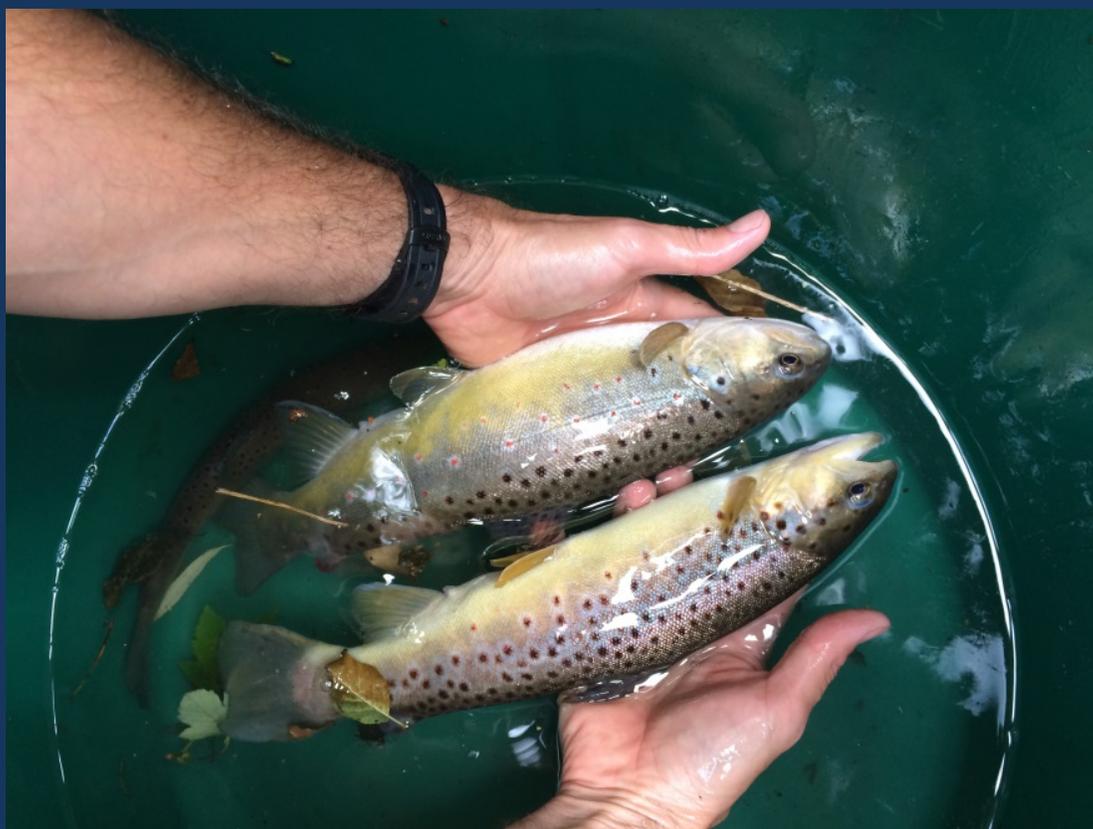


# Etude génétique des truites d'Indre-et-Loire le Calais (Indre) et le Rémillon (Creuse) dans le cadre du projet national Genetrutta

## Rapport GT-I&L



Sauvage? Domestique? Les truites du Rémillon ©FD37

Analyses statistiques et rédaction: Patrick BERREBI  
Institut des Sciences de l'Evolution, Université Montpellier 2  
Tél: 04 67 14 37 32, Mél: [patrick.berrebi@univ-montp2.fr](mailto:patrick.berrebi@univ-montp2.fr)

Analyses moléculaires: David SCHIKORSKI  
Laboratoire Genindexe, 6, Rue des Sports, 17000 La Rochelle  
Tél: 05 46 30 69 66, Mél: [d.schikorski@genindexe.com](mailto:d.schikorski@genindexe.com)



## 1. Introduction

La gestion raisonnée des truites de nos rivières nécessite de pouvoir distinguer d'une part les truites sauvages des domestiques issues d'alevinages, et d'autre part les différentes lignées génétiques naturelles d'une région. Cette description de la structure génétique des truites est un outil nécessaire à l'application de gestions adaptées à chaque cas. Une zone à truites très majoritairement naturelles montre, si les populations sont en bonne santé démographique, que tout alevinage est inutile. Deux populations naturelles génétiquement différenciées, même voisines, même amont/aval d'une rivière, ne devraient pas subir de translocation (à l'occasion de pêche de sauvetage par exemple). Une population essentiellement domestique à la limite aval de la zone salmonicole a probablement besoin d'un maintien de l'alevinage. Chaque population analysée doit être considérée différemment.

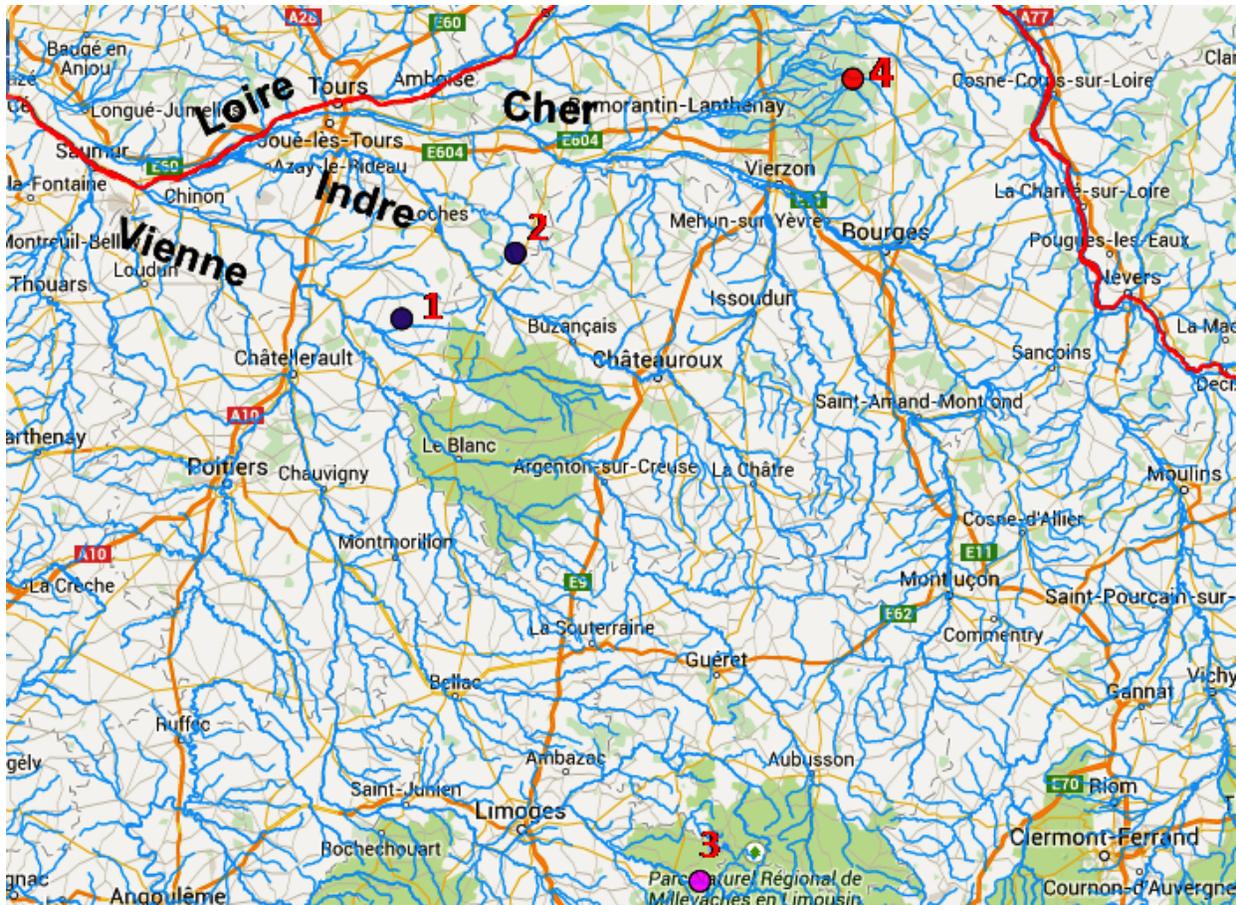
Les analyses effectuées sur les truites du projet GT-I&L (rivières Calais et Rémillon) à la suite des pêches d'octobre 2014, fournissent ces données de base nécessaires à la gestion adaptée de ces populations. Les diverses analyses statistiques appliquées ici ont pour but de décrire la présence domestique dans la région, de rechercher les structures géographiques naturelles, d'alerter sur les populations apparemment trop peu diversifiées (mortalité récente...) et de décrire tout autre phénomène génétique ou démographique qui pourrait intéresser les gestionnaires.

D'autre part, cette étude entre dans le cadre du projet national GENETRUTTA qui se propose de décrire la structure génétique des truites au niveau national, c'est à dire incluant tous les bassins hydrographiques français. Les résultats obtenus ici seront inclus dans le rapport GT2015 qui doit paraître en décembre 2015.

## 2. Echantillonnage

L'échantillonnage des truites analysées ici a été constitué par la Fédération Départementale pour la Pêche et la Protection du Milieu Aquatique d'Indre-et-Loire (FD37) lors des pêches électriques du 16 août et du 8 octobre 2014. Un total de 27 échantillons (morceaux de nageoires conservés dans des tubes d'alcool) a été remis à l'Institut des Sciences de l'Evolution (ISEM) de l'Université de Montpellier (UM) le 24 octobre 2014. Grégoire Ricou est le correspondant de la FD37 auprès de l'ISEM.

La distribution géographique des stations est précisée à la Figure 1. La composition et les caractéristiques des échantillons sont présentées au Tableau 1. Aux nouveaux échantillons ont été rajoutés pour comparaison des échantillons de truites de rivières géographiquement proches déjà analysés dans le passé et un échantillon domestique. L'ensemble des données permettra de produire des résultats interprétables.



**Figure 1** : Répartition géographiques des 2 échantillons analysés dans le présent rapport (points noirs) et des populations de référence (points roses). Les numéros de stations et les détails techniques sont donnés au Tableau 1. Trait rouge = la Loire.

N° carte	Station	Réseau	Dpt.	Nbre	Date	N° Gensalm ou Genetrutta	N° ISEM échantillon	N° ISEM individus	Rapport
1	Calais	Indrois-Indre-Loire	37	7	2014	GT-087	L636	T27576-T27582	GT-letL
2	Rémillon	Aigronne-Claise-Creuse-Vienne-Loire	37	20	2014	GT-088	L637	T27583-T27602	GT-letL
3	Vienne amont	Vienne-Loire	87	30	2008	GS-33	L227	T16038-T16067	GSALM2
4	Petite Sauldre	Sauldre-Cher-Loire	18	20	2011	GT.051	L404	T20045-T20064	GT2013
5	pisciculture Isère	-	38	30	2008	GS-37	L266	T16926-T16955	GSALM2

**Tableau 1** : caractéristiques des échantillons analysés lors de la présente étude (en jaune). Ont été rajoutés des échantillons de référence (bas du tableau) dont un échantillon de pisciculture (en gris).

## 3. Méthodes

### 3a. Méthodes moléculaires

Chaque truite a été génotypée (détermination des deux allèles provenant de ses deux parents) au niveau de 12 locus microsatellites (Oneµ9, Mst85, Ss0SL-311, Omy21DIAS, Mst543, SSoSI-438, Sf01, Ssa197, Omm1105, SSoSI-417, Str591, et StrBS-131).

Les génotypes obtenus ont permis de construire la matrice de données à la base de tous les calculs qui suivent.

### 3b. Méthodes statistiques

Classiquement, trois types d'analyses statistiques permettent de comprendre la structure, la composition et parfois l'histoire des peuplements analysés.

- L'**analyse multidimensionnelle** (ici l'Analyse Factorielle des Correspondances ou AFC traitée par le logiciel GENETIX) est considérée comme un débroussaillage rapide des données faisant apparaître les grandes lignées présentes dans les échantillons analysés et dans les échantillons de référence.

- L'**analyse d'Assignment** (ici avec le logiciel STRUCTURE) recherche le meilleur découpage de l'ensemble des truites analysées de façon à regrouper celles qui se ressemblent le plus et pourraient appartenir à la même population (sous-groupes à l'équilibre génétique). La partie la plus délicate est de déterminer le nombre de sous-groupes le plus pertinent (K). K est automatiquement déterminé par la méthode d'Evanno grâce au logiciel en ligne STRUCTURE HARVESTER. C'EST UNE AIDE A LA DECISION, mais les autres valeurs de K peuvent aussi être explorées.

- Les **paramètres populationnels** sont de divers types. Certains décrivent la diversité génétique de chaque population (Hnb, Ho et A); un autre y décrit l'équilibre panmictique (reproduction au hasard de toutes les truites de la population) : le Fis; un autre détermine la quantité de différence génétique entre populations prises 2 à 2 (le Fst).

Ces paramètres permettent d'interpréter les résultats génétiques.

## 4. Résultats

### 4a. Analyse multidimensionnelle

La Figure 2 positionne chaque truite (= un point) dans un hyperespace mathématique. Ce diagramme permet de voir les regroupements (= nuages) caractéristiques des types génétiques en présence dans l'échantillonnage total (échantillons de la présente étude et échantillons de référence).

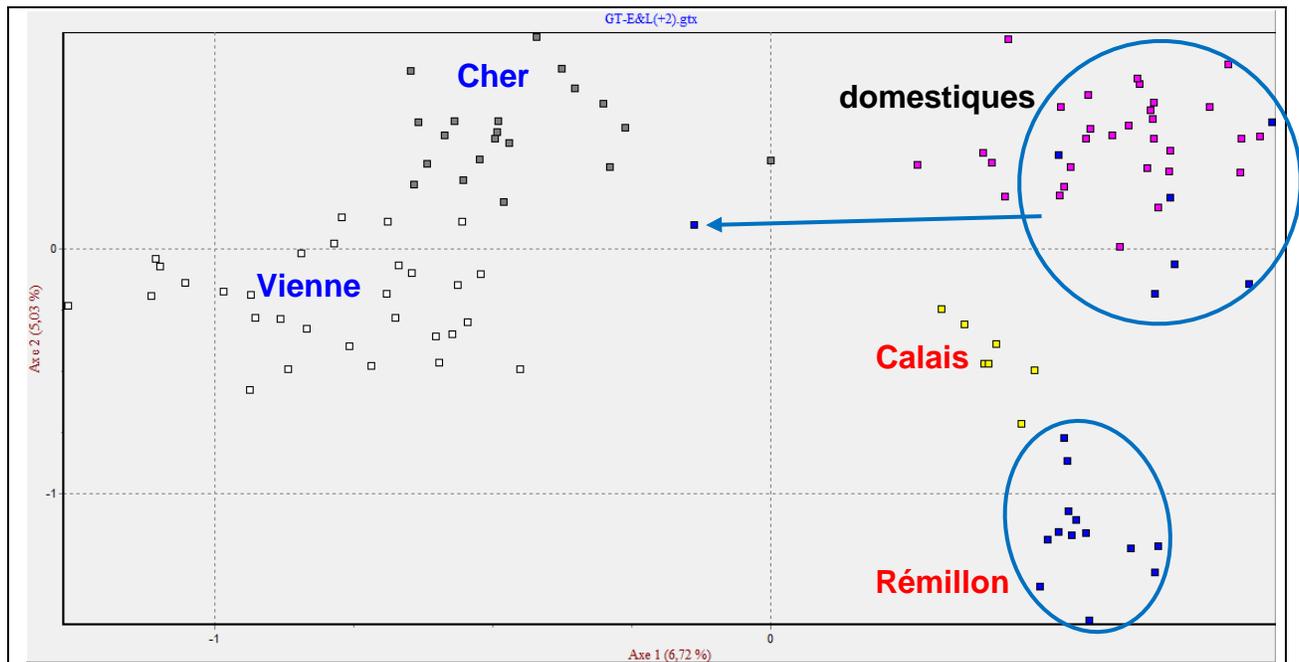
L'analyse est polarisée de deux façons:

- le long de l'axe 1 horizontal (le plus informatif), nous trouvons les références locales à gauche (Vienne et Cher) et les échantillons nouveaux et domestiques à droite;

- le long de l'axe 2 vertical, les domestiques sont en haut et les échantillons de cette étude en bas.

L'échantillon Rémillon présente une structure double (les deux ellipses de la Figure 2): des truites sauvages proches de celles du Calais et des truites identiques aux domestiques, donc probablement nées en pisciculture. Les hybrides sont absents, situés généralement entre les

lignées parentales, ce qui n'est pas le cas ici. Une truite est étrangement positionnée à proximité des références Vienne et Cher (point de la flèche).



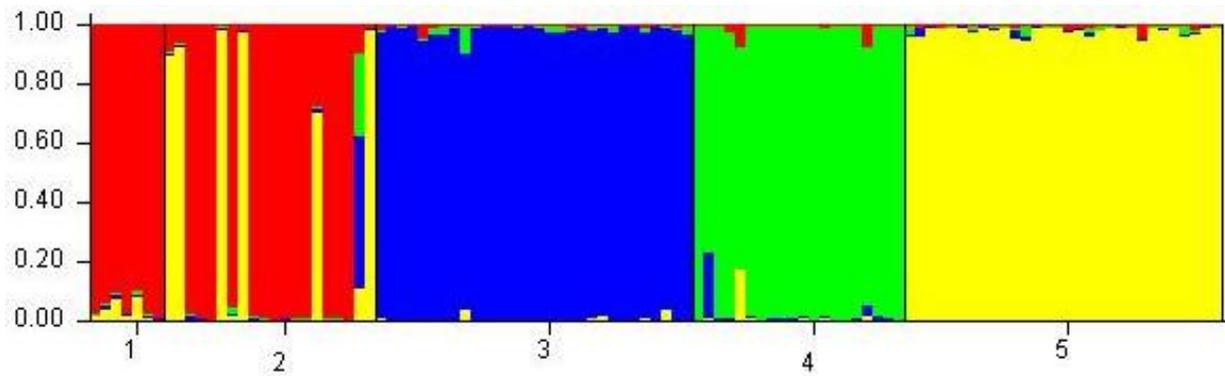
**Figure 2 :** Positionnement de toutes les truites génotypées (de la présente étude et des échantillons de référence) dans un hyperspace dont le graphique présente une version simplifiée à deux dimensions. Globalement cette analyse met en relief une nette divergence entre les échantillons de référence locaux (amont de la Vienne et Cher, à gauche du graphique), les truites domestiques (en haut à droite) et les échantillons Calais-Rémillon en bas à droite. Cette dernière population (échantillon 2, ellipse bleue du bas) héberge 6 truites nées en pisciculture (ellipse bleue du haut) et une truite de composition complexe (extrémité de la flèche).

#### 4b. Analyse d'assignation

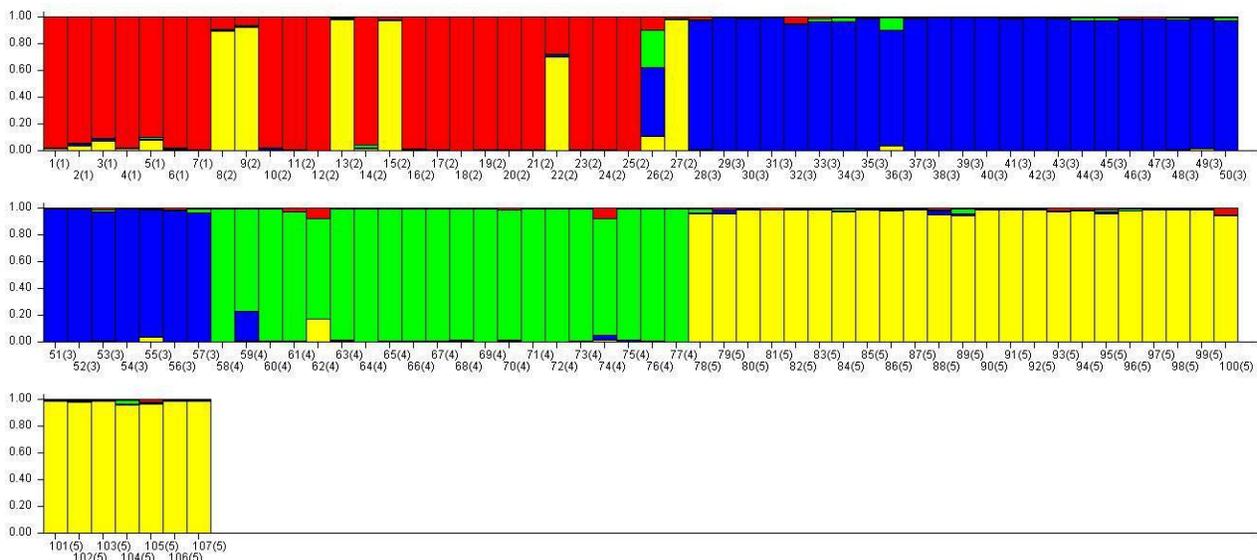
L'analyse d'assignation permet de découper l'échantillonnage total (truites de la présente étude et des échantillons de référence) en K sous-unités en équilibre populationnel, sans information sur l'appartenance de chaque truite à un échantillon géographique. Pour cela, un grand nombre de découpages au hasard sont faits par le logiciel, avec apprentissage: ici 50000 essais de préapprentissage (burn'in) suivis de 100000 itérations (essais d'amélioration). Les tests vont de K=1 à K=6 avec 5 répétitions chaque fois. Le logiciel d'aide à la décision, STRUCTURE HARVESTER, suggère que K=2 (opposition entre la droite et la gauche de la Figure 2) ce qui est une structure trop pauvre qui ne nous apporte rien d'utile. Les autres valeurs de K peuvent être explorées.

La Figure 3 donne l'histogramme obtenu pour K=4, le plus informatif. Il permet de déterminer la composition de chaque échantillon en pourcentages des K sous-unités détectées.

La Figure 4 étale l'analyse sur plusieurs lignes et donne le numéro de chaque truite. Ce sont ces numéros qui sont utilisés dans le texte qui suit. Nous retrouvons la structure complexe du Rémillon (échantillon 2) avec les 5 truites certainement nées en pisciculture (8, 9, 13, 15 et 27); une truite probablement hybride avec 71% de gènes domestiques (la 22). Il faut aussi remarquer une truite issue d'un mélange complexe difficile à expliquer (la 26). Il est possible que ces deux dernières soient issues de reproduction dans la rivière (voir discussion).



**Figure 3 :** Présentation de l'analyse d'assignation sous forme d'histogramme coloré. Les couleurs sont distribuées au hasard aux K sous unités détectées. Chaque truite est représentée par une fine ligne verticale. Les numéros des échantillons sont ceux du Tableau 1.



**Figure 4 :** Même analyse qu'à la Figure 3 permettant de détailler chaque truite. Chaque échantillon est globalement d'une lignée (= couleur) distincte. Seul le Rémillon (échantillon 2) présente 7 truites étrangères à la lignée naturelle (en rouge). Ces résultats sont interprétés dans le dernier paragraphe (Discussion).

#### 4c. Paramètres populationnels

Les analyses de composition ou de structure (multidimensionnelle et d'assignation) ne sont pas les seules à apporter des informations. Les paramètres populationnels sont particulièrement importants pour obtenir des informations biologiques sur les populations analysées.

Ainsi les paramètres H et A renseignent sur le polymorphisme (niveau de diversité génétique) de chaque population.  $H_o$  est la diversité génétique observée et  $H_{nb}$  est cette même diversité telle qu'elle serait si la population était panmictique (reproduction au hasard entre tous ses membres, donc présence d'une seule lignée). L'écart entre  $H_o$  et  $H_{nb}$  donne le  $F_{is}$  qui renseigne sur cette panmixie. Le Tableau 3 donne les résultats obtenus ainsi que leur niveau de significativité. Ces résultats sont interprétés dans le dernier paragraphe (Discussion).

N° carte	Station	Hnb	Ho	Fis
1	Calais	0,63	0,58	0,09
2	Rémillon	0,65	0,61	0,10
3	Vienne amont	0,61	0,58	0,04
4	Petite Sauldre	0,50	0,49	0,02
5	pisciculture nationale	0,67	0,67	0,00

**Tableau 3 :** Paramètres populationnels donnant des informations sur le polymorphisme (entêtes orange), et la panmixie (entête jaune). Seul le Fis du **Rémillon** est significatif (signe de mélange de souches, entre autres hypothèses), les autres sont non significatifs, ces populations sont panmictiques donc homogènes (reproduction au hasard entre tous les membres de la population). Pour le **Calais**, le Fis n'est pas significatif du fait du faible échantillon analysé.

Les Fst mesurent la différenciation génétique entre populations prises deux par deux (Tableau 4). Ici toutes les comparaisons sont hautement significatives, aucune population n'est proche l'une de l'autre.

Pour que deux populations de lignées proches présentent un Fst significatif, il suffit qu'il y ait isolation entre elles. De la même façon, pour qu'un Fst ne soit pas significatif (ce qui veut dire qu'il est assimilé à zéro), il faut que des migrations régulières aient lieu entre populations, ce qui est rarement le cas entre affluents.

N° carte	Station	1	2	3	4	5
1	Calais	0	0,13	0,20	0,29	0,17
2	Rémillon		0	0,18	0,25	0,13
3	Vienne amont			0	0,13	0,17
4	Petite Sauldre				0	0,20
5	pisciculture nationale					0

**Tableau 4 :** Matrice triangulaire des Fst par paire d'échantillon. Toutes les comparaisons sont hautement significatives et concluent à des différences génétiques réelles entre échantillons testés.

## 5. Interprétation - discussion

Deux questions récurrentes méritent des commentaires.

### 5a. Impact des alevinages en truites domestiques atlantiques.

Les analyses génétiques ne sont possibles que par comparaison des truites de nature inconnue (celles qui font l'objet de cette étude) avec les truites de référence connue. En ce qui concerne les truites domestiques, une étude récente (Bohling et al. en cours de publication) a montré que ce qui peut être appelé "souche domestique atlantique nationale", issue des travaux de sélection de l'INRA dans les années 90, représentait la grande majorité des alevinages. C'est cette souche que nous avons appelée ici "pisciculture nationale". Toutefois, si une autre souche inconnue a été utilisée dans la zone étudiée (même dans le passé), les estimations seront faussées sans que nous le sachions.

Des deux stations étudiées, seule la rivière Rémillon présente des truites purement domestiques. L'analyse d'assignation aboutit à une estimation d'environ 28% de gènes domestiques dans cet échantillon. Toutefois, ces marqueurs domestiques sont très inégalement répartis, essentiellement portés par les truites 8,9,13,15 et 27 qui sont à 90-98% de type domestique, et la truite 22 à 71% donc probablement hybride entre truite locale et introduite. La truite 26 est un assemblage de 50% de gènes de la Vienne amont, et de 10 à 30% de tous les autres types génétiques. Cette composition ne peut pas être expliquée.

La rivière Calais porte 3% de gènes domestiques (mais l'effectif étudié est faible), ce qui ne permet pas d'affirmer qu'il y a eu introduction et croisement de truites domestiques dans le passé car le niveau de sensibilité de la méthode est estimé à 5%. Toutefois, les truites 3 et 5 présentent 8% de gènes domestiques.

### **5b. Structure des peuplements naturels**

En faisant abstraction de l'impact des repeuplements en truites domestiques, la composition en lignées naturelles des truites étudiées fait apparaître deux sous-unités sauvages très proches: l'analyse multidimensionnelle les distingue (Figure 2) mais l'analyse d'assignation considère qu'il s'agit du même groupe (Figure 3). Formellement, les populations ne sont pas identiques (Fst de 0,15 significatif, Tableau 2). Parce que les deux stations appartiennent à des affluents bien distincts de la Loire (Indre et Vienne) il doit s'agir de deux lignées très proches regroupées ici sous le terme de "Loire".

### **5c. Autres questions**

D'autres questions intéressantes peuvent être abordées grâce aux données obtenues.

Ainsi le **niveau de polymorphisme** des deux stations analysées est élevé, de même ordre que la population domestique nationale de référence (généralement plus polymorphe que la plupart des populations sauvages de France). Ce haut polymorphisme est surprenant pour des populations en si basses densités (impossibilité à réunir assez de truites du Calais). Ce haut polymorphisme est considéré comme signe de bonne santé populationnelle mais la faible densité dans le Calais montre le contraire.

Cette anomalie suscite trois hypothèses classiques en génétique des populations:

- Une **forte mortalité très récente** ayant décimé une population dense. Le polymorphisme doit alors baisser mais après quelques reproductions, pas juste après l'accident.
- Une **translocation massive** depuis une population voisine très polymorphe (ou un repeuplement à partir d'une souche domestique d'origine locale).
- L'existence d'une population florissante à proximité (un lac?), laissant échapper quelques truites dans le Calais.

**Quasi absence d'hybrides** dans le Rémillon: la présence domestique se présente pour partie sous forme de truites jeunes (0+ et 1+ mesurant entre 12 et 16cm) nées en pisciculture. Cela nous montre que des alevins (ou œufs) domestiques ont été apporté récemment mais que les alevins éventuellement déversés dans le passé n'ont pas survécu et ne se sont quasiment pas croisés avec les truites sauvages (absence d'hybrides 50/50). Une survie des truites anciennement alevinées aurait abouti à de nombreux hybrides.

Ces populations naturelles effectuent donc leur cycle sans l'aide des alevinages et ces derniers sont probablement inefficaces.

La présence des truites 22 (71% de gènes domestiques) et 26 (11% domestique mais composée de 3 lignées naturelles avec celle de la Vienne en majorité) nous montre que des hybridations exceptionnelles ont tout de même eu lieu dans le passé (seuls les hybrides 50/50 sont très récents), sans vraiment impacter le Rémillon.

**Correspondance morphologie-génétique:** lors des pêches, la Fédération d'Indre-et-Loire a pris soin de prendre quelques photos et surtout de qualifier visuellement chaque truite en "sauvage" ou "domestique" (et "hybride"). Y a-t-il correspondance entre les estimations visuelles et moléculaires?

La confrontation entre les estimations visuelles de terrain et les analyses moléculaires des truites du Rémillon font apparaître trois oppositions nettes (truites 22, 28 et 35). Toutefois, comme le montre le tableau à l'Annexe 2, il s'agit de trois jeunes truites. Les jeunes truites ont tendance à toutes se ressembler (ponctuation marquée, zébrures latérales...). De ce fait, ces différences d'estimation ne seraient pas décisives.

*Fait à Montpellier le 13 février 2015*

## 6. Références bibliographiques

- Berrebi P., Cherbonnel C. 2009.** Cartographie génétique des populations sauvages de truites françaises - Programme GENESALM - tome 1 - version du 15 décembre 2009. 22p.
- Berrebi P. 2013.** Cartographie génétique (microsatellites) des peuplements de truites françaises - Programme GENETRUTTA - Rapport de juillet 2013 (GT2013) - 1/3: Rapport d'étude pour la FNPF. Université Montpellier 2. 16p.
- Bohling J, Shao Z, Haffray P, Berrebi P. soumis 2015.** Genetic diversity and population structure of domestic brown trout (*Salmo trutta*) in France.

## 7. Annexes

### 7a. Composition génétique de chaque truite

n° Fig. 4	Rivière	n° terrain	Loire	Vienne	Cher	dom.
1 (1)	Calais	GT-letL-01	97	1	1	2
2 (1)	Calais	GT-letL-02	94	2	1	4
3 (1)	Calais	GT-letL-03	90	1	1	8
4 (1)	Calais	GT-letL-04	97	1	1	2
5 (1)	Calais	GT-letL-05	89	1	2	8
6 (1)	Calais	GT-letL-06	98	1	0	1
7 (1)	Calais	GT-letL-07	99	0	0	1
8 (2)	Rémillon	GT-letL-21	9	1	1	90
9 (2)	Rémillon	GT-letL-22	6	0	0	93
10 (2)	Rémillon	GT-letL-23	98	1	1	1
11 (2)	Rémillon	GT-letL-24	98	1	0	0
12 (2)	Rémillon	GT-letL-25	99	0	0	0
13 (2)	Rémillon	GT-letL-26	1	0	1	99
14 (2)	Rémillon	GT-letL-27	96	1	2	2
15 (2)	Rémillon	GT-letL-28	2	0	0	98
16 (2)	Rémillon	GT-letL-29	98	1	0	1
17 (2)	Rémillon	GT-letL-30	99	0	0	0
18 (2)	Rémillon	GT-letL-31	99	0	0	0
19 (2)	Rémillon	GT-letL-32	99	0	0	1
20 (2)	Rémillon	GT-letL-33	99	0	0	0
21 (2)	Rémillon	GT-letL-34	99	0	0	0
22 (2)	Rémillon	GT-letL-35	27	1	1	71
23 (2)	Rémillon	GT-letL-36	99	0	0	0
24 (2)	Rémillon	GT-letL-37	99	0	0	0
25 (2)	Rémillon	GT-letL-38	99	0	0	0
26 (2)	Rémillon	GT-letL-39	10	50	28	11
27 (2)	Rémillon	GT-letL-40	1	1	1	98

*Annexe 1 : Composition génétique détaillée de chaque truite analysée. Tout au long du rapport, ce sont les numéros de truites de la première colonne qui ont été utilisés.*

## 7b. Comparaison robe/génétique

secteur	N° de terrain	Longueur totale (cm)	Classement visuel	Loire	Vienne	Cher	dom.	Correspondance
Aval Min de Civray	GT-letL-21	34	D	9	1	1	90	OUI
	GT-letL-22	16	S	6	0	0	93	(non)
	GT-letL-23	22.5	S	98	1	1	1	OUI
	GT-letL-24	34	S	98	1	0	0	OUI
	GT-letL-25	34	S	99	0	0	0	OUI
	GT-letL-26	32	D	1	0	1	99	OUI
	GT-letL-27	24.5	S	96	1	2	2	OUI
	GT-letL-28	13.5	S	2	0	0	98	(non)
	GT-letL-29	27.5	S	98	1	0	1	OUI
	GT-letL-30	28	S	99	0	0	0	OUI
	GT-letL-31	29	S	99	0	0	0	OUI
Amont Civray jusqu'au partage des eaux du moulin	GT-letL-32	10	S	99	0	0	1	(oui)
	GT-letL-33	10	S	99	0	0	0	(oui)
	GT-letL-34	29.5	S	99	0	0	0	OUI
	GT-letL-35	12.5	S	27	1	1	71	(non)
	GT-letL-36	11	S	99	0	0	0	(oui)
	GT-letL-37	27	S	99	0	0	0	OUI
Terrain de foot	GT-letL-38	27	S	99	0	0	0	OUI
	GT-letL-39	28.5	D	10	50	28	11	?
	GT-letL-40	44	D	1	1	1	98	OUI

**Annexe 2 :** Confrontation entre estimations visuelle sur le terrain (colonne 4) et résultats moléculaires (colonnes 5 à 8) des truites du Rémillon.

- les truites considérées comme majoritairement sauvages sont **en vert**, domestiques en **orange**.

- les truites de petite taille sont en **jaune** car la distinction sauvages/domestiques est difficile du fait que les jeunes stades se ressemblent tous.

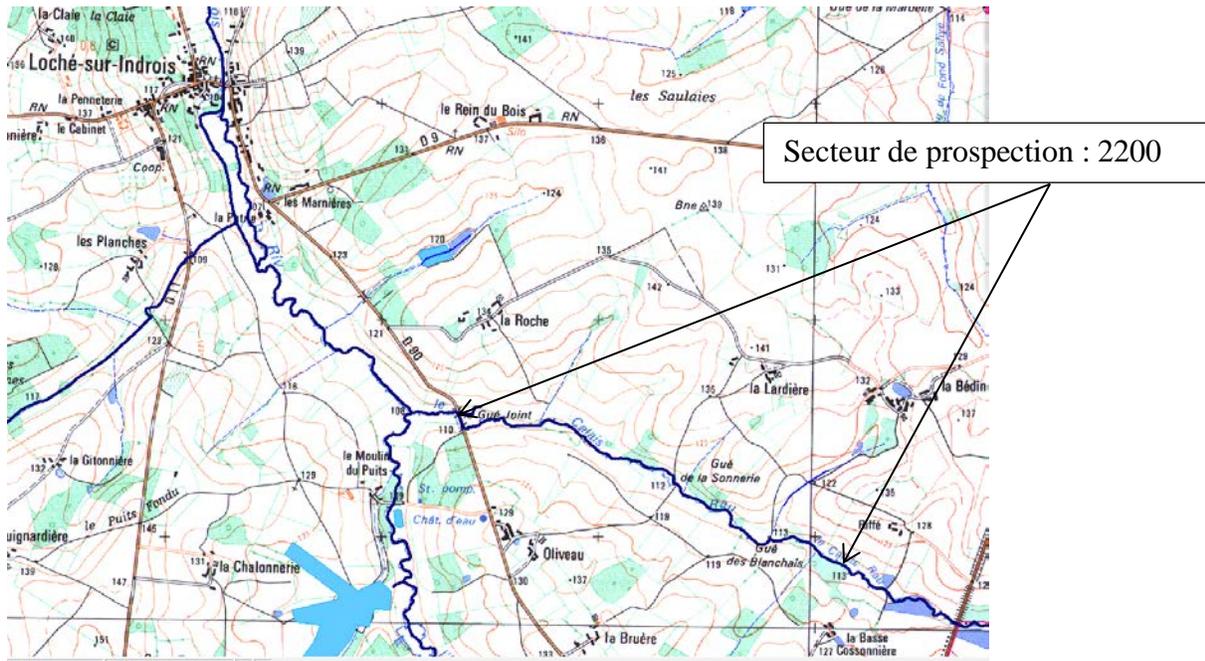
Il y a trois oppositions entre estimation visuelle et génétique (en **gris**, dernière colonne), mais toutes concernent de petits individus.

## 7c. Les fiches de pêche

**Le Calais** (affluent de l'Indrois, sous affluent de l'Indre) -2<sup>ème</sup> catégorie piscicole-  
Sondage piscicole réalisé le 8/10/2014

Commune : Loché/Indrois

Secteur de pêche : cf carte (coordonnée moyenne en Lambert 2 étendu: 517332 - 2231294)



AAPPMA gestionnaire : Villeloin Coulangé

Gestion piscicole pratiquée par l'AAPPMA : déversement de 35 kg truites fario adultes (23/28 cm) en septembre 2012 et de 75 kg de truites arc en ciel en avril 2013 juste en aval du secteur inventorié.

Pour Mémoire : Il a été 39 truites fario (dont 38 0+ ) en 2009 et 3 truites (2+ à 4+) en 2013 sur un secteur de 60 m d'où le choix du ruisseau pour l'étude.

Description sommaire du cours d'eau et de poissons capturés:

Le ruisseau présente une bonne diversité des écoulements et une granulométrie diversifiée

Espèces piscicoles capturées :

<b>Espèces d'eaux vives</b>	<b>Espèces d'eaux calmes</b>	<b>Poisson migrateur</b>	<b>Espèces susceptibles de provoquer des déséquilibres biologiques</b>
Truites fario	Gardon	Anguille	Perche soleil
Chabot	Brème commune		Poisson chat
Loche franche	Carassin sp		Ecrevisses de Louisiane : 2
Vairon : forte densité	Carpe commune		
Chevesne : densité moyenne	Tanche		
Goujon : densité moyenne	Carpe miroir		
	Perche commune		

Ci-dessous le tableau des caractéristiques des truites fario capturées :

N° de la marque	Taille de la truite fario (cm)
1	27.5
2	29
3	30.5
4	31.5
5	36.5
6	40
7	29



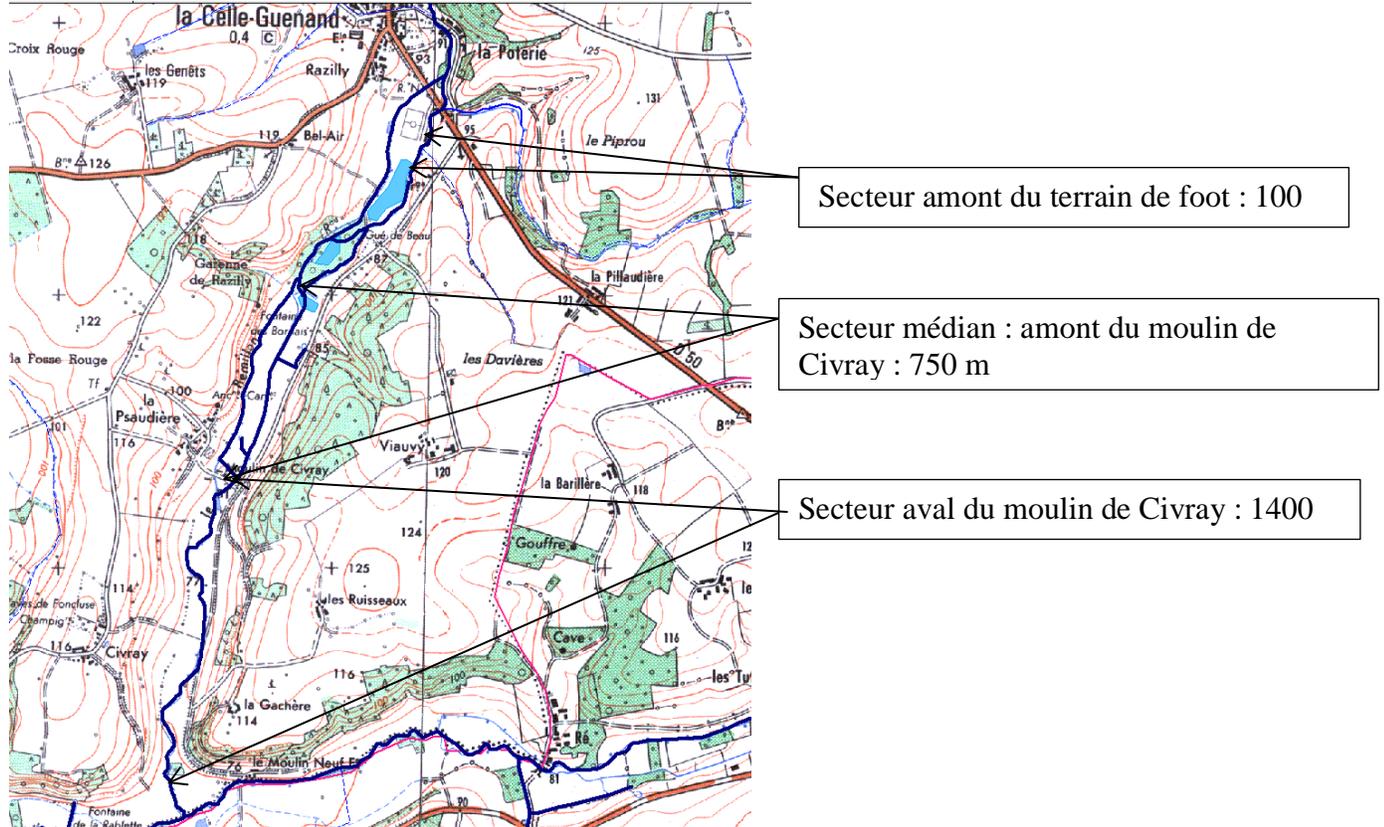
Truite fario issue du Calais

## Le Rémillon (affluent de l'Aigronne, sous affluent de la Creuse)

Sondage piscicole réalisé le 8/10/2014

Commune : La Celle Guenand

Secteur de pêche : cf carte (coordonnée moyenne en Lambert 2 étendu: 490058 - 2216143)



AAPPMA gestionnaire : Le Petit Pressigny

Gestion piscicole pratiquée par l'AAPPMA : déversement de truites fario adultes (25-40 cm).

En 2014, déversement de 40 kg de truites sur le secteur amont et d'une dizaine de truites sur le parcours aval.

### Description sommaire du cours d'eau et de poissons capturés:

La rivière a fait l'objet d'une recharge en granulats en 2013 par la Communauté de communes de la Touraine du Sud.

De la confluence de l'Aigronne jusqu'au moulin de Civray : secteur très diversifié, les espèces capturées sont conformes à la typologie du cours d'eau (truite fario, chabot, loche franche, vairon lamproie de planer). La recharge en granulat est ponctuelle et très bien intégrée dans la rivière.

Du moulin de Civray jusqu'au partage des eaux du moulin : le secteur est beaucoup plus rectiligne avec des apports en granulats conséquents sur lesquels les truitelles sont capturées ce qui montre l'effet très positif de des aménagements.

Secteur amont du terrain de foot : secteur diversifié mais très peu de truites capturées et uniquement des truites issues de déversements, beaucoup plus de cyprinidés (impact probable des plans d'eau en amont).

Espèces piscicoles capturées :

<b>Espèces d'eaux vives</b>	<b>Espèces d'eaux calmes</b>	<b>Poisson migrateur</b>	<b>Espèces susceptibles de provoquer des déséquilibres biologiques</b>
Truites fario : 21			
Chabot : forte densité	Gardon : densité moyenne	Anguille : 5	Perche commune : 10e
Loche franche : forte densité	Brême commune : 1		Perche soleil : 3
Vairon : forte densité	Carassin sp : 1		Poisson chat : 3
Lamproie de planer : 5	Carpe commune : 2		
Chevesne : densité moyenne	Tanche : 1		
Goujon : densité moyenne	Carpe miroir : 1		

Ci-dessous le tableau des caractéristiques des truites fario capturées :

N° de la marque	Taille de la truite fario	Estimé truite de déversement (L) ou souche sauvage (S)	secteur
21	34	L	Aval Min de Civray
22	16	S	
23	22.5	S	
24	34	S	
25	34	S	
26	32	L	
27	24.5	S	
28	13.5	S	Amont Civray jusqu'au partage des eaux du moulin
29	27.5	S	
30	28	S	
31	29	S	
32	10	S	
33	10	S	
34	29.5	S	
35	12.5	S	
36	11	S	
37	27	S	
38	27	S	
39	28.5	L	Terrain de foot
40	40	L	



**A priori : truite fario issue de déversement en bas et de souche sauvage en haut**