolution*, 10(15), 7953-7962. <https://doi.org/10.1002/ece3.6223>.

Bon, C., Berthonaud, V., Maksud, F., Labadie, K., Poulain, J., Artiguenave, F., ... & Elalouf, J. M. (2012). Coprolites as a source of information on the genome and diet of the cave hyena. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 279(1739), 2825-2830. <https://doi.org/10.1098/rspb.2012.0358>.

Bopanna, I. P. (2013). Habitat use, ranging pattern and food habits of striped hyena (*Hyaena hyaena*) in Kutch, Gujarat. PhD Thesis, Wildlife Institute of India, Saurashtra University, Rajkot, Gujarat, India.

Borkowski, J., Zalewski, A., & Manor, R. (2011). Diet composition of golden jackals in Israel. *Annales Zoologici Fennici*, 48(2), 108-118. <https://doi.org/10.5735/086.048.0203>.

Bortoli, L., Gounot, M., & Jacquinet, J. C. (1969). Climatologie et bioclimatologie de la Tunisie septentrionale. Centre d'Etudes Phytosociologiques et Ecologiques [for the] Institut de Science Economique Appliquée (Centre d'Afrique du Nord)[and the] Gouvernement Tunisie, Secrétariat d'Etat au Plan et à l'Economie Nationale, 42(1), 235 p.

Bouazza, M., & Benabadji, N. (2010). Changements climatiques et menaces sur la végétation en Algérie occidentale. Changements climatiques et biodiversité. *Vuibert-APAS*, Paris, 101-110.

Bouazza, N. (2021). Analyse de la diversité phytoécologique du chêne zeen (*Quercus faginea subsp. tlemcenensis* (DC.) : cas de la réserve de Moutas (Tlemcen, Algérie occidentale). Thèse de doctorat. Université Djillali Liabes, Sidi Bel Abbes. 165 p.

Boudy, P. (1948). Économie forestière nord-africaine. Milieu physique et milieu humain, Tome 1. Larose, Paris. 686 p.

Bouskila, Y. (1984). The foraging groups of the striped hyena (*Hyaena hyaena syriaca*). *Carnivore*, 7, 2-12.

Brichetaux, J. (1954). Esquisse pédologique de la région de Tlemcen – Terni. Annales de l'Institut Agricole et des Services de Recherche et d'Expérimentation Agricoles de l'Algérie, 29 p.

Brosset, A. (1960). Les mammifères du Maroc oriental. Leur répartition.–Leur statut actuel. *Bull. Soc. Sci. Natur. Physiq. Maroc*, 40, 243-263.

Chaabane, A. (1993). Etude de la végétation du littoral septentrional de Tunisie : typologie, syntaxonomie et éléments d'aménagement. Thèse de Doctorat. Université Aix-Marseille 3.

Chakraborty, S., Srinivasulu, C., Jordan, M., & Bhattacharyya, T. P. (2005). *Lepus nigricollis* Cuvier, 1823. In Status of South Asian Non-volant Small Mammals: Conservation Assessment and Management Plan (CAMP). Workshop Report, Vol. 618.

Corson, P. J. (2005). Les grands prédateurs d'Afrique : biologie, éthologie et chasse. *Le gerfaut*, 82p.

Cuzin, F. (1996). Répartition actuelle et statut des grands mammifères sauvages du Maroc (Primates, Carnivores, Artiodactyles). *Mammalia*, 60(1), 101-124. <https://doi.org/10.1515/mamm.1996.60.1.101>.

Dahmani-Megrerouche, M. (1984). Contribution à l'étude des groupements à chêne vert (*Quercus rotundifolia* L. arnk) des Monts de Tlemcen. Approche phytoécologique et phytosociologie. Thèse de Doctorat. USTHB. Alger. 226 p.

Davidar, E. R. C. (1990). Observation at a hyena *Hyaena hyaena* den. *Journal of the Bombay Natural History Society*, 87, 445-447.

Day, M. G. (1966). Identification of hair and feather remains in the gut and faeces of stoats and weasels. *Journal of Zoology*, 148(2), 201-217.

Debrot, S., Mermoud, C., Fivaz, G., & Weber, J. M. (1982). Atlas des poils de mammifères d'Europe. Institut de zoologie de l'université de Neuchâtel, Suisse.

Derouiche, L., Rodrigues, M., Benameur-Hasnaoui, H., Aissa, R. H., Hassan-Beigi, Y., Madjdzadeh, S. M., & Fernandes, C. R. (2025). Mitochondrial DNA variation of the striped hyena (*Hyaena hyaena*) in Algeria and further insights into the species' evolutionary history. *bioRxiv*: preprint 3/2025. <https://doi.org/10.1101/2025.03.13.643148>.

Derouiche, L., Bounaceur, F., Benamor, N., Hadjloum, M., Benameur-Hasnaoui, H., Ounas, H., ... & Aulagnier, S. (2020). Distribution and status of the striped hyena *Hyaena hyaena* (Linnaeus, 1758)(Mammalia, Hyenidae) in Algeria. *Mammalia*, 84(5), 421-428.

Djebaili, S. (1984). Steppe algérienne phytosociologie et écologie. Office des publications universitaires, Alger.

Doumergue G. (1910). Carte géologique détaillée de l'Algérie au 1/50.000. *Feuille de Terni n°300*.

Drea, C. M., Coscia, E. M., & Glickman, S. E. (1998). *Hyenas*. In E. Knobil & J. D. Neill (Eds.), *Encyclopedia of reproduction*, Vol. 2. Academic Press.718–725.

Duchauffour, Ph. (1977). Pédologie 1. Pédogenèse et classification. Ed.Masson. Paris, 477 p.

Eddine, A. (2017). Eco-éthologie et diversité génétique du Loup doré d'Afrique (*Canis anthus*) en Algérie. Thèse doctorat.Université Abou Bekr Belkaid Tlemcen. 161 p.

Eddine, A., Mostefai, N., De Smet, K., Klees, D., Ansorge, H., Karssene, Y., & van der Leer, P. (2017). Diet composition of a newly recognized canid species, the African golden wolf

(*Canis anthus*), in northern Algeria. *Annales Zoologici Fennici*, 54(5-6), 347-356. <https://doi.org/10.5735/086.054.0506>.

Emberger, L. (1930). La végétation de la région méditerranéenne : Essai d'une classification des groupements végétaux. *Revue de Géographie Botanique*, 42, 341-404.

Emberger, L. (1942). Un projet de classification des climats du point de vue phytogéographique. *Bulletin de la Société d'Histoire Naturelle de Toulouse*, 77, 97-124.

Emberger, L. (1952). Sur le quotient pluviothermique. *CR Acad. Sci*, 234, 2508-2510, Paris.

Emberger, L. (1955). Une classification biogéographique des climats. Recueil Trav. Lab. Bot. Geol. Zool. Univ. Fac. Sci. Montpellier, 7(3.43).

Estes, J. A., Terborgh, J., Brashares, J. S., Power, M. E., Berger, J., Bond, W. J., & Wardle, D. A. (2011). Trophic downgrading of planet Earth. *Science*, 333(6040), 301-306. <https://doi.org/10.1126/science.1205106>.

Fairley, J. S., Ward, D. P., & Smal, C. M. (1987). Correction factors and mink faeces. *The Irish Naturalists' Journal*, 22(8), 334-336.

Faliu, L., Lignereux, Y. & Barrat, J. (1980). Identification des poils de mammifères pyrénéens. *Doñana Acta Vertebrata*, 7(2), 125-212.

Fellous, A., Wachter, T., De Smet, K., & Comizzoli, P. (2009). Inventaire de la faune sauvage des zones désertiques d'Algérie – Grand Erg Oriental. Sahara Conservation Fund. https://doczz.net/doc/1175558/etude-g%C3%A9n%C3%A9rale---sahara-conservation-fund?utm_source=chatgpt.com

Frankham, R. (2005). Genetics and extinction. *Biological conservation*, 126(2), 131-140. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2005.05.002>.

Frankham, R. (2010). Challenges and opportunities of genetic approaches to biological conservation. *Biological conservation*, 143(9), 1919-1927. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2010.05.011>

Gupta, S., Mondal, K., Sankar, K., & Qureshi, Q. (2009). Estimation of striped hyena *Hyaena hyaena* population using camera traps in Sariska Tiger Reserve, Rajasthan, India. *Journal of the Bombay Natural History Society*, 106(3), 284.

Hamdine, W., Thevenot, M., Sellami, M. & De Smet, K. 1993 : Régime alimentaire de la Genette (*Genetta genetta* Linne', 1758) dans le parc national du Djurdjura, Algérie. *Mammalia* 57 : 9-18.

Harihar, A., Ghosh, M., Fernandes, M., Pandav, B., & Goyal, S. P. (2010). Use of photographic capture-recapture sampling to estimate density of striped hyena (*Hyaena hyaena*): implications for conservation. *Mammalia: International Journal of the Systematics, Biology & Ecology of Mammals*, 74(1), 83-87. <https://doi.org/10.1515/mamm.2010.011>.

Heidari, L., Kaboodvandpour, S., Ghaffari, H., Adibi, M. A., & Ghaderi, E. (2018). Genetic diversity of the Iranian Stripped hyaena (*Hyaena hyaena* Linnaeus,1753), Using Mitochondrial ND2 Gene. *Taxonomy and Biosystematics*, 10(36), 71-82. <https://doi.org/10.22108/tbj.2019.115409.1084>.

Howard, C. (1999). *Hyaena hyaena*. On-line, Animal Diversity Web. Accessed May, 16, 2023. http://animaldiversity.org/accounts/Hyaena_hyaena/.

Hofer, H., & Mills, G. (1998). Hyaenas: status survey and conservation action plan

Hu, J., Westbury, M. V., Yuan, J., Zhang, Z., Chen, S., Xiao, B., ... & Sheng, G. (2021). Ancient mitochondrial genomes from Chinese cave hyenas provide insights into the evolutionary history of the genus *Crocuta*. *Proceedings of the Royal Society B*, 288(1943), 20202934. <https://doi.org/10.1098/rspb.2020.2934>.

Ilani, G. (1975). Hyenas in Israel. Israel. *Land and Nature*, 16, 10-18.

IPBES, W. (2019). Intergovernmental science-policy platform on biodiversity and ecosystem services. Summary for policy makers of the global assessment report on biodiversity and ecosystem services of the intergovernmental science-policy platform on biodiversity and ecosystem services. *IPBES* Secretariat, Bonn, Germany. 1148 p. <https://doi.org/10.5281/zenodo.3831673>.

Jaffré, N. (2007). La reproduction des Hyénidés et du Lycaon : étude bibliographique. Thèse de doctorat vétérinaire. Faculté de médecine de Creteil, 83 p.

Jedrzejewska, B., & Jedrzejewski, W. (1998). Predation in vertebrate communities: the Bialowieza Primeval Forest as a case study. Vol. 135. *Springer Science & Business Media*. 443 p.

Kasperek, M., Kasperek, A., Gözcelioğlu, B., Çolak, E., & Yiğit, N. (2004). On the status and distribution of the Striped Hyaena, *Hyaena hyaena*, in Turkey. *Zoology in the Middle East*, 33(1), 93-108. <https://doi.org/10.1080/09397140.2004.10638068>.

Kerbis-Peterhans, J. C., & Horwitz, L. K. (1992). A bone assemblage from a striped hyaena (*Hyaena hyaena*) den in the Negev Desert, Israel. *Israel Journal of Zoology*, 37(4), 225-245. DOI : 10.1080/00212210.1992.10688657.

Khias, K. (1986). Etude de l'organisation sociale et territoriale du chacal (*Canis aureus algeriensis*, Wagner, 1841) dans le Parc National de Djurdjura. Thèse de Magister, Université Houari Boumediene, Alger. 82 p.

Khorozyan, I., Malkhasyan, A., & Murtskhvaladze, M. (2011). The striped hyaena *Hyaena hyaena* (Hyaenidae, Carnivora) rediscovered in Armenia. *Folia Zoologica*, 60(3), 253-261. <https://doi.org/10.25225/fozo.v60.i3.a10.2011>.

Klare, U. N. N., Kamler, J. F., Stenkewitz, U. T. E., & Macdonald, D. W. (2010). Diet, prey selection, and predation impact of black-backed jackals in South Africa. *Journal of Wildlife Management*, 74(5), 1030-1041. <https://doi.org/10.2193/2009-211>.

Koepfli, K. P., Jenks, S. M., Eizirik, E., Zahirpour, T., Van Valkenburgh, B., & Wayne, R. K. (2006). Molecular systematics of the Hyaenidae: relationships of a relictual lineage resolved by a molecular supermatrix. *Molecular phylogenetics and evolution*, 38(3), 603-620. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2005.10.017>.

Kowalski K, Rzebiak Kowalska B. (1991). Mammals of Algeria. Polish Academy of Sciences, Institute of Systematics and Evolution of Animals, Ossolineum 370 p.

Kruuk, H. (1976). Feeding and social behavior of the striped hyaena (*Hyaena vulgaris* Desmarest). *East African Wildlife Journal*, 14(2), 91–111.

Kruuk, Hans. 1972. The Spotted Hyena: A Study of Predation and Social Behavior. Chicago: University of Chicago Press.

Lande, R. (1995). Mutation and conservation. *Conservation biology*, 9(4), 782-791. <https://doi.org/10.1046/j.1523-1739.1995.09040782.x>.

Lande, R. (1998). Anthropogenic, ecological and genetic factors in extinction and conservation. *Researches on population ecology*, 40(3), 259-269.

Le Houérou, H. N. (1975). Le cadre bioclimatique des recherches sur les herbacées méditerranéennes. *Geographia Mediterranea*, 21, 95–144.

Leakey, L. N., Milledge, S. A. H., Leakey, S. M., Edung, J., Haynes, P., Kiptoo, D. K., & McGeorge, A. (1999). Diet of striped hyaena in northern Kenya. *African Journal of Ecology*, 37(3), 314-326. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2028.1999.00180.x>.

Letreuch-Belarouci, A. (2002). Compréhension du processus de dégradation de la subéraie de Tlemcen et possibilités d'installation d'une réserve forestière. Mémoire de Magister. Université de Tlemcen. 205 p.

Linnaeus, C. (1758). *Systema naturae per regna tria naturae*. (10e éd., Vol. 1). Holmiae: Laurentii Salvii.

Litvaitis, J. A. (2000). Investigating food habits of terrestrial vertebrates. In: Pearl, M.C., Boitani, L. & Fuller, T. K. (eds). *Research techniques in animal ecology controversies and consequences*. Columbia University Press, New York, USA. 165-190.

Lodé, T. (1989). Dynamique des relations trophiques de *Mustela putorius* et de ses proies : signification adaptative des variabilités interindividuelles des stratégies de prédation. Thèse de doctorat. Université de Rennes 1.

Macdonald, D. W. (1978). Observations on the behaviour and ecology of the striped hyaena, *Hyaena hyaena*, in Israel. *Israel Journal of Zoology*, 27(4), 189-198.

Macdonald, D. W. (2009). *The encyclopedia of mammals*. Oxford University Press.

- Mandal, D., Qureshi, Q., & Sankar, K. (2018). Diet of Striped hyena (*Hyaena hyaena*) in a semi-arid protected area of Western India. *Journal of Scientific Transactions in Environment and Technovation*, 11 (3), 117 – 123.
- Medail, F., & Quezel, P. (1996). Signification climatique et phyto-écologique de la redécouverte en France méditerranéenne de *Chamaerops humilis* L.(Palmae). *Comptes rendus de l'Académie des sciences. Série 3, Sciences de la vie*, 319(2), 139-145.
- Mills, M. G. L. (1983). Behavioural mechanisms in territory and group maintenance of the brown hyaena, *Hyaena brunnea*, in the southern Kalahari. *Animal Behaviour*, 31(2), 503–510.
- Mills, M. G. L., & Hofer, H. (1998). *Hyaenas: Status survey and conservation action plan*. Gland, Switzerland: IUCN/SSC Hyaena Specialist Group. 156 p.
- Moleón, M., Sánchez-Zapata, J. A., Sebastián-González, E., & Owen-Smith, N. (2015). Carcass size shapes the structure and functioning of an African scavenging assemblage. *Oikos*, 124(10), 1391-1403. <https://doi.org/10.1111/oik.02222>.
- Monterroso, P., Godinho, R., Oliveira, T., Ferreras, P., Kelly, M. J., Morin, D. J., & Mills, L. S. (2019). Feeding ecological knowledge: the underutilised power of faecal DNA approaches for carnivore diet analysis. *Mammal Review*, 49(2), 97-112. <https://doi.org/10.1111/mam.12144>.
- Mostefai, N., Sellami, M., Grenot, C. (2003). Contribution à la connaissance du régime alimentaire de la genette commune (*Genetta genetta*) dans la réserve cynégétique de Moutas, Tlemcen (Algérie). *Bulletin de la Société zoologique de France*, 128(3), 227-237.
- Mwebi, O., Ogara, W., Adhola, T., Fourvel, J. B., & Brugal, J. P. (2024). Striped hyena *Hyaena hyaena* (Linnaeus 1758): feeding ecology based on den prey remains in a pastoralist landscape, southern Kenya. *Mammalia*, 88(5), 384-399. <https://doi.org/10.1515/mammalia-2024-0008>.
- Nadeem, M. S., Naz, R., Shah, S. I., Beg, M. A., Kayani, A. R., Mushtaq, M., & Mahmood, T. (2012). Season-and locality-related changes in the diet of Asiatic jackal (*Canis aureus*) in Potohar, Pakistan. *Turkish Journal of Zoology*, 36(6), 798-805. <https://doi.org/10.3906/zoo-1109-16>.
- Ogada, D. L., Keesing, F., & Virani, M. Z. (2012). Dropping dead: causes and consequences of vulture population declines worldwide. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1249(1), 57-71. <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.2011.06293.x>.
- Ouborg, N. J., Pertoldi, C., Loeschcke, V., Bijlsma, R. K., & Hedrick, P. W. (2010). Conservation genetics in transition to conservation genomics. *Trends in genetics*, 26(4), 177-187. <https://doi.org/10.1016/j.tig.2010.01.001>.
- Oubellil D., 2011. Sélection de l'habitat et écologie alimentaire du chacal doré dans le parc national du Djurdjura. Mémoire. Magister. Université de Tizi Ouzou, 69p.
- Ozenda, P. 1954. Observations sur la végétation d'une région semi-aride: Les Hauts-Plateaux du Sud-Algerois. *Soc. Hist. Nat. Afrique Nord*, Bull. 45: 189-233

- Parris, J. (2013). Microsatellite Analysis of Fragmented Populations of Brown Hyena (*Hyaena Brunnea*) within and between protected sites in South Africa. Doctoral dissertation, University of Brighton.
- Qarqaz, M. A., Abu Baker, M. A., & Amr, Z. S. (2004). Status and ecology of the Striped Hyena, *Hyaena hyaena*, in Jordan. *Zoology in the Middle East*, 33(1), 87-92. <https://doi.org/10.1080/09397140.2004.10638067>.
- Quézel, P., Barbero, M., Bonin, G., & Loisel, R. (1992). Pratiques agricoles et couvert forestier en région méditerranéenne humide et sub-humide. *Montagnes et forêts méditerranéennes. Agriculture et transformation des terres dans le bassin méditerranéen*, 71-90.
- Ramade, F. (2003). *Eléments d'écologie : écologie fondamentale*. 5ème Edition, Dunod, Paris. 690 p.
- Rieger, I. (1978). Social behaviour of the striped hyena at Zurich Zoo. *Carnivore*, 1(2), 49-60.
- Rieger, I. (1979). A review of the biology of striped hyaenas, *Hyaena hyaena* (Linne, 1758). *Saeugetierkd. Mitt.* 2: 81-95.
- Rieger, I. (1979b). Beobachtungen zur Aufzucht von Streifenhyänen, *Hyaena hyaena*. *Vierteljahresschr. Naturf. Ges. Zürich*, 124, 169-183.
- Rieger, I. (1979c). Breeding the Striped hyena. *International Zoo Yearbook*, 19(1), 193-198.
- Rieger, I. (1981): *Hyaena hyaena*. - The American Society of Mammalogists, *Mammalian species* (150), 1-5.
- Ripple, W. J., Estes, J. A., Beschta, R. L., Wilmers, C. C., Ritchie, E. G., Hebblewhite, M., & Wirsing, A. J. (2014). Status and ecological effects of the world's largest carnivores. *Science*, 343(6167), 151–163. <https://doi.org/10.1126/science.1241484>.
- Rohland, N., Pollack, J. L., Nagel, D., Beauval, C., Airvaux, J., Pääbo, S., & Hofreiter, M. (2005). The population history of extant and extinct hyenas. *Molecular biology and evolution*, 22(12), 2435-2443. DOI: 10.1093/molbev/msi244.
- Sauvage, C. (1961). Recherche phytogéographique sur les suberaies marocaines. *Travaux de l'Institut Scientifique Chérifien, Série botanique*, 21, Rabat, Maroc. 464 p.
- Selmoun-Ourdani, K., Dheer, A., Karar, M., Fritas, S., Amroun, M., Zemmouri-Boukhemza, N., & Wiesel, I. (2024). Understanding habitat suitability and road mortality for the conservation of the striped hyaena (*Hyaena hyaena*) in Batna (East Algeria). *Mammalia*, 88(5), 368-383. <https://doi.org/10.1515/mammalia-2022-0095>.
- Seltzer, P. (1946). *Le climat de l'Algérie*. Alger, Algérie. Institut de Météorologie et de Physique du Globe, 219 p.

- Singh, P., Gopaldaswamy, A. M., & Karanth, K. U. (2010). Factors influencing densities of striped hyenas (*Hyaena hyaena*) in arid regions of India. *Journal of Mammalogy*, 91(5), 1152-1159. <https://doi.org/10.1644/09-MAMM-A-159.1>.
- Skinner, J. D., & Ilani, G. (1979). The striped hyaena *Hyaena hyaena* of the Judean and Negev Deserts and a comparison with the brown hyaena *H. brunnea*. *Israel Journal of Zoology*, 28(4), 229-232.
- Spielman, D., Brook, B. W., & Frankham, R. (2004). Most species are not driven to extinction before genetic factors impact them. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 101(42), 15261-15264. <https://doi.org/10.1073/pnas.0403809101>.
- Teerink, B. J. (1991). *Hair of West European Mammals*. Cambridge University Press, 224 p.
- Terborgh, J., & Estes, J. A. (2013). *Trophic cascades: predators, prey and the changing dynamics of nature*. Washington, DC: Island press. 488p.
- Thornton, D. H., Sunquist, M. E., & Main, M. B. (2004). Ecological separation within newly sympatric populations of coyotes and bobcats in south-central Florida. *Journal of Mammalogy*, 85(5), 973-982. <https://doi.org/10.1644/BEH-020>.
- Tourani, M., Moqanaki, E. M., & Kiabi, B. H. (2012). Vulnerability of striped hyaenas, *Hyaena hyaena*, in a human-dominated landscape of Central Iran. *Zoology in the Middle East*, 56(1), 133-136. <https://doi.org/10.1080/09397140.2012.10648948>.
- Väli, Ü., Brandström, M., Johansson, M., & Ellegren, H. (2008). Insertion-deletion polymorphisms (indels) as genetic markers in natural populations. *BMC genetics*, 9: 8. <https://doi.org/10.1186/1471-2156-9-8>.
- Wagner, A. P. (2006). *Behavioral ecology of the striped hyena (Hyaena hyaena)*. PhD thesis, Montana State University, 177p.
- Wagner, A. P., Frank, L. G., & Creel, S. (2008). Spatial grouping in behaviourally solitary striped hyaenas, *Hyaena hyaena*. *Animal Behaviour*, 75(3), 1131-1142. <https://doi.org/10.1016/j.anbehav.2007.08.025>.
- Weaver, J. L. (1993). Refining the equation for interpreting prey occurrence in gray wolf scats. *The Journal of wildlife management*, 53(3), 534-538. <https://doi.org/10.2307/3809278>.
- Werdelin, L., & Solounias, N. (1991). The Hyaenidae: Taxonomy, systematics and evolution. *In Fossils and strata*, 30,1-104.
- Werdelin, L., & Solounias, N. (1996). The evolutionary history of hyaenas in Europe and western Asia during the Miocene. *The Evolution of Western Eurasian Miocene Mammal Faunas*. Columbia University Press, New York. 290-306.
- Westbury, M. V., Hartmann, S., Barlow, A., Preick, M., Ridush, B., Nagel, D., & Hofreiter, M. (2020). Hyena paleogenomes reveal a complex evolutionary history of cross-continental gene flow between spotted and cave hyena. *Science Advances*, 6(11): eaay0456. <https://doi.org/10.1126/sciadv.aay0456>

Westbury, M. V., Hartmann, S., Barlow, A., Wiesel, I., Leo, V., Welch, R., & Hofreiter, M. (2018). Extended and continuous decline in effective population size results in low genomic diversity in the world's rarest hyena species, the brown hyena. *Molecular biology and evolution*, 35(5), 1225-1237. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy037>.

Westbury, M. V., Le Duc, D., Duchêne, D. A., Krishnan, A., Prost, S., Rutschmann, S., & Hofreiter, M. (2021). Ecological specialization and evolutionary reticulation in extant Hyaenidae. *Molecular biology and evolution*, 38(9), 3884-3897. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab055>.

Willi, Y., Van Buskirk, J., & Hoffmann, A. A. (2006). Limits to the adaptive potential of small populations. *Annu. Rev. Ecol. Evol. Syst.*, 37(1), 433-458. <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.37.091305.110145>.

WWF. (2022). Rapport Planète Vivante 2022 - Pour un bilan « nature » positif. Almond, R.E.A., Grooten, M., Juffe Bignoli, D. & Petersen, T. (Eds). WWF, Gland, Suisse

ملخص:

الهدف من هذه الأطروحة هو تحليل النظام الغذائي للضبع المخطط (هياينا هياينا)، مع تقديم معطيات وراثية أولية حول تحديد وتنوع الوراثة للمجموعة الحيوانية المحلية. أجريت دراسة البيئة الغذائية في محمية الصيد في تلمسان، استناداً إلى 197 عينة من البراز تم جمعها على مدى ثلاث سنوات متتالية (2016-2019). وقد أظهرت هذه التحليلات الطابع العام والانتهازي لهذا الحيوان المفترس الذي يتغذى على الجيف. وتبين أن نظامه الغذائي متنوع للغاية، حيث يشمل الثدييات والطيور والزواحف والحشرات والفواكه والنباتات، فضلاً عن النفايات البشرية. ومع ذلك، تمثل الثدييات، ولا سيما الخنازير البرية، التي تبلغ نسبة تواجدها 34.52٪ وكتلتها الحيوية 36.29٪، المورد الرئيسي، مما يؤكد أن هذا النوع ليس أكل جيف حصرياً بل يمارس أيضاً افتراضاً نشطاً. علاوة على ذلك، فإن التواجد المتكرر للفواكه والنباتات، بنسبة كبيرة تختلف حسب المواسم، يوضح مرونتها البيئية وقدرتها على التكيف مع تقلبات توافر الغذاء. يتم استهلاك أنواع الطعام الأخرى (الزواحف والحشرات والطيور والنفايات العضوية) بكميات قليلة لتكملة نظامها الغذائي.

شمل التحليل الجيني 96 عينة تم جمعها من خمس مناطق في شمال الجزائر. ومن بينها، تم الحصول على 64 تسلسلاً قابلاً للاستخدام لجين السييتوكروم ب الميتوكوندريا و42 عينة في منطقة الحلقة التنظيمية. وأكدت جميع التسلسلات الانتماء إلى الضبع المخطط. وكشفت التحليلات عن نمط جيني فريد لكل جزء تمت دراسته، مما يدل على غياب التباين الوراثة داخل التجمع الحيواني وانخفاض شديد في مستوى التنوع الجيني. وتؤكد المقارنة مع البيانات المتاحة على الصعيد الدولي أن هذا التباين الضعيف يندرج في إطار اتجاه عام لوحظ لدى هذه الفصيلة. علاوة على ذلك، أظهر تحليل موقعين من الميكروساتلايت على 46 عينة تنوعاً محدوداً في الأليلات. وتشير هذه النتائج إلى وجود تجانس جيني ملحوظ داخل تجمعات الضبع المخطط في الجزائر.

الكلمات المفتاحية: الضبع المخطط، الجزائر، البيئة الغذائية، علم الوراثة، أحادية الشكل.

Trophic ecology and genetics of the striped hyena (*Hyaena hyaena*) in Algeria

Abstract:

The aim of this thesis is to analyse the diet of the striped hyena (*Hyaena hyaena*), while providing preliminary genetic data on the identification and genetic diversity of the local population. The trophic ecology study was conducted in the Tlemcen hunting reserve, based on 197 faecal samples collected over a period of three consecutive years (2016-2019). This analysis highlighted the generalist and opportunistic nature of this scavenging carnivore. Its diet was found to be particularly diverse, including mammals, birds, reptiles, insects, fruit, plants and human waste. However, mammals, particularly wild boar, with an occurrence frequency of 34.52% and a biomass of 36.29%, represent the main resource, confirming that this species is not exclusively a scavenger but also actively hunts. Furthermore, the recurring presence of fruit and plants, with a significant rate varying according to the seasons, illustrates its ecological plasticity and its ability to adapt to fluctuations in food availability. Other types of food (reptiles, insects, birds and organic waste) are consumed in small quantities to supplement its diet. The genetic analysis was conducted on 96 samples collected from five regions in northern Algeria. Among them, 64 exploitable sequences were obtained for the mitochondrial Cytochrome b gene and 42 for the control region (D-loop). All sequences confirmed their belonging to the striped hyena. The analyses revealed a single haplotype for each fragment studied, indicating the absence of intra-population polymorphism and a very low level of genetic diversity. Comparison with available international data confirms that this low variability reflects a global pattern observed in the species. Furthermore, the analysis of two microsatellite loci performed on 46 samples also showed limited allelic diversity. These results suggest a marked genetic homogeneity of the Algerian population.

Keywords: Striped hyena, Algeria, trophic ecology, genetics, monomorphism.

Écologie trophique et génétique de la hyène rayée (*Hyaena hyaena*) en Algérie

Résumé :

L'objectif de ce travail de thèse est l'analyse du régime alimentaire de la hyène rayée (*Hyaena hyaena*), tout en apportant des données génétiques préliminaires sur l'identification et la diversité génétique de la population locale de Tlemcen. L'étude de l'écologie trophique a été menée au sein de la réserve de chasse de Tlemcen, à partir de 197 fèces collectées sur une période de trois années consécutives (2016-2019). Cette analyse a permis de mettre en évidence le caractère généraliste et opportuniste de ce carnivore charognard. Son régime alimentaire s'est révélé particulièrement diversifié, comprenant des mammifères, des oiseaux, des reptiles, des insectes, des fruits, des végétaux, ainsi que des déchets d'origine humaine. Les mammifères, en particulier le sanglier, avec une fréquence d'occurrence de 34,52 % et une biomasse de 36,29 %, représentent toutefois la ressource principale, confirmant que cette espèce n'est pas exclusivement charognarde mais pratique également une prédation active. Par ailleurs, la présence récurrente de fruits et de végétaux, avec un taux important variant selon les saisons, illustre sa plasticité écologique et sa capacité d'adaptation aux fluctuations de la disponibilité alimentaire. Les autres types d'aliments (reptiles, insectes, oiseaux et déchets organiques) sont consommés en faible quantité pour compléter son régime.

L'analyse génétique a porté sur 96 échantillons collectés dans cinq régions du nord de l'Algérie. Parmi eux, 64 séquences exploitables ont été obtenues pour le gène mitochondrial Cytochrome b et 42 pour la région de contrôle (D-loop). L'ensemble des séquences a confirmé l'appartenance à la Hyène rayée. Les analyses ont révélé un haplotype unique pour chaque fragment étudié, indiquant une absence de polymorphisme intra-populationnel et une très faible diversité génétique. La comparaison avec les données disponibles à l'échelle internationale confirme que cette faible variabilité s'inscrit dans une tendance globale observée chez l'espèce. Par ailleurs, l'analyse de deux loci microsatellites réalisée sur 46 échantillons a également mis en évidence une diversité allélique limitée. Ces résultats suggèrent une homogénéité génétique marquée de la population algérienne.

Mots-clés : Hyène rayée, Algérie, écologie trophique, génétique, monomorphisme.