



HAL
open science

GenPhyse - Génétique physiologie et systèmes d'élevage

Rapport Hcéres

► **To cite this version:**

Rapport d'évaluation d'une entité de recherche. GenPhyse - Génétique physiologie et systèmes d'élevage. 2015, Institut national de la recherche agronomique - INRA, Institut national polytechnique de Toulouse - INP Toulouse. hceres-02033929

HAL Id: hceres-02033929

<https://hal-hceres.archives-ouvertes.fr/hceres-02033929>

Submitted on 20 Feb 2019

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

HCERES

Haut conseil de l'évaluation de la recherche
et de l'enseignement supérieur

Entités de recherche

Évaluation du HCERES sur l'unité :
Génétique, Physiologie et Systèmes d'Élevage
GenPhySE

sous tutelle des
établissements et organismes :

Institut National de la Recherche Agronomique – INRA

Institut National Polytechnique de Toulouse - INP

Toulouse

HCERES

Haut conseil de l'évaluation de la recherche
et de l'enseignement supérieur

Entités de recherche

Pour le HCERES,¹

Didier HOUSSIN, président

Au nom du comité d'experts,²

Véronique SANTE-LHOUTELLIER, présidente du
comité

En vertu du décret n°2014-1365 du 14 novembre 2014,

¹ Le président du HCERES "contresigne les rapports d'évaluation établis par les comités d'experts et signés par leur président." (Article 8, alinéa 5)

² Les rapports d'évaluation "sont signés par le président du comité". (Article 11, alinéa 2)

Rapport d'évaluation

Ce rapport est le résultat de l'évaluation du comité d'experts dont la composition est précisée ci-dessous.

Les appréciations qu'il contient sont l'expression de la délibération indépendante et collégiale de ce comité.

Nom de l'unité : Génétique, Physiologie et Systèmes d'Élevage

Acronyme de l'unité : GenPhySE

Label demandé : UR

N° actuel : 7545

Nom du directeur
(en 2014-2015) : M. Xavier FERNANDEZ

Nom du porteur de projet
(2016-2020) : M. Xavier FERNANDEZ

Membres du comité d'experts

Présidente : M^{me} Véronique SANTE-LHOUTELLIER, INRA

Experts : M. Pierre BOUDRY, Ifremer (représentant des CSS INRA)

M^{me} Carole CHARLIER, Université de Liège, Belgique

M^{me} Christine DILLMANN, Université Paris-Sud

M. Olivier HANOTTE, Université de Nottingham, Royaume-Uni

M. Philippe LETERME, ENSAV, Agrocampus Ovest

M. Luc MAERTENS, Institute for Agricultural and Fisheries Research
(ILVO) Animal Science Unit, Belgique

Délégué scientifique représentant du HCERES :

M. Claude-Gilles DUSSAP

Représentants des établissements et organismes tutelles de l'unité :

M. Grégory DECHAMP-GUILLAUME, École Nationale Supérieure d'Agronomie de Toulouse

M. Claude MARANGES (représentant de l'École Doctorale « Sciences Écologiques, Vétérinaires, Agronomiques et Bioingénieries » (SEVAB))

M^{me} Michèle MARIN, Centre INRA de Toulouse

M^{me} Françoise MEDALE, INRA, Département Physiologie Animale et Système d'Élevage

M. Denis MILAN, INRA, Département Génétique Animale

M. Alain MILON, École Nationale Vétérinaire de Toulouse

M^{me} Catherine XUEREB, Institut National Polytechnique de Toulouse

1 • Introduction

Historique et localisation géographique de l'unité

L'Unité Mixte de Recherche 1388 GenPhySE (Génétique, Physiologie et Systèmes d'Élevage) a été créée le 1^{er} janvier 2014. Elle résulte de la fusion de 3 Unités de Recherche de la place toulousaine :

- la station d'amélioration génétique des animaux (SAGA), 4 équipes ;
- l'unité mixte de recherche génétique cellulaire (LGC), 5 équipes ;
- l'unité mixte de recherche TANDEM (Tissus Animaux, Nutrition, Digestion, Écosystème et métabolisme), 2 équipes.

La création de la nouvelle entité GenPhySE a conduit à la définition d'un nouveau projet qui tient compte des compétences des unités fondatrices, des stratégies des tutelles et du contexte socio-économique local, national et international. En conséquence, la création de l'UMR GenPhySE a conduit à une restructuration des équipes, qui sont désormais au nombre de 10 : certaines équipes ont été reconduites presque à l'identique, d'autres n'ont pas été reconduites et enfin 4 nouvelles équipes ont été créées.

Pour rédiger ce document, le comité d'experts a décidé de présenter un avis sur les trois bilans des unités fondatrices de GenPhySE (SAGA, LGC et TANDEM) et de rédiger un avis sur le bilan et le projet pour les équipes dont les contours restent somme toute stables, un avis uniquement sur le bilan pour les équipes non reconduites et pour terminer un avis sur le projet pour les équipes créées de novo.

La station d'amélioration génétique des animaux (SAGA) était une unité de recherche propre du département de Génétique Animale de l'INRA de Toulouse, créée en 1975. Les recherches portaient sur l'amélioration génétique des espèces d'élevage (petits ruminants, lapins et palmipèdes gras) en tenant compte de l'évolution de ces filières animales. Outre la production de connaissances pour les espèces citées ci-dessus, la SAGA développait des programmes de recherche conduisant à l'élaboration d'outils et de méthodes génériques pour l'amélioration génétique des espèces de rente. Optimiser la gestion des ressources génétiques repose sur l'étude de la relation entre phénotype et génotype ; ces études combinaient des approches expérimentales et de modélisation. L'unité regroupait 48 permanents et 12 non permanents, elle était structurée en 3 équipes filière, une équipe transversale de développement méthodologique et une équipe « technologique » Informatique-Automatismes. La taille des équipes était inégale, variant de 3 à 11 chercheurs. L'unité était située sur le centre de recherche INRA de Toulouse à Castanet-Tolosan et constituée de 3 bâtiments attenants d'une superficie totale de 1 288 m².

L'unité mixte de recherche génétique cellulaire (LGC) était une unité de recherche sous la double tutelle du département de Génétique Animale de l'INRA et de l'École Nationale Vétérinaire de Toulouse (ENVT). Elle a été créée en 2007, à partir de l'unité de recherche de génétique cellulaire et l'unité mixte INRA-ENVT de cytogénétique des populations animales. Le LGC rassemblait des généticiens moléculaires, des biologistes cellulaires, des généticiens des populations et des bio-informaticiens pour l'étude génétique et génomique des caractères d'intérêt. L'unité comportait 60 permanents et 9 non permanents ; elle était structurée en 5 équipes de recherche relativement équilibrées en termes d'effectifs et de 3 plateformes associées. L'unité était localisée sur 2 sites distants d'une vingtaine de kilomètres.

L'Unité TANDEM (Tissus Animaux, Nutrition, Digestion, Écosystème et Métabolisme) était rattachée au département de Physiologie Animale et Systèmes d'élevage (PHASE) de l'INRA et à deux composantes de l'Institut National Polytechnique de Toulouse (INPT) - l'École Nationale Vétérinaire de Toulouse (ENVT) et l'École Nationale Supérieure Agronomique de Toulouse (ENSAT). Créée à partir de l'Équipe d'Accueil universitaire Zootechnie et Qualités des Produits Animaux de l'INPT- ENSAT et de l'unité de recherche cynicole, l'Unité TANDEM était située sur 3 sites géographiques. L'unité développait des recherches dans 2 domaines : la physiologie de la nutrition en lien avec le fonctionnement de l'écosystème digestif d'une part, et, d'autre part, l'étude de la variabilité biologique de la qualité des foies gras. L'unité regroupait 32 permanents, dont 9 permanents avec une charge d'enseignement. Elle était structurée en 2 équipes qui correspondent aux domaines de recherche. L'unité comprenait 3 sites : les sites de l'École Nationale Supérieure d'Agronomie de Toulouse (ENSAT) et de l'INRA d'Auzeville, situés tous deux à proximité (moins de 1 km) sur le « complexe Agrobiopôle », et le site de l'École Nationale Vétérinaire de Toulouse (ENVT), situé à une vingtaine de km du site d'Auzeville.

Équipe de direction

L'Unité Mixte de Recherche 1388 GenPhySE est dirigée par M. Xavier FERNANDEZ depuis sa création en janvier 2014. Il est assisté de deux directrices adjointes : M^{me} Christèle ROBERT-GRANIE et M^{me} Martine YERLE.

Nomenclature HCERES

SVE2_LS9 Sciences et technologies du vivant, Biotechnologie

Effectifs de l'unité

Effectifs de l'unité	Nombre au 30/06/2014 SAGA	Nombre au 30/06/2014 LGC	Nombre au 30/06/2014 Tandem	Nombre au 01/01/2016 GenPhyse
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés		2	9	9
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	24	27	7	58
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)	17	32	16	61
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)				
N5 : Autres chercheurs (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)	1			4
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)	6	1		7
TOTAL N1 à N6	48	62	32	139

Effectifs de l'unité	Nombre au 30/06/2014 SAGA	Nombre au 30/06/2014 LGC	Nombre au 30/06/2014 Tandem	Nombre au 01/01/2016 GenPhyse
Doctorants	11	8	4	11
Thèses soutenues	15	15	10	
Post-doctorants ayant passé au moins 12 mois dans l'unité		2		
Nombre d'HDR soutenues	4	4	2	
Personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	10	11	9	27

2 • Appréciation sur l'unité

Avis global sur l'unité

SAGA : Station d'Amélioration Génétique des Animaux

L'Unité SAGA est une unité pluridisciplinaire, composée de généticiens quantitatifs et modélisateurs. Elle a montré au cours de la période d'évaluation une augmentation de sa production scientifique avec comme stratégie de privilégier les revues dont la notoriété est exceptionnelle ou excellente.

La coordination de projets à l'échelle nationale et européenne contribue fortement à la reconnaissance internationale de la SAGA. Cependant, le comité d'experts note une certaine disparité entre les équipes, celles-ci n'étant par ailleurs que peu comparables en termes d'effectifs. Les équipes « filières » collaborent de façon effective avec les partenaires professionnels.

LGC : Unité Mixte de Recherche Génétique Cellulaire

Le Laboratoire de Génétique Cellulaire (LGC) s'attache : (I) à l'amélioration génétique des espèces domestiques de production et (II) à la gestion de leurs populations. La dernière décennie a vu l'essor spectaculaire des méthodologies dites « haut-débit » ; elles ont révolutionné la recherche en génomique. Le LGC a su non seulement s'adapter à ces avancées technologiques en intégrant une composante quantitative et statistique aux études biologiques, mais a aussi largement contribué à rendre optimale l'utilisation de ces nouveaux outils par la communauté, avec notamment la création et le développement de la « Génopôle Toulousaine ». L'ajout de nouveaux caractères, comme la robustesse et la capacité d'adaptation, au panel de phénotypes de production classiquement étudiés, ainsi que le renforcement du programme d'étude des phénomènes épigénétiques, permettent au LGC d'inscrire ses thématiques de recherche au cœur des enjeux sociétaux.

TANDEM : Tissus Animaux, Nutrition, Digestion, Écosystème et Métabolisme

L'UMR TANDEM (INRA + ENSAT + ENVT) a été créée en 2007 par la fusion de deux laboratoires toulousains avec mission des recherches en « sciences animales » appliquées à des questions finalisées sur les espèces d'élevage. L'UMR comprend 3 sites. Dans la nouvelle TGU, GenPhySE, l'ancienne Unité TANDEM est la plus petite du point de vue des effectifs et des ressources financières.

Le bilan de l'Unité TANDEM est très positif, avec une production scientifique, un rayonnement et des implications dans l'enseignement supérieur très significatifs. TANDEM bénéficie de compétences fortes et reconnues avec des enjeux scientifiques clairs sur l'axe nutrition-santé (équipe NED - Nutrition Écosystème et Métabolisme). Plusieurs voies de modulation nutritionnelle des activités microbiennes ont été étudiées avec des résultats marquants. Des compétences en microbiologie et bio-informatique ont été consolidées. Le projet de l'équipe PROMÉTÉ (Protéome, Métabolisme et qualité) est cohérent mais on peut s'interroger sur sa pérennité compte tenu notamment du fait que les chercheurs seniors de cette équipe sont largement investis dans des tâches collectives de gestion de la recherche ou de l'enseignement. L'axe transversal SYSED (Système d'Élevage et Durabilité) démontre une maturité qu'il convient de faire fructifier dans l'avenir. Ces constats attestent du bien-fondé des évolutions structurelles conduites dans le cadre de la TGU GenPhySE, avec la reconduction de l'équipe NED, la répartition des membres de PROMÉTÉ dans d'autres équipes permettant notamment de mutualiser des forces en génomique de l'adaptation et l'accession au statut de nouvelle équipe de la thématique système (SYSED).

TANDEM, avec des axes de recherche assez divergents (Nutrition et Écosystèmes Digestifs, Protéome, Métabolisme et Qualité et l'axe transversal SYSED) a donc montré une bonne dynamique scientifique (publications, évolution des effectifs et doctorants). Le groupe NED a concentré ses efforts sur l'étude de l'implantation de l'écosystème digestif ruminal chez le veau et caecal chez le lapereau. Plusieurs voies de modulation nutritionnelle des activités microbiennes ont été étudiées avec des résultats marquants. L'approche systémique, surtout concentrée sur la durabilité des ateliers d'élevage lapins est un volet très différent et contribue aux interactions science/société. Dans ce cadre l'indicateur d'utilisation des antibiotiques proposé a le mérite d'avoir aidé à atteindre l'objectif du plan de dé-médication.

GenPhySE : Génétique, Physiologie et Systèmes d'Élevage

L'Unité GenPhySE résulte de la fusion depuis janvier 2014 des trois unités de recherche précédentes : SAGA, LGC et TANDEM. Cette restructuration a pour objectif d'apporter une meilleure visibilité des recherches en production et génétique animale à l'échelle toulousaine et aux niveaux national et international. La création de la nouvelle entité GenPhySE a naturellement conduit à la définition d'un nouveau projet commun, tenant compte des compétences des unités fondatrices, des stratégies des tutelles et du contexte socio-économique local, national et international. La création de l'UMR GenPhySE a nécessité un remaniement important des équipes qui formaient les unités précédentes. Celles-ci sont désormais au nombre de 10, en plus des 3 plateformes associées et d'une équipe informatique/automatismes qui est également associée.

La stratégie, qui vise à couvrir un champ thématique du gène au phénotype, est déclinée en grandes orientations : approfondir les connaissances de la structure et de l'organisation fonctionnelle des génomes, explorer la variabilité génétique des caractères, comprendre les mécanismes d'élaboration des caractères, améliorer les populations animales en intégrant les données génomiques et de modélisation, et concevoir et évaluer des systèmes d'élevage plus durables.

À l'examen du rapport et lors de la visite, le comité d'experts a eu un avis très positif sur cette restructuration importante qui a été menée, sous l'impulsion des tutelles, dans un esprit de concertation et de collaboration constructive. C'est un élément essentiel de la réussite de ce projet ambitieux qui doit, avant tout, tirer parti de la valeur scientifique des équipes existantes en trouvant de nouvelles synergies.

Points forts et possibilités liées au contexte

Pour l'Unité SAGA, les points forts sont la production et la qualité scientifique avec une reconnaissance au niveau international et au niveau national. Les personnels, chercheurs, scientifiques et personnels techniques ont des compétences reconnues. En conséquence, le rayonnement et l'attractivité académique sont excellents.

Pour l'Unité LGC, l'intégration des avancées technologiques en génomique, alliant une composante quantitative et statistique aux études biologiques, est indéniablement un point fort. Le rôle des plateformes est d'ailleurs essentiel au déploiement de nouveaux outils utilisables par la communauté et la création et le développement de la « Génopole Toulousaine » renforcent encore cette position de leader. L'ajout de nouveaux caractères, comme la robustesse et la capacité d'adaptation, au panel de phénotypes de production classiquement étudiés, ainsi que le renforcement du programme d'étude des phénomènes épigénétiques, permettent au LGC d'inscrire ses thématiques de recherche au cœur des enjeux sociétaux.

En ce qui concerne l'Unité TANDEM, la France étant le seul pays européen à mobiliser des moyens en recherche publique sur la production de foie gras, TANDEM est la seule unité, dans le secteur de la recherche animale en France, qui a de l'expertise dans le domaine de l'écosystème digestif avec des applications pour la production de foie gras. Le développement et la volonté de l'équipe pour impliquer des méthodes moléculaires dans l'étude de l'implantation du microbiote lui ont permis de prendre le rôle de leader au sein du département INRA Physiologie Animale et Système d'Élevage (PHASE) sur ce sujet. Le ratio personnel d'appui/personnel chercheur est supérieur à 1 et il y a un bon équilibre des tutelles INRA/INPT. Les partenariats socio-économiques forts se traduisent par des contrats nationaux privés et des ressources propres élevées. La thématique de la durabilité des systèmes d'élevage correspond à une forte demande sociétale.

Les points forts de la nouvelle Unité GenPhySE reprennent évidemment les points forts énumérés plus haut pour les unités constitutives. L'opportunité de cette création est de pouvoir dégager une cohérence entre différentes activités de recherche convergentes sur le pôle toulousain, créant de fait une visibilité plus importante. L'excellent état d'esprit qui semble accompagner ces évolutions est également un point fort qu'il conviendra de maintenir, quelles que soient les difficultés. Enfin l'opportunité offerte par cette restructuration permet de redéfinir des champs de recherche en trouvant une cohérence et une continuité entre des recherches amont en génétique et génomique et des activités qui concernent les systèmes d'élevage et le développement de systèmes d'élevage durables.

Points faibles et risques liés au contexte

Pour l'Unité SAGA, l'interaction avec l'environnement social, économique et culturel est variable selon les équipes. La moyenne d'âge est relativement élevée (48 ans) avec 10 personnes sur le départ (retraites) dans les 4 ans à venir.

L'Unité TANDEM est globalement de petite taille pour un nombre élevé de thématiques et avec un nombre de chercheurs seniors engagés dans des fonctions collectives.

La part de l'activité de l'unité qui n'est pas strictement dédiée à la recherche est relativement importante, surtout parce que les équipes sont limitées en effectifs ou chargées avec d'autres tâches.

La dépendance des contrats nationaux privés (33 %) est un risque au plan financier dans le cadre de restrictions financières globales, mais aussi parce que les demandes des filières sont beaucoup plus appliquées que ce qui est développé suivant les grands axes de recherche.

L'unité traite de filières « mineures » (lapins, palmipèdes) et de ce fait rencontre des difficultés pour s'inscrire dans les grands programmes nationaux ou projets (fonds) européens. Le gavage des palmipèdes est également considéré dans beaucoup de pays européens comme une technique qui compromet le bien-être animal.

Pour la nouvelle Unité GenPhySE, le risque le plus significatif est de voir les contraintes administratives s'alourdir et la longueur des chaînes de décision se rallonger. De même, la dispersion sur plusieurs sites peut créer des situations d'isolement et laisser à certains membres de l'unité la sensation de ne plus participer à un projet commun d'unité.

Recommandations

Les recommandations concernent la nouvelle Unité GenPhySE. Les orientations de recherches permettent de positionner clairement l'unité GenPhySE au niveau local, national et international, comme ceci est souligné par le succès à l'appel d'offre européen H2020 « Feed-a-Gene ». Au vu des possibilités d'encadrement de doctorants, l'unité devra s'impliquer plus et s'investir dans la formation et la définition de nouveaux enseignements en génétique animale, modélisation, principalement au niveau Master pour pallier le manque de candidats en thèse. De plus elle devra présenter des candidats au concours de bourses de l'École Doctorale « Sciences Écologiques, Vétérinaires, Agronomiques et Bioingénieries » (SEVAB).

L'unité devra également mettre en place des sessions internes de travail et de présentation des activités des différentes équipes de façon à ce que tous les membres aient la sensation de participer à un projet scientifique commun et de partager des orientations communes. L'unité et les tutelles devront faire des bilans approfondis du fonctionnement dans un délai rapproché (par exemple après deux années de fonctionnement) pour éventuellement corriger les contours des différentes équipes et ne pas hésiter à les modifier, si le besoin s'en ressent.

Après la période de construction de l'Unité GenPhySE et de structuration du projet scientifique pour cette évaluation, les structures de gouvernance et d'animation scientifique devront absolument prendre en compte le fait que nombre d'équipes vont devoir retrouver une identité, de l'efficacité et des lignes de force et de reconnaissance. Ceci devra être partagé par l'ensemble des personnels. Ceci exigera une animation scientifique interne à l'échelle des équipes mais surtout une animation scientifique renforcée à l'échelle de l'unité, de façon à ce que ces différentes restructurations soient vécues positivement par l'ensemble des personnels. Dans la continuité de ce qui a été fait avec succès pour la création de l'unité, il sera important de poursuivre la démarche « bottom - up », pour que chacun se reconnaisse dans les grandes orientations scientifiques de l'unité et partage les fruits des succès.

3 • Appréciations détaillées

3.1 • Station d'Amélioration de Génétique Animale - SAGA

Appréciation sur la production et la qualité scientifiques

L'Unité SAGA a développé des programmes de recherche en amélioration génétique des petits ruminants, lapins et palmipèdes. Elle assure également le pilotage et mise en œuvre des dispositifs d'évaluation génétique des petits ruminants, dans le cadre de la loi d'orientation agricole. Elle a accompagné les évolutions méthodologiques liées à la montée en puissance des outils de la génomique, avec notamment l'utilisation de puces SNP (Single-Nucleotide Polymorphism) haute densité, tout en restant à l'écoute des demandes des filières et elle a exploré les possibilités de sélection de « nouveaux caractères », dont certains en réponse à des préoccupations sociétales naissantes. Des résultats novateurs ont été obtenus dans des domaines variés : des développements méthodologiques et donc génériques pour la détection de QTL (Quantitative Trait Loci) (logiciel « QTLMap ») et la sélection génomique (logiciel « GSE3 »), la cartographie fine de QTL chez les espèces étudiées (résistance aux maladies, reproduction, composition fine du lait), l'automatisation du phénotypage et le déterminisme génétique de nouveaux caractères (comme l'efficacité alimentaire). L'ensemble est très cohérent et le continuum entre développements méthodologiques et applications à visée d'applications professionnelles assure un bon impact des travaux menés et leur pertinence. Les activités sont à la fois de très bonne qualité scientifique et en excellente adéquation avec les objectifs de l'INRA dans le domaine de la génétique animale.

Les collaborations au niveau national sont naturellement fortes au sein du Département Génétique Animale (principalement avec l'UMR INRA - AgroParisTech Génétique Animale et Biologie Intégrative - GABI) et elles sont également très actives avec le monde professionnel, en particulier avec le secteur privé de la sélection des espèces cibles. L'implication de membres de l'unité dans de nombreux comités d'experts est à souligner.

L'activité de publication est bonne, avec 2,0 articles/ETP/an. La moitié des publications sont signées en premier ou dernier auteur. La majorité des articles sont publiés dans des revues spécialisées dans le domaine de recherche de l'unité, assurant une diffusion ciblée des résultats vers la communauté scientifique et technique concernée. Les publications dans des revues à notoriété classée comme « exceptionnelle » sont en proportion croissante au cours des dernières années. La participation aux colloques internationaux est conséquente, reflet d'un bon positionnement et de relations riches à l'international. Ces dernières se traduisent par de nombreuses publications co-signées à l'international (USA et Espagne en premier lieu).

Appréciation synthétique sur ce critère

L'Unité SAGA présente une continuité très cohérente et équilibrée d'actions de recherche en génétique et génomique de l'amélioration sur différentes espèces d'élevage (ovins, caprins), allant de développements méthodologiques jusqu'à l'application ou le transfert vers le monde professionnel de la sélection animale. La production scientifique aurait cependant pu être étendue plus avant, au-delà du domaine de la génétique animale, notamment par des publications dans des revues plus généralistes.

Globalement, la production et la qualité scientifique sont considérées comme très bonnes.

Appréciation sur le rayonnement et l'attractivité académiques

L'Unité SAGA est impliquée dans de nombreux projets en partenariat à l'échelle européenne (9 projets), nationale (ANR) et locale (région Midi-Pyrénées). Ceci participe à son rayonnement scientifique. Les collaborations nationales sont ancrées sur les liens établis au sein de l'INRA et ses partenariats en UMR. Les liens avec l'enseignement supérieur en France sont centrés sur les écoles d'agronomie et les écoles vétérinaires. Au-delà des publications (voir ci-dessus), dont 40 % sont co-signées avec des collègues étrangers, le rayonnement de l'unité se traduit par son implication dans les comités éditoriaux de 7 revues.

L'attractivité de l'unité en termes d'accueil de chercheurs étrangers est bonne, particulièrement dans les domaines méthodologiques avec l'accueil d'une Chaire Pierre de Fermat.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'Unité SAGA a un bon rayonnement, compte-tenu du caractère finalisé d'une partie importante des recherches. Son implication dans des développements méthodologiques contribue fortement à son attractivité académique.

Appréciation sur l'interaction avec l'environnement social, économique et culturel

Les interactions avec le secteur économique, et plus largement le « monde professionnel », sont très fortes, du fait de la nature finalisée des recherches menées dans l'Unité SAGA mais également de son rôle dans l'évaluation génétique des reproducteurs pour les filières ovines et caprines. Ce rôle s'est traduit par le renouvellement de l'Unité Mixte Technologique « Gestion génomique et génétique des petits ruminants » (UMT GGPR). Son évolution vers la mise en œuvre d'outils de sélection génomique sera effective en 2015.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'interaction de l'Unité SAGA avec l'environnement économique, que le comité d'experts qualifie d'excellente, est particulièrement forte et de première importance pour les filières concernées.

Appréciation sur l'implication dans la formation par la recherche

L'Unité SAGA est équipée d'accueil de l'École Doctorale « Sciences Écologiques, Vétérinaires, Agronomiques et Bioingénieries (SEVAB) ». Elle a encadré 13 thèses soutenues sur la période. 9 sont en cours courant 2014. Le nombre de titulaires de HDR a augmenté au cours de la période évaluée. Le nombre de thèses encadrées est essentiellement contraint par la disponibilité en bourses et les difficultés à trouver des candidats. Au-delà des thèses réalisées dans l'Unité SAGA, l'unité a accueilli 6 thésards étrangers pour des courts et moyens séjours. L'implication dans l'enseignement reste modeste (300 h au total sur la période).

Appréciation synthétique sur ce critère

L'Unité SAGA participe de manière significative à la formation par la recherche à travers l'encadrement de stagiaires et de doctorants. Son implication dans la formation par la recherche est satisfaisante. Les liens avec les écoles d'agronomie et les universités pourraient être renforcées, afin de faciliter le recrutement d'étudiants en thèse.

3.2 • Laboratoire de Génétique Cellulaire - LGC

Appréciation sur la production et la qualité scientifiques

Le LGC développe des programmes de recherche en amélioration génétique des espèces animales domestiques (porc, volaille et petits ruminants) (I) en allant du génome à l'animal, (II) en étudiant finement la structure et le fonctionnement des génomes, (III) en analysant la diversité génétique et (IV) en recherchant les mutations qui influencent les caractères d'intérêt. Le LGC assure également le développement d'outils et de méthodes haut débit, notamment grâce à ses plateformes de génomique : plateforme de cytogénétique, plateforme « *Système d'Information des GENomes des Animaux d'Élevage* » (SIGENAE) et plateforme de génomique de la Génopôle de Toulouse (GeT-PlaGe). Le LGC participe aux évolutions méthodologiques liées à la montée en puissance de la génomique par ses approches de biologie intégrative et d'analyses relevant du domaine émergent de l'épigénétique.

La production scientifique est bonne avec 269 publications de rang A sur la période dont 113 en position de leader. 42 % des publications figurent dans 10 revues à notoriété classée comme « exceptionnelle ». C'est une proportion croissante au cours des dernières années. Par ailleurs, le grand nombre de revues (80) dans lesquelles l'unité publie s'explique par la diversité des compétences et l'implication des chercheurs dans les plateformes de l'unité. Les activités sont à la fois de très bonne qualité scientifique et en excellente adéquation avec les objectifs de l'INRA dans le domaine de la génétique et la génomique animale.

Appréciation synthétique sur ce critère

Le LGC présente une continuité très cohérente et équilibrée d'actions de recherche en génétique moléculaire et génétique quantitative sur différentes espèces d'élevage (porc, volailles, ovins et caprins) qui nécessitent à la fois l'implication des unités expérimentales et des plateformes. La qualité et la quantité de la production scientifique sont tout à fait remarquables. Le comité d'experts les qualifie d'excellentes.

Appréciation sur le rayonnement et l'attractivité académiques

Le LGC est impliqué dans de nombreux projets en partenariat à l'échelle internationale en raison de son insertion dans des consortiums internationaux de séquençage de génomes complets et de développement et la diffusion d'outils. L'unité est impliquée dans des projets européens, nationaux (ANR) dont 12 projets en tant que coordinateur, et des projets financés par la région Midi-Pyrénées. Cet ensemble participe fortement à son rayonnement scientifique. Les collaborations nationales sont ancrées sur les liens établis au sein de l'INRA et ses partenariats avec les UMR. Les liens avec l'enseignement supérieur en France sont centrés sur les écoles d'agronomie et les écoles vétérinaires. Au-delà des publications (voir ci-dessus), dont 30 % sont co-signées avec des collègues étrangers, le rayonnement du LGC se traduit par son implication dans les comités éditoriaux de 11 revues. L'unité accueille une chaire d'Excellence INPT-INRA, ce qui démontre également son attractivité.

Appréciation synthétique sur ce critère

Le LGC a un rayonnement académique excellent, compte-tenu du caractère générique d'une partie importante des recherches. Son implication dans des développements méthodologiques contribue fortement à son attractivité.

Appréciation sur l'interaction avec l'environnement social, économique et culturel

Les interactions avec le secteur économique sont importantes, notamment les organismes de sélection.

Appréciation synthétique sur ce critère

Le LGC a des interactions fortes avec l'environnement économique, en particulier avec les filières concernées par ses travaux. Le comité d'experts considère que le LGC présente un bilan très satisfaisant sur ce critère.

Appréciation sur l'implication dans la formation par la recherche

Le LGC est Équipe d'Accueil des Écoles Doctorales toulousaines BBS et SEVAB. L'unité a accueilli 15 doctorants qui ont soutenu leur thèse sur la période et 8 thèses sont en cours courant 2014 pour une capacité d'encadrement de 12 HDR. Le nombre de thèses est essentiellement contraint par la disponibilité en bourses. L'implication dans l'enseignement reste modeste (240h au total sur la période).

Appréciation synthétique sur ce critère

Le LGC participe de manière significative à la formation par la recherche à travers l'encadrement de stagiaires et doctorants. Le recrutement d'étudiants en thèse pourrait être renforcé par une plus grande participation au concours de l'école doctorale, ce d'autant que l'unité a largement la capacité d'encadrement en nombre d'HDR. L'implication dans la formation par la recherche est donc satisfaisante, mais avec les remarques précédentes.

3.3 • Tissus Animaux, Nutrition Digestion, Écosystèmes et Métabolisme : TANDEM

Appréciation sur la production et la qualité scientifiques

La production scientifique de l'Unité TANDEM est bonne avec 105 publications de rang A sur la période, soit 1,8 publications/ETP/an dont 79 % en position de leader, en progression quantitative (105 vs 83 pour la période précédente) et qualitative (plus de 70 % en revues qualifiées d'excellentes ou d'exceptionnelles en 2013 et 2014). L'efficacité du recentrage des thématiques s'est traduite par une proportion significative d'articles publiés dans des revues de notoriété excellente ou exceptionnelle. Les recherches étaient en majorité originales et une importante avancée dans le domaine de la connaissance de l'écosystème digestif et dans les mécanismes impliqués dans la variabilité de la fonte lipidique à la cuisson du foie gras de canard, a été obtenue. Des nouvelles méthodes ont été utilisées et mises au point dans les domaines de la microbiologie : empreintes moléculaires, approches « omiques » haut débit, etc.

Appréciation synthétique sur ce critère

La qualité des travaux de l'Unité TANDEM s'est traduite par un très bon niveau de publications, tout en maintenant une approche de recherche fondamentale sur des sujets appliqués. Le comité d'experts considère que la production et la qualité scientifiques sont excellentes.

Appréciation sur le rayonnement et l'attractivité académiques

Le rayonnement de l'Unité TANDEM est d'un très bon niveau. Ainsi, près de 40 % des publications sont co-signées avec des chercheurs étrangers. L'Unité TANDEM est par ailleurs en charge et participe à diverses animations nationales, par exemple le méta-programme « Gestion Intégrée de la Santé des Animaux » (GISA) du Département Santé Animale de l'INRA et le programme international « European Cooperation in Science and Technology » (programme COST) : Farm Animal Proteomics. Enfin, l'Unité TANDEM a bénéficié d'une chaire d'excellence et de diverses distinctions (thèses distinguées).

Appréciation synthétique sur ce critère

L'Unité TANDEM a fait montre d'un rayonnement et d'une attractivité académique excellents qui lui a permis d'obtenir des résultats significatifs tant au plan local que national et international.

Appréciation sur l'interaction avec l'environnement social, économique et culturel

L'Unité TANDEM a construit un partenariat solide avec les professionnels, partenariat sur lequel elle appuie largement ses activités de recherche. Ceci lui apporte plus de la moitié de ses ressources et génère des questions de recherche pertinentes. Ceci s'est traduit notamment par 4 thèses financées par des bourses CIFRE. L'axe transversal SYSED (Système d'Élevage et Durabilité) traite par ailleurs d'enjeux sociétaux importants, comme l'alternative au gavage ou la réduction des antibiotiques en élevage cynicole.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'Unité TANDEM a concrétisé ses relations avec les milieux professionnels en obtenant des financements significatifs pour mener ses activités de recherche. C'est donc un bon niveau d'interaction avec son environnement.

Appréciation sur l'organisation et la vie de l'unité

L'Unité TANDEM est relativement de petite taille. Elle a su mettre en place une gouvernance à la fois simple et efficace s'appuyant sur une Assemblée Générale, un conseil de service et un collège de direction réunissant les chefs d'équipe ainsi que l'animateur de la transversalité. Initialement, chaque entité (équipe, axe) proposait un programme d'animations scientifiques au personnel de l'unité. Le programme d'animation scientifique est désormais mutualisé au sein de toute l'unité.

Il faut noter que plusieurs des chercheurs seniors de l'unité sont fortement impliqués dans des tâches collectives importantes ce qui réduit d'autant leur participation au montage de projets au sein de TANDEM. Ce constat s'est accentué au cours des 3 dernières années notamment avec la préparation du projet d'Unité GenPhySE, unité nouvelle créée en janvier 2014.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'Unité TANDEM a mis en place des méthodes organisationnelles et d'animation scientifiques efficaces et très satisfaisantes, de façon à ce qu'elles puissent être élargies à la totalité de l'Unité GenPhySE. C'est donc un très bon niveau d'organisation de la vie de cette unité.

Appréciation sur l'implication dans la formation par la recherche

L'Unité TANDEM est impliquée dans la formation supérieure à travers la gouvernance de structures (École Doctorale Sciences Écologiques, Vétérinaires, Agronomiques et Bioingénieries, SEVAB, département de l'ENSAT) et de formation (master Élaboration de la Qualité et de la Sécurité des Aliments (EQSA), spécialisation 3^{ème} année de l'ENSAT) et l'encadrement d'étudiants (11 thèses soutenues pour 5 HDR, 19 stages de master). C'est donc un bon niveau d'implication dans la formation par la recherche.

3.4 • Unité Génétique, Physiologie et Systèmes d'Élevage : GenPhySE

Appréciation sur la stratégie et le projet à cinq ans

L'Unité Mixte de Recherche 1388 GenPhySE (Génétique, Physiologie et Systèmes d'Élevage) a été créée le 1^{er} janvier 2014. Elle résulte de la fusion des unités de recherche SAGA, LGC et TANDEM. Cette restructuration a pour objectif d'apporter une meilleure visibilité des recherches en production et génétique animale à l'échelle toulousaine et aux niveaux national et international. La création de la nouvelle entité GenPhySE a naturellement conduit à la définition d'un nouveau projet commun, tenant compte des compétences des unités fondatrices, des stratégies des tutelles et du contexte socio-économique local, national et international. En conséquence, la création de l'UMR GenPhySE a conduit à un remaniement des équipes qui formaient les unités précédentes. Celles-ci sont désormais au nombre de 10, en plus des 3 plateformes associées et d'une équipe informatique/automatismes qui est également associée.

Dans ce document, le comité d'experts a jugé qu'il n'était évidemment pas possible d'évaluer la production scientifique de GenPhySE, 6 mois seulement après sa création, mais plutôt d'apporter une clé de lecture sur son processus de restructuration dans les multiples dimensions qu'il comprend. L'évaluation des bilans sur le quadriennal précédent est réalisée sur les unités précédant la fusion.

Le processus de fusion a débuté sous l'impulsion de la direction de l'INRA en 2011, par le biais d'animations scientifiques communes, de discussions et de montage de projets en commun. Cette volonté d'évolution résultait du fait que les 3 unités (SAGA, LGC et TANDEM) collaboraient déjà sur plusieurs thèmes et avaient la volonté de renforcer le continuum de compétences qui relie le gène au phénotype.

Le processus de fusion a nécessité des efforts personnels de la part de tous et le comité d'experts a constaté que la construction du projet scientifique avait permis une réflexion efficace sur les fronts de science en génétique moléculaire et quantitative, et en production animale, tout en intégrant des aspects de durabilité des systèmes. Le comité d'experts a observé que le processus paraissait avoir été conduit en concertation avec l'ensemble des agents qui ont eu à se prononcer individuellement quant à leur future affectation. Globalement, le personnel paraît satisfait et chacun semble avoir trouvé sa place. On constate également que la structure est stable après 8 mois d'exercice. Le point qui paraît le plus délicat a trait à la logistique et à l'absence d'unité de lieu, mais qui n'existait déjà pas auparavant, ainsi qu'à l'appartenance à différentes tutelles (INRA, ENSAT, ENVT) ce qui alourdit manifestement les tâches de gestion. Désormais « TGU », l'Unité GenPhySE doit veiller à maintenir une bonne communication entre les sites, les équipes et à l'intérieur des équipes elles-mêmes, et, tant que faire se peut, ne pas ajouter de lourdeurs administratives pour des décisions où les pas de temps sont réduits (accueil et financement de stagiaires par exemple).

En termes de gouvernance, le collège de direction est formé du directeur d'unité et de deux directrices adjointes. En outre, un comité de direction réunit mensuellement 19 personnes (responsables d'équipe, de transversalité, représentant des plateformes et direction), autour de questions scientifiques ou de gestion. Un compte rendu est diffusé sur l'intranet de l'unité.

D'un point de vue scientifique, la stratégie est de renforcer le continuum de compétences du gène au phénotype, en incluant la durabilité des systèmes d'élevage pour les filières cunicole et palmipède. Ce continuum ne s'étend cependant pas à l'ensemble des espèces étudiées dans l'unité. La stratégie est déclinée en grandes orientations : approfondir les connaissances de la structure et de l'organisation fonctionnelle des génomes, explorer la variabilité génétique des caractères, comprendre les mécanismes d'élaboration des caractères, améliorer les populations animales en intégrant les données génomiques et de modélisation, et concevoir et évaluer des systèmes d'élevage plus durables. Dans ce cadre l'unité a identifié 3 fronts de science et choisi de les renforcer en moyens humains : *I*) les interactions génome hôte et métagénome du microbiote ; *II*) l'épigénétique en tant que contributeur à la variabilité phénotypique ; et *III*) l'agro-écologie et les systèmes d'élevage durables.

Les recherches s'inscrivent dans un partenariat fort avec le monde socio-économique (sélectionneurs, interprofessions, Unités Mixtes Technologiques, groupes industriels, Institut Carnot santé animale).

Appréciation synthétique sur ce critère

Globalement le projet scientifique de l'unité GenPhySE est très bon.

Plus précisément, la stratégie et le projet à cinq ans de l'Unité GenPhySE s'inscrivent dans la continuité scientifique des travaux réalisés par les unités constitutives de la TGU. Cette structuration, qui était souhaitée par les tutelles, et cette refonte complète des équipes de recherche ont été menées en concertation avec l'ensemble des parties prenantes des unités. Ceci permet à la nouvelle unité d'afficher trois fronts de science, établissant une continuité allant du gène au phénotype. Le projet est ambitieux dans la structuration qu'il propose. Il résulte manifestement d'une réflexion profonde sur l'évolution des techniques et des concepts scientifiques liés aux systèmes d'élevage. Après 8 mois d'exercice, il est trop tôt pour apprécier les résultats de cette restructuration, qui dépendront à la fois de la capacité à faire fructifier la valeur intrinsèque des unités précédentes, à trouver de nouvelles synergies et à aborder de nouveaux domaines comme l'agro-écologie et les systèmes d'élevage durables. A titre d'exemple, élargir le choix des modèles d'étude de la durabilité des systèmes aux petits ruminants, espèce modèle largement partagée entre les équipes, favoriserait le développement de collaborations internes à GenPhySE et serait ainsi un facteur clé de cohésion de cette unité.

Appréciation sur l'implication dans la formation par la recherche

Globalement, en tant que somme des trois entités précédentes, l'Unité GenPhySE a un nombre trop réduit de doctorants. Ceci est d'autant plus net que les fronts de science qui sont et seront abordés peuvent clairement faire l'objet de travaux de doctorat. L'unité devra s'impliquer dans la définition des enseignements de Master en génétique. L'unité devra étudier, dans toutes les équipes, toutes les possibilités de trouver des possibilités de financement et de recrutement de doctorants, non seulement dans les écoles d'ingénieurs locales mais ailleurs en France ou à l'étranger.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'implication globale de l'Unité GenPhySE dans la formation par la recherche est satisfaisante. Cependant les remarques suivantes doivent être considérées : en termes numériques, la formation par la recherche n'est pas au niveau des ambitions scientifiques affichées. L'unité doit avoir la préoccupation d'augmenter le nombre de ses doctorants pour qu'elle trouve pleinement sa place scientifique sur le site de Toulouse.

Appréciation sur l'organisation et la vie de l'unité

L'Unité GenPhySE, malgré sa taille et sa répartition sur plusieurs sites (ce qui peut l'handicaper) a un mode organisationnel relativement simple (un collège de direction et un comité de direction). Les grandes orientations semblent être bien partagées, discutées et réfléchies à l'échelle de ces deux instances.

Il sera néanmoins essentiel de veiller à ce que le regroupement des trois unités constitutives, qui étaient relativement autonomes auparavant, ne génère pas de « frottements » inutiles et que l'unité précise, à l'échelle des équipes, le degré des initiatives et de délégation pour des décisions qui nécessitent de la réactivité et qui n'engagent pas la stratégie commune. Il sera également nécessaire de préciser les circuits de circulation de l'information et de communication interne, sachant que le comité d'experts a constaté lors de la visite que cette problématique avait été considérée avec succès lors de la phase de construction.

Enfin, il sera également nécessaire que les personnels CDD, doctorants et post doc de l'ensemble de l'unité puissent bénéficier d'une animation scientifique transversale, qui dépasse les limites strictes des frontières des équipes.

Appréciation synthétique sur ce critère

La définition du projet de d'unité et le processus de regroupement des unités fondatrices ont été remarquablement conduits. Il est absolument nécessaire que les structures de gouvernance de l'unité poursuivent l'animation scientifique au niveau transversal dans le même état d'esprit. Globalement, ce critère est très bien pris en compte.

4 • Analyse équipe par équipe

4.1 • Analyse du bilan des équipes non reconduites

Équipe 1 : Génétique et Génomique du lapin (GGL)

Nom du responsable : M. Hervé GARREAU

Effectifs

Effectifs de l'équipe 1	Nombre au 31/12/2013
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés	
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	2,5
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)	4
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)	
N5 : Autres chercheurs (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)	
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)	
TOTAL N1 à N6	6.5

Effectifs de l'équipe 1	Nombre au 31/12/2013
Doctorants	
Thèses soutenues	1
Post-doctorants ayant passé au moins 12 mois dans l'unité	
Nombre d'HDR soutenues	
Personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	1

• Appréciations détaillées

Appréciation sur la production et la qualité scientifiques

La principale mission de cette équipe, qui n'est pas reconduite, était de produire des connaissances et des outils pour l'amélioration génétique du lapin, à court et à plus long terme. Les activités de l'équipe se

répartissaient selon deux champs thématiques : le déterminisme génétique de caractères d'intérêt et la gestion des populations.

Les caractères ciblés sont les résistances aux maladies, l'efficacité alimentaire, la reproduction, l'homogénéité du poids et la longévité de la femelle. En ce qui concerne la gestion des populations la recherche a porté sur la caractérisation et la gestion des ressources génétiques, la sélection et l'amélioration génétique durable.

Les activités de recherche répondent avant tout aux besoins des filières. Les approches sont classiques (par exemple création de lignes divergentes) tout en associant les avancées de la génomique (microbiote, identification du contrôle génétique de caractères mendélien de la fourrure). Dans l'ensemble, de bonnes avancées au niveau des connaissances ont été notées et la présence au sein du « Mammalian Genome Project » (au travers de SAGA) est tout à fait justifiée. L'originalité de la recherche est illustrée particulièrement au niveau de la thématique gestion des populations avec l'identification par exemple de traces de sélection spécifiquement associées au processus de domestication.

Les travaux sur la caractérisation et gestion des ressources génétiques, en collaboration avec d'autres unités au sein et en dehors de SAGA, ont inclus des analyses approfondies de séquences génomiques. Ils ont abouti à la mise en évidence d'un contrôle polygénique des caractéristiques de la domestication. Sans aucun doute, une nouvelle avancée scientifique menant à de nouvelles hypothèses, notamment au niveau du contrôle génétique et de l'importance des changements de comportement au cours de la domestication. Bien que souvent diluées au milieu d'une longue liste d'auteurs, les contributions et les connaissances des chercheurs de l'équipe dans le domaine cunicole, se sont certainement révélées importantes (étude publiée dans Science en 2014).

Le niveau de publications est globalement très correct. Les publications sont souvent en collaboration et dans de nombreuses revues, avec une bonne proportion d'articles répartis entre des revues spécialisées et des revues plus génériques ainsi qu'entre des revues avec impact facteurs faibles, moyens ou élevés. Les supports de publication qui vont de « Science » à la revue scientifique « World Rabbit Science », rendent compte de la qualité et de l'application des recherches.

L'équipe GGL est manifestement bien intégrée au niveau international et Européen : programme « European Cooperation in Science and Technology » - « Collaborative European Network on Rabbit Genome Biology » (programme COST : RGB-NET) et également avec la filière cunicole.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe a eu un bon rayonnement scientifique au travers de son activité de publication et a assuré des liens excellents entre les programmes de recherche et les filières professionnelles.

Appréciation sur le rayonnement et l'attractivité académiques

L'équipe a eu dans sa période d'activités un bon rayonnement scientifique avec son implication dans la responsabilité du pilotage dans des projets internationaux et nationaux.

Au niveau européen, l'équipe a participé à deux projets de « l'European Science Fondation ». Au niveau national elle a été impliquée dans plusieurs contrats de recherche, en particulier grâce au « leadership » du responsable de l'équipe. Compte tenu de la relative marginalisation de l'espèce « lapin » par rapport aux autres espèces agricoles, il s'agit d'un bilan très positif et ceci confirme son rôle de leader de l'équipe dans des réseaux, des communautés, des associations porteuses de projet, d'infrastructures et de centres d'intérêts scientifiques ou techniques, à l'échelle internationale et nationale.

L'équipe est très bien intégrée dans les filières nationales et elle a développé quelques collaborations internationales, principalement européennes. Elle n'a pas eu de collaboration avec l'Asie, mais des liens avec l'Afrique du Sud et l'Argentine. L'équipe a participé régulièrement à des colloques internationaux avec des communications orales (chairman, chairwoman, conférences invitées, etc.). Il faut relever plus particulièrement de nombreuses organisations de symposiums.

L'équipe a eu un nombre correct de scientifiques invités, particulièrement en provenance des pays du Maghreb.

Un membre de l'équipe est éditeur de la revue scientifique « World Rabbit Science », la seule revue de « l'Institute for Scientific Information » (ISI - Thompson), spécifiquement dédiée au lapin. De même, le niveau et la notoriété des expertises auxquelles contribuent les membres de l'équipe sont très significatifs.

Enfin il faut relever l'implication de l'équipe dans le programme « European Cooperation in Science and Technology » - « Collaborative European Network on Rabbit Genome Biology » (programme COST : RGB-NET) qui est importante et témoigne de son attractivité.

Le comité d'experts a cependant bien noté que l'équipe n'a pas créé d'activités nouvelles après 2010.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe a eu, dans sa période d'activité, un très bon rayonnement national et international comme en témoigne son implication dans l'organisation de symposiums, son activité de publication et ses activités d'expertise.

Appréciation sur l'interaction avec l'environnement social, économique et culturel

L'interaction de l'équipe avec l'environnement social et économique s'est traduite par un brevet Européen et deux actions de diffusion de la culture scientifique. Mais on retiendra surtout l'apport scientifique de l'équipe apporté aux sélectionneurs privés depuis plus de 25 ans. Cette longue association reflète sans aucun doute la préoccupation de l'équipe de développer des travaux appliqués.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'interaction de l'équipe avec l'environnement social et économique est excellente et a été un des points forts de l'équipe.

Appréciation sur l'organisation et la vie de l'équipe

Le comité d'experts n'a pas eu d'informations spécifiques concernant l'organisation et la vie de l'équipe. Comme il s'agit d'une équipe active mais de taille réduite, on peut estimer que le mode organisationnel était satisfaisant. Il s'agit aussi d'une équipe non reconduite.

Appréciation sur l'implication dans la formation par la recherche

L'implication de l'équipe dans la formation par la recherche est restée très modeste, avec une seule thèse soutenue sur la période avec un financement étranger. Deux doctorants étrangers ont également été accueillis pour quelques mois ainsi que deux stagiaires. L'équipe a également été peu impliquée dans les tâches d'enseignements (3 - 4 h/an).

Appréciation synthétique sur ce critère

Manifestement l'activité de formation par la recherche a été considérée comme secondaire, peut-être du fait que l'espèce « lapin » reste un modèle peu étudié à un niveau scientifique élaboré en dehors de la filière cunicole, en dépit de son importance chez les professionnels. C'est donc passable.

Équipe 2 : Génétique et Génomique des palmipèdes gras (GGPG) (UMR SAGA)

Nom du responsable : M^{me} Christel MARIE-ETANCELIN

Effectifs

Effectifs de l'équipe 2	Nombre au 31/12/2013
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés	
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	2,5
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)	1
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)	
N5 : Autres chercheurs (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)	
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)	
TOTAL N1 à N6	3,5

Effectifs de l'équipe 2	Nombre au 31/12/2013
Doctorants	1
Thèses soutenues	1
Post-doctorants ayant passé au moins 12 mois dans l'unité	
Nombre d'HDR soutenues	
Personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	

• Appréciations détaillées

Appréciation sur la production et la qualité scientifiques

L'équipe de SAGA, malgré sa taille limitée, a développé un ensemble de projets de recherche riche et très cohérent, associant des approches diverses et complémentaires sur la production et la qualité du foie gras. L'équipe développe des recherches sur le déterminisme génétique de caractères d'intérêt chez les palmipèdes gavés. Les caractères étudiés sont l'efficacité du comportement alimentaire, la fertilité femelle, le comportement en conditions de stress, la qualité des produits (foie gras). Les travaux combinent des approches de génétique quantitative « classique » avec le développement d'outils de mesure innovants, cartographie QTL, génomique (transcriptomique et protéomique, identification de polymorphismes causaux) et épigénétique. L'ensemble est très riche, surtout compte-tenu de la taille réduite de l'équipe, et reflète sans

doute une grande majorité de travaux en collaboration. De nombreux résultats ont été obtenus dans le cadre de multiples projets collaboratifs financés par l'interprofession (« Agenavi : Association pour la Génomique en Aviculture », « Compte d'Affectation Spéciale pour le Développement Agricole et Rural : CASDAR »), la Région Midi-Pyrénées, l'ANR, etc. Cette activité s'est traduite par des publications scientifiques (18 sur la période) dans des revues à comité de lecture, en nombre croissant au cours de la période évaluée (de 1 à 2/an en 2009 et 2010 à 6 en 2013). Toutes les revues ciblées sont spécialisées dans le domaine de la génétique ou les productions animales et sont principalement de notoriété moyenne. Les collaborations scientifiques sont essentiellement nationales avec d'autres UMR INRA, mais il faut noter les interactions fortes avec Taïwan.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe présente une activité scientifique riche et cohérente. Compte-tenu de sa taille, elle apparaît avoir été particulièrement productive en terme de projets, souvent en collaboration. Les résultats sont nombreux et leur valorisation en termes de publications en progrès sur la période. Le rayonnement scientifique aurait pu être poussé plus avant, hors du domaine de la génétique animale, par des publications dans des revues plus généralistes. Globalement, ce critère est satisfait à un très bon niveau.

Appréciation sur le rayonnement et l'attractivité académiques

En raison de ses objectifs, le rayonnement de l'équipe a été essentiellement tourné vers la filière concernée, au niveau régional, mais également à l'international (conférences invitées à Taïwan). Les liens au sein de l'INRA et ses UMR sont forts et productifs ; les autres collaborations apparaissent comme beaucoup plus limitées. Les possibilités de collaborations autour du « modèle foie gras », hors du secteur de cette production animale, reste à explorer mais semblent prometteuses à la lecture des résultats récents en épigénétique.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe a eu un rayonnement académique et une attractivité limités mais significatifs. Ceci s'explique par sa taille réduite et les spécificités de ses objectifs d'étude. C'est donc globalement un bon niveau de rayonnement.

Appréciation sur l'interaction avec l'environnement social, économique et culturel

Les interactions avec le secteur économique régional (filière de production de foie gras) sont fortes et se traduisent par plusieurs projets collaboratifs qui répondent à la demande sociale et aux préoccupations sur la souffrance animale associée au gavage et concernent les éventuelles évolutions réglementaires.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'interaction de l'équipe avec l'environnement économique est forte avec la filière concernée. Les enjeux sociétaux associés la production de foie gras ne semblent pas directement abordés. À cette réserve près, l'interaction avec l'environnement économique est à un très bon niveau.

Appréciation sur l'implication dans la formation par la recherche

L'implication de l'équipe est naturellement limitée du fait de sa taille. Une thèse a été soutenue dans l'équipe en 2012 et une autre est en cours. De plus un étudiant en thèse thaïlandais a été accueilli durant 7 mois en 2012 - 2013. Le nombre de stagiaires encadrés (2 sur la période) et les activités d'enseignement (5h sur la période) sont particulièrement faibles.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe participe et contribue très peu à la formation par la recherche.

Équipe 3 : Génétique porcine (UMR LGC)

Nom du responsable : M^{me} Juliette RIQUET

Effectifs

Effectifs de l'équipe 3	Nombre au 31/12/2013
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés	
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	8
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)	5
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)	
N5 : Autres chercheurs (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)	
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)	
TOTAL N1 à N6	13

Effectifs de l'équipe 3	Nombre au 31/12/2013
Doctorants	2
Thèses soutenues	3
Post-doctorants ayant passé au moins 12 mois dans l'unité	
Nombre d'HDR soutenues	1
Personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	3

- **Appréciations détaillées**

Appréciation sur la production et la qualité scientifiques

L'équipe « Génétique porcine » (UMR LGC) a mené des recherches sur le déterminisme génétique de caractères d'élevage en s'appuyant d'une part sur des approches de détection de QTL (Quantitative Trait Loci) et génétique d'association et, d'autre part, sur des approches de génomique fonctionnelle et des analyses différentielles entre lignées contrastées. Les résultats s'appuient sur des développements méthodologiques originaux réalisés au sein de l'équipe qui concernent d'une part les analyses d'association et d'autre part la décomposition de la variance phénotypique. Les chercheurs de l'équipe ont été impliqués dans la mise au point d'outils génomiques, avec une participation au consortium International du génome du porc et à la mise au point de la puce Single-Nucleotide Polymorphism : SNP 60K porcine. Au cours de la période, de nouvelles

thématiques de recherche ont émergé sur la réponse à l'environnement, avec l'étude du déterminisme génétique de caractères liés à la réponse au stress ou l'adaptation à la chaleur, en utilisant des approches classiques de sélection divergente et de détection de QTL. A noter enfin, une série de travaux en lien avec la filière professionnelle sur la recherche d'anomalies congénitales et la mise au point de nouveaux index de sélection permettant d'améliorer la survie des porcelets.

Les approches méthodologiques développées sur le lien entre données « omiques » et données phénotypiques sont très originales et ont permis de mettre en évidence des groupes fonctionnels de gènes. Par ailleurs, les travaux sur la décomposition de la variance phénotypique et la prise en compte des effets directs, indirects, et des effets d'interaction sont de tout premier plan. On observe une très bonne activité de publication avec plus de 2,2 articles par chercheur et par an. Environ 1/4 des publications sont dans des revues généralistes en biologie, et la majorité dans des revues plus spécialisées sur l'amélioration génétique des animaux. Les travaux sur le séquençage du génome et l'analyse de la diversité génétique sont développés dans un cadre international et extrêmement bien valorisés. La plupart des travaux ont été réalisés dans le cadre de collaborations nationales avec d'autres équipes du département de Génétique Animale de l'INRA.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe a conduit des recherches de qualité sur le déterminisme génétique des caractères d'élevage chez le porc qui s'appuient sur le développement de matériel génétique pertinent et des développements méthodologiques, avec la double préoccupation de répondre aux interrogations de la filière professionnelle et d'intégrer de nouvelles sources de données issues des techniques « omiques ».

C'est donc un niveau très satisfaisant.

Appréciation sur le rayonnement et l'attractivité académiques

L'équipe est partenaire du Consortium International du génome du porc. Les chercheurs de l'équipe ont joué un rôle actif dans des projets de recherche collaboratifs, avec la coordination de 5 projets ANR, et la participation à un projet européen et deux autres projets ANR. Ils ont coordonné et participé aussi à une dizaine de projets financés par l'INRA ou en lien avec les filières professionnelles. Un des chercheurs de l'équipe est membre du comité éditorial de 6 revues scientifiques en lien avec le comportement et bien-être animal. Sur la période d'évaluation, on note de nombreuses conférences invitées dans des colloques de génétique animale ainsi que l'accueil de scientifiques étrangers invités. Enfin, les chercheurs de l'équipe réalisent des expertises pour 14 journaux scientifiques, dont la plupart sont des revues généralistes. Ils participent à des comités de thèse et évaluent des thèses internationales en tant que rapporteurs. Ils réalisent aussi des expertises pour la filière professionnelle.

Appréciation synthétique sur ce critère

La qualité des publications de l'équipe et son implication dans de nombreux projets de recherche nationaux et internationaux témoignent à l'évidence de son rayonnement scientifique. Son rayonnement est donc à un niveau excellent.

Appréciation sur l'interaction avec l'environnement social, économique et culturel

Les chercheurs de l'équipe sont impliqués dans la formation continue et interagissent avec les professionnels de la filière dans le cadre de journées dédiées. En conséquence la plupart des projets ANR sont en partenariat avec les institutions en lien avec la filière, avec près de 30 % des thèses ayant un financement de type CIFRE.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe a maintenu des contacts et des liens forts avec la filière professionnelle. C'est donc un très bon niveau.

Appréciation sur l'implication dans la formation par la recherche

Sur la période, 3 thèses ont été soutenues, 4 sont actuellement en cours. Au total 18 stagiaires ont été accueillis sur la période.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe a contribué de manière efficace à la formation par la recherche grâce à une politique dynamique d'encadrement de doctorants et de stagiaires. Elle est présente dans les enseignements de masters de l'Université Paul Sabatier et de l'ENSAT. Elle contribue aussi à la diffusion des connaissances vers le grand public grâce à des publications sur la sélection animale et les conditions d'élevage dans des revues ad hoc. C'est donc un très bon niveau.

Les huit chercheurs sont désormais répartis dans les nouvelles équipes GENOROBUST, GENEPI et MODGEN.

Équipe 4 : Génétique aviaire (UMR LGC)

Nom du responsable : M. Alain VIGNAL

Effectifs

Effectifs de l'équipe 4	Nombre au 31/12/2013
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés	1
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	4
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)	3
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)	
N5 : Autres chercheurs (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)	
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)	
TOTAL N1 à N6	8

Effectifs de l'équipe 4	Nombre au 31/12/2013
Doctorants	2
Thèses soutenues	2
Post-doctorants ayant passé au moins 12 mois dans l'unité	
Nombre d'HDR soutenues	1
Personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	3

• Appréciations détaillées

Appréciation sur la production et la qualité scientifiques

L'équipe « génétique aviaire » (UMR LGC) mène des recherches de pointe sur la génomique des volailles, poulet, canard et caille. Le gros investissement réalisé les années passées en cartographie génétique et séquençage a permis l'identification de mutations causales et la localisation de nombreux QTL (Quantitative Trait Loci) pour des caractères d'intérêt. L'équipe est impliquée dans des consortiums internationaux pour le séquençage des génomes de la poule et du canard. Enfin, des résultats très originaux ont d'ores et déjà été obtenus sur la thématique nouvelle de l'épigénétique concernant l'absence du phénomène d'empreinte chez les oiseaux et la transmission des marques épigénétiques. À noter aussi une activité de recherche significative sur la caractérisation métabolique des foies de canards gras, en collaboration avec une équipe de l'Unité TANDEM.

Le programme sur la détection de QTL liés au comportement social chez la caille est tout à fait original. L'équipe a fait également preuve d'innovation en développant la cartographie d'irradiation. Enfin des résultats remettant en cause l'universalité de l'existence du phénomène d'empreinte génétique participent à l'élaboration de nouvelles connaissances et méthodes en rupture avec des concepts existant.

L'équipe « génétique aviaire » publie en moyenne 2 articles par chercheur et par an dans des revues internationales, et tous les chercheurs sont publiants. La plupart des articles sont publiés dans des revues généralistes. Les publications sur la cartographie et le séquençage des génomes se font dans le cadre de collaborations internationales et avec l'appui des plateformes que l'unité accueille.

Appréciation synthétique sur ce critère

Des avancées significatives sur la génomique et l'épi-génomique des volailles ont été obtenues par l'équipe dans le cadre de collaborations nationales et internationales. Les travaux scientifiques sont de tout premier plan et très bien valorisés dans des revues généralistes. C'est donc un niveau excellent pour la production et la qualité scientifique.

Appréciation sur le rayonnement et l'attractivité académiques

L'équipe a coordonné un projet ANR, des projets financés par le département « Génétique Animale » de l'INRA et deux projets financés par la profession. Elle a participé à de nombreux projets nationaux (7) et au consortium pour le séquençage du canard et au consortium d'annotation du génome du poulet.

Elle anime le réseau Génétique Avicole (INRA) et participe à des réseaux liés à la filière professionnelle avicole ainsi qu'à des réseaux nationaux et locaux liés aux programmes de séquençage.

L'équipe a obtenu une chaire d'excellence de l'ENSAT depuis 2011 ce qui témoigne de son rayonnement auprès des établissements d'enseignement supérieur agronomique. Deux chercheurs de l'équipe sont éditeurs associés pour les revues Genetics Selection Evolution (GSE) qui est une revue scientifique internationale de l'INRA publiée par BioMed Central Ltd, BioMed Central (GMC) Genomics, et BioMed Central Research Notes.

L'équipe participe activement sous forme de communications orales ou de posters à des colloques scientifiques internationaux de génomique et de génétique animale.

Les membres de l'équipe apportent leur expertise pour des revues internationales de cytogénétique et génomique (14 journaux) et sont aussi impliqués dans des expertises vis à vis de la profession.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'activité de publication scientifique et d'expertise des membres de l'équipe, ainsi que leur forte implication à des projets collaboratifs tant au niveau national qu'international, contribuent à un rayonnement académique important. C'est donc un très bon niveau de rayonnement et d'attractivité académiques.

Appréciation sur l'interaction avec l'environnement social, économique et culturel

Les chercheurs de l'équipe ont participé activement à des manifestations de vulgarisation scientifique dans le cadre de la fête de la science, ou dans des journées organisées par la profession avicole.

L'équipe est auteur de 5 publications de vulgarisation. D'autre part, un brevet a été déposé en 2010.

Appréciation synthétique sur ce critère

Le comité d'experts a apprécié la qualité des interactions avec la filière professionnelle avicole et l'implication de l'équipe dans la vulgarisation scientifique lors de journées de type « fête de la science » et par la production de documents de vulgarisation. C'est donc un bon niveau d'interaction avec l'environnement.

Appréciation sur l'implication dans la formation par la recherche

Sur la période, 2 thèses ont été soutenues, 2 sont actuellement en cours. Au total 6 stagiaires ont été accueillis sur la période. L'équipe a également en charge un cours international en cytogénétique. Elle participe à des enseignements de niveau Master.

Appréciation synthétique sur ce critère

Le comité d'experts a constaté que l'investissement de l'équipe en termes de formation par la recherche était correct pour l'accueil de doctorants et de stagiaires. L'investissement dans l'enseignement reste faible et essentiellement soutenu par un chercheur. Globalement le niveau d'implication dans la formation par la recherche est bon.

Les cinq chercheurs sont désormais répartis dans les nouvelles équipes GENOROBUST, GenEpi et CYTOGEN.

Équipe 5 : Protéome métabolisme et Qualité - PROMÉTÉ (UMR TANDEM)

Nom du responsable : M. Xavier FERNANDEZ

Effectifs

Effectifs de l'équipe 5	Nombre au 31/12/2013
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés	5
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	2
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)	5
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)	
N5 : Autres chercheurs (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)	
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)	
TOTAL N1 à N6	12

Effectifs de l'équipe 5	Nombre au 31/12/2013
Doctorants	1
Thèses soutenues	5
Post-doctorants ayant passé au moins 12 mois dans l'unité	
Nombre d'HDR soutenues	1
Personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	3

• Appréciations détaillées

Appréciation sur la production et la qualité scientifiques

L'équipe « Protéome métabolisme et Qualité » - (PROMÉTÉ) a été une équipe de l'UMR TANDEM. Elle a publié 42 articles dans des revues à comité de lecture (12 % dans des revues exceptionnelles et 66 % excellentes) et 2 ouvrages ou chapitres d'ouvrage. Dans 62 % de ces articles, l'équipe est en position de leader. Pour 4 enseignants-chercheurs et 2 ingénieurs de recherche (pour un total de 3,75 ETP), cela représente en moyenne 2,04 articles/ETP/an, si l'on tient compte aussi des articles qui s'inscrivent plutôt dans la transversalité avec SYSED (et 1,60 sans ces articles). La productivité de l'équipe est donc bonne, en dépit de l'implication très conséquente du responsable de l'équipe au cours de la période avec la préparation du projet d'UMR GenPhySe. La forte amélioration quantitative et qualitative (78 % vs 41 %) en comparaison avec la

période précédente, est remarquable.

La production de l'équipe est cependant variable entre les chercheurs, d'excellente à quasi inexistante.

La contribution des doctorants, aussi bien quantitative que qualitative, dans les articles dans des revues à comité de lecture est très élevée.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe PROMÉTÉ a eu une production scientifique d'une excellente qualité, mais l'activité de publication est restée inégale entre différents chercheurs de l'équipe.

Appréciation sur le rayonnement et l'attractivité académiques

L'équipe PROMÉTÉ a abandonné les travaux sur le muscle et la viande pour se concentrer sur la qualité du foie gras. Elle s'est investie largement dans la caractérisation métabolique et structurale pour étudier la variabilité de la fonte lipidique à la cuisson. Des compétences « omiques » et « post génomique » ont été introduites et renforcées. L'équipe PROMÉTÉ a aussi participé à l'axe transversal « Systèmes d'élevage durables » (SYSED), notamment pour la recherche d'alternatives de matières premières et au gavage. Les 4 doctorants accueillis ont fortement contribué au rayonnement de l'équipe et ont montré une production qualitative et quantitative très élevée.

L'équipe PROMÉTÉ est positionnée comme leader en France et au niveau international, dans le domaine de la qualité du foie gras. Seule la France consacre des moyens de recherche significatifs à cette filière, c'est un handicap pour le rayonnement et l'attractivité académique à l'échelle internationale. Malgré cette difficulté, l'équipe a, grâce au développement des compétences en post génomique et protéomique, largement participé au programme COST « Farm Animal Proteomics ».

Bien que la politique scientifique de l'équipe ait été structurée, le comité d'experts a relevé que seulement un chercheur a été impliqué dans la direction éditoriale. Par ailleurs, l'implication de l'équipe dans l'organisation de manifestations scientifiques nationales ou internationales est limitée. L'absence d'invitation en tant que conférenciers (à l'exception d'une conférence au Parlement Européen en 2012) ou comme président de session de congrès internationaux est une indication d'un rayonnement plutôt faible.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe PROMÉTÉ, bien qu'elle ait été positionnée comme leader en France dans son domaine d'étude, a eu un rayonnement international limité. C'est donc seulement satisfaisant.

Appréciation sur l'interaction avec l'environnement social, économique et culturel

Le partenariat est étroit avec les professionnels, ce qui est illustré par le fait que le tiers des contrats de l'équipe sont obtenus avec des structures professionnelles ou interprofessionnelles. Ceci constitue une part importante du budget de l'équipe. Elle a aussi de nombreuses activités dans la formation auprès des professionnels et l'équipe participe aux groupes filières.

L'équipe PROMÉTÉ a contribué par ailleurs à l'axe transversal SYSED, pour trouver notamment des alternatives au gavage ou pour remplacer certaines matières premières.

On note également la participation active du responsable de l'équipe à la conférence « The production of foie gras - Some highlights of the state of knowledge » au Parlement Européen à Bruxelles en 2012.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe PROMÉTÉ a eu une forte activité de transfert et de valorisation auprès de la filière professionnelle ce qui a mobilisé une partie de ses forces vives. Ce comité d'experts considère que l'interaction avec l'environnement économique est excellente.

Appréciation sur l'implication dans la formation par la recherche

L'équipe a encadré seulement 5 doctorants sur la période dont 4 ont soutenu leur thèse. Par contre, la qualité des doctorants était remarquable quant à leur production scientifique. L'effectif actuel de doctorants est faible, seulement une nouvelle thèse est démarrée entre 2011 et 2014. On peut s'interroger sur les raisons, conjoncturelles ou non, de cet étiage.

D'autre part, l'équipe est fortement impliquée dans la gouvernance des formations au-delà des enseignements statutaires et participe aux instances de pilotage du Master de l'ENSAT « Élaboration de la Qualité et de la Sécurité des Aliments (master recherche) » (EQSA).

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe a formé peu de doctorants compte tenu du nombre d'HDR. Par contre les doctorants ont prouvé l'excellence de leurs travaux par un niveau de publication élevé. Globalement, l'implication de l'équipe dans la formation par la recherche est à un niveau très satisfaisant.

Les chercheurs de l'équipe sont désormais répartis dans les équipes GENOROBUST et SYSED.

4.2 • Analyse du bilan et du projet des équipes reconduites

Équipe 1 : Génétique et sélection des petits ruminants (GeSPR)

Nom du responsable : M^{me} Carole MORENO

Effectifs

Effectifs de l'équipe 1	Nombre au 31/12/2013	Nombre au 01/01/2016
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés		
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	11	8
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)	4	4
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)		
N5 : Autres chercheurs (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)	5	3
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)		
TOTAL N1 à N6	20	15

Effectifs de l'équipe	Nombre au 31/12/2013	Nombre au 01/01/2016
Doctorants	5	
Thèses soutenues	4	
Post-doctorants ayant passé au moins 12 mois dans l'unité		
Nombre d'HDR soutenues	1	
Personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	2	2

• Appréciations détaillées

Appréciation sur la production et la qualité scientifiques

L'équipe « Génétique et génomique des petits ruminants » (GeSPR) développe des recherches visant à améliorer les connaissances concernant les déterminants génétiques de caractères d'intérêt chez les ovins (résistance aux maladies, qualité du lait, comportement, aptitude à la traite, etc.) et l'optimisation des schémas de sélection (indexation dans le cadre de l'Unité Mixte Technologique « Amélioration génétique des

petits ruminants » (UMT GENEPR), évaluation génétique pour de nouveaux caractères, gestion de gènes majeurs, évaluation génomique). L'équipe assure donc un double rôle de recherche et d'évaluation génétique pour la filière. Ces deux types d'activités paraissent très bien intégrés et synergiques. Les activités d'évaluation paraissent en effet en évolution constante, se « nourrissant » des évolutions des programmes de recherche et certains objectifs de ces derniers sont directement issus des demandes des filières ovines.

L'ensemble s'appuie fortement sur : (I) les avancées en génomique, dont les outils permettent la cartographie fine de « Locus de caractères quantitatifs » (QTLs) et l'identification de polymorphismes causaux, et, (II) le développement de dispositifs expérimentaux permettant le phénotypage et la sélection divergente pour l'étude de « nouveaux caractères ».

L'équipe a produit 81 publications sur la période évaluée. C'est un très bon bilan, principalement le fruit de certains membres de l'équipe, particulièrement productifs. La majorité des publications sont parues naturellement dans des journaux spécialisés dans la génétique et les productions animales, avec quelques ouvertures vers des revues plus généralistes (par exemple BioMed Central (BMC) Genomics, PLoS One). L'ensemble est de bon niveau à très bon niveau. La plupart des membres de l'équipe, avec une répartition plus homogène que pour les publications, ont participé à un grand nombre de congrès nationaux et internationaux, avec un nombre important de conférences invitées ou de participations à l'organisation de congrès. Le nombre de contrats de recherche obtenus est très important. Les sources de financement sont très variées, de contrats régionaux à européens.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe GeSPR met à profit les avancées de la connaissance du génome et des outils associés, pour développer des recherches d'excellent niveau dans le cadre de très nombreux projets financés. Un grand nombre de caractères sont étudiés, les résultats allant, pour certains d'entre eux, jusqu'à l'identification des polymorphismes causaux. Globalement la production et la qualité scientifique sont à un niveau excellent.

Appréciation sur le rayonnement et l'attractivité académiques

L'équipe est reconnue dans le domaine de l'amélioration génétique animale. L'essentiel de ses collaborations académiques concernent des UMR INRA sur différents centres. Les collaborations universitaires sont malgré tout nombreuses avec l'étranger et se traduisent par de nombreux scientifiques invités, l'accueil d'un CDD et sa participation dans différents réseaux ou consortiums internationaux.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe GeSPR a un bon rayonnement académique, particulièrement vers l'étranger. Celui-ci se traduit par une participation active dans plusieurs réseaux ou consortiums internationaux, essentiellement à l'échelle européenne.

Appréciation sur l'interaction avec l'environnement social, économique et culturel

Les interactions avec l'environnement économique national de l'équipe GeSPR sont très fortes. Elles sont liées au rôle de l'équipe dans l'indexation des reproducteurs pour les filières ovines mais ces interactions dépassent clairement le domaine de l'indexation par les nombreux projets en partenariat avec des acteurs des filières nationales.

L'équipe assure un rôle clé dans pour la sélection ovine au niveau national : l'indexation des reproducteurs, pour un nombre croissant de caractères. Peu d'interactions existent avec les pays du « sud », malgré l'importance de leurs productions ovines. Les interactions avec l'environnement social et culturel sont limitées.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe GeSPR interagit très activement avec les filières professionnelles, en particulier dans le domaine de la production ovine, au plan national. C'est donc un très bon niveau.

Appréciation sur l'implication dans la formation par la recherche

L'équipe GeSPR a encadré 4 thèses qui ont été soutenues durant la période évaluée (soutenues entre 2009 et 2014) et 5 thèses étaient en cours à la fin 2013. Le nombre d'étudiants en thèse est en croissance malgré la réduction du nombre de permanents (2 HDR seulement dans la nouvelle équipe). 3 à 8 stagiaires sont accueillis annuellement. L'implication dans l'enseignement est limitée (pas d'enseignants-chercheurs dans l'équipe).

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe GeSPR participe de façon significative à la formation par la recherche. Elle encadre en moyenne 2 doctorants par HDR, ce qui donne au global, pour 2 HDR, un nombre assez modeste de doctorants formés. Globalement l'implication dans la formation par la recherche est à un bon niveau.

Appréciation sur la stratégie et le projet à cinq ans

Le projet de l'équipe GeSPER s'inscrit dans la continuité des orientations précédentes avec une reconfiguration qui a mené à réduire sensiblement sa taille (2 « départs » vers la nouvelle équipe « Modélisation génétique et amélioration génétique des monogastriques » (MODGEN)).

Le projet est fortement axé sur les réponses aux questions liées à l'évolution des filières ovines, demandeuses d'innovation dans les méthodes de sélection ce qui est permis par le développement du génotypage haut-débit. De nouveaux caractères, parfois plus complexes à appréhender (ex. efficacité alimentaire à l'herbe, résistance aux maladies), seront étudiés. L'accent sera mis sur l'optimisation de la sélection génomique, dont la mise en œuvre à l'échelle de la filière est prévue en 2015. L'ensemble représente un projet de recherche cohérent, en continuité avec les objectifs précédents mais néanmoins innovants. Il est bien intégré dans le paysage de la future unité, avec des interactions fortes avec plusieurs autres équipes de l'unité (notamment l'équipe « Modélisation génétique et génomique » (MG2) pour l'optimisation de la sélection génomique dans le contexte des populations ovines). Une ouverture vers de nouvelles questions de recherche, par exemple liées aux enjeux des pays du « sud » pourrait venir renouveler et diversifier les objectifs de l'équipe, qui restent centrés sur les besoins directs de la filière ovine française. L'équipe semble bien consciente des risques associés au caractère « chronophage » des multiples contrats de recherche émanant des filières et de la nécessité de trouver un bon compromis entre réponses à ces demandes et excellence scientifique.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe GeSPR propose de développer des travaux de recherche en continuité avec ses actions précédentes. L'optimisation de la sélection génomique et l'étude de caractères complexes associés à la robustesse seront privilégiées. Le projet est en interaction forte avec les filières petits ruminants mais doit veiller à ne pas être pilotée par celles-ci. À cette réserve près, le projet de l'équipe est très bon.

Conclusion

▪ Points forts et possibilités liées au contexte

L'équipe GeSPR présente un très bon bilan, à la fois en termes de publications scientifiques, de projets partenariaux, de reconnaissance internationale et d'interactions avec les filières professionnelles. Ses objectifs sont très cohérents et répondent aux attentes de ces dernières. Son rôle est central dans l'évolution du secteur de la sélection des petits ruminants laitiers avec la mise en œuvre de la sélection génomique et son optimisation.

▪ Points faibles et risques liés au contexte

La très bonne productivité en termes de publications repose sur quelques membres de l'équipe.

- **Recommandations**

L'équipe GeSPR doit veiller à ne pas multiplier les contrats de recherche en réponse aux demandes des filières. Elle doit trouver un bon compromis entre un maintien des interactions fortes avec les filières et l'excellence scientifique.

Équipe 2 : Modélisation génétique et génomique (MG2)

Nom du responsable : M. Andrés LEGARRA

Effectifs

Effectifs de l'équipe 2	Nombre au 31/12/2013	Nombre au 01/01/2016
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés		1
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	5	4
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)		
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)		
N5 : Autres chercheurs (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)	1	1
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)		
TOTAL N1 à N6	6	6

Effectifs de l'équipe 2	Nombre au 31/12/2013	Nombre au 01/01/2016
Doctorants	6	
Thèses soutenues	9	
Post-doctorants ayant passé au moins 12 mois dans l'unité		
Nombre d'HDR soutenues	3	
Personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	4	5

• Appréciations détaillées

Appréciation sur la production et la qualité scientifiques

L'équipe MG2 réalise des développements méthodologiques en lien avec l'analyse de la variabilité génétique et l'amélioration génétique des animaux d'élevage. Des résultats novateurs dans la discipline ont été obtenus concernant la détection de « Locus de caractères quantitatifs » (QTL) (logiciel QTLMap) et la description des structures d'apparentement pour l'évaluation génomique (méthode Single Step). En outre, des travaux originaux ont été menés en génétique quantitative et sur la question de l'intégration de données, en particulier de données transcriptomiques, pour mieux comprendre la variation phénotypique. Enfin, l'équipe travaille à l'établissement de schémas de sélection génomiques sur des espèces non modèles, comme les ovins et les caprins. Les applications sont menées en collaboration avec d'autres équipes de l'INRA ou dans le cadre

de collaborations internationales. On peut noter des travaux de pointe sur l'analyse et l'exploitation de la variabilité génétique des animaux d'élevage prenant en compte les ruptures technologiques sur le génotypage. L'équipe a été pionnière dans l'utilisation de méthodes de régularisation pour la prise en compte des problèmes liés à la grande dimension dans les questions d'intégration de données et de sélection génomique. Il faut noter aussi des approches novatrices sur la formalisation des relations de dépendances, entre individus ou entre gènes chez des individus différents, au sein d'une population, avec des implications pour la sélection génomique. L'activité de publication est excellente, avec 4,55 articles/chercheur/an en ne comptant que les chercheurs publiants de l'équipe. Environ 2/3 des publications de l'équipe concernent des développements méthodologiques sur la détection de QTL, la sélection génomique, la génétique quantitative et la biologie intégrative. Une partie des résultats sont publiés dans de très bonnes revues généralistes. Les travaux sur la sélection génomiques semblent plutôt s'adresser à la communauté de génétique animale. Environ 1/3 des publications concernent des applications chez différentes espèces animales, dans le cadre de collaborations nationales et internationales. L'équipe a une bonne participation à des colloques internationaux de sciences animales, en particulier le colloque européen European Association for Animal Production (EAAP) et le colloque international World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP). Un des chercheurs de l'équipe a été invité dans de nombreuses conférences. Les travaux sont menés dans le cadre de collaborations locales avec des laboratoires de statistique sur les aspects méthodologiques, nationales avec de nombreuses équipes de l'INRA sur les applications en génétique animale, et internationales sur les méthodes et les applications. Il faut noter de nombreuses co-publications dans le cadre de collaborations internationales.

Appréciation synthétique sur ce critère

Globalement, la production et la qualité scientifiques sont très bonnes.

L'équipe MG2 met à profit ses compétences en génétique quantitative pour développer des travaux méthodologiques innovants sur la détection de QTL et la sélection génomique, avec des applications sur différentes espèces d'élevage (ovins, caprins, porcins). Étant donné la qualité et l'intérêt des recherches menées dans l'équipe, il est dommage qu'il n'y ait pas plus d'ouverture vers la communauté plus étendue de génétique évolutive, en particulier à travers des participations à des colloques.

Appréciation sur le rayonnement et l'attractivité académiques

L'équipe MG2 est impliquée dans de nombreux projets à l'échelle européenne, nationale (ANR) et locale (région Midi-Pyrénées). Elle a coordonné l'ANR « Rules and Tools ». Les chercheurs de l'équipe sont fortement impliqués dans l'animation des réseaux européens (réseau « European Animal Disease Genomics Network of Excellence for Animal Health and Food Safety » - EADGENE et réseau « Sustainable Animal BREeding » - SABRE. Sur la période, on peut noter l'accueil de 6 chercheurs étrangers et 1 postdoc, et l'obtention de 2 prix de thèse. 2 membres de l'équipe sont éditeurs associés pour la revue « Genetics Selection Evolution » (GSE) et « Frontiers in livestock genomics ». Enfin, l'équipe a organisé deux colloques nationaux (QTLMas 2011 et une « école chercheur »). Les membres de l'équipe sont reviewers pour 6 revues généralistes, et 9 revues appliquées.

Appréciation synthétique sur ce critère

Le dynamisme dont fait preuve l'équipe MG2 pour diffuser les connaissances sous la forme d'articles scientifiques de très bon niveau, ainsi que son implication dans l'activité éditoriale de revues scientifiques, et l'organisation de colloques et d'une « école chercheur », participent à son rayonnement académique au niveau national et international. La qualité des collaborations nationales et internationales contribue au rayonnement de l'équipe dans le monde des sciences animales. Globalement, le comité d'experts considère que le rayonnement de l'unité est excellent.

Appréciation sur l'interaction avec l'environnement social, économique et culturel

L'équipe MG2 participe à des actions de vulgarisation de la science et à la formation continue en lien avec l'INRA. Elle a accueilli 4 doctorants étrangers et publié plusieurs logiciels à destination de la profession.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe participe à l'interaction avec l'environnement social par des actions de vulgarisation de la science et de mise à disposition de logiciels. C'est un niveau très satisfaisant, compte tenu de son champ disciplinaire. Elle mène aussi une politique scientifique active sur l'accueil de doctorants étrangers.

Appréciation sur l'implication dans la formation par la recherche

L'équipe MG2 a un bilan de 9 thèses soutenues et 5 thèses en cours sur la période. Elle a accueilli 15 stagiaires. Les doctorants sont encouragés à participer à des colloques internationaux dans le domaine des Sciences Animales. Il est dommage qu'ils ne participent pas aussi à des colloques plus généralistes. Un chercheur de l'équipe a participé à deux projets européens. Enfin l'équipe a des activités d'enseignement à l'ENSAT Toulouse pour un EC de l'équipe.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe MG2 participe de façon dynamique à la formation par la recherche à travers l'encadrement de stagiaires et doctorants. Elle participe aussi à l'enseignement de la discipline dans le cadre de conférences à l'ENSAT et l'Université Paul Sabatier pour des formations diplômantes. C'est donc un niveau excellent.

Appréciation sur la stratégie et le projet à cinq ans

Le projet de l'équipe MG2 concerne des thématiques déjà mises en œuvre dans l'équipe. Il s'agit de développer des concepts et méthodes en génétique quantitative, en appui aux équipes travaillant directement sur les populations d'élevage. Trois grandes questions sont abordées : l'évaluation génétique et l'estimation de paramètres génétiques, la détection et localisation de QTL, et la gestion des populations d'élevage. L'enjeu consiste à intégrer l'information issue des données « New Generation Sequencing » (NGS) dans les méthodes, en prenant en compte les problèmes spécifiques soulevés par la grande dimension. L'équipe se positionne sur trois objectifs : d'une part, l'analyse des performances en croisement avec des questions liées à l'hétérosis, en collaboration avec la nouvelle équipe « Modélisation génétique et amélioration génétique des monogastriques » (MODGEN) ; d'autre part, le développement d'approches bayésiennes pour la détection de QTL épistatiques. Enfin, la proposition de schémas de sélection génomique pertinents et rentables d'un point de vue économique.

Le projet de l'équipe est globalement cohérent. Il s'appuie sur des collaborations nationales (INRA, département Génétique Animale de l'INRA) et internationales (co-encadrement d'un étudiant avec l'Université d'Aarhus, Danemark) pertinentes dans le domaine de la génétique animale, et des programmes de recherche financés par l'ANR ou le métaprogramme SelGen (métaprogramme « Sélection génomique »). Les développements sur la gestion des populations d'élevage s'appuient sur le recrutement à venir d'un Chargé de Recherches.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe MG2 développe des approches méthodologiques originales en lien avec la sélection chez les animaux d'élevage. Le projet de l'équipe est cohérent mais il ouvre des questions scientifiques dont il est difficile d'apprécier pleinement la complexité. Les compétences réunies au sein de l'équipe devraient lui permettre de mener à bien les projets ambitieux sur l'utilisation des données « New Generation Sequencing » pour la gestion des populations et la sélection. Globalement le projet de l'équipe MG2 est donc très bon, mais il devra être conduit avec réalisme.

Conclusion

- **Points forts et possibilités liées au contexte**

L'équipe MG2 réunit des chercheurs ayant d'excellentes compétences en génétique quantitative, en mathématiques et en modélisation statistique. Elle est bien insérée au sein de l'UMR GenPhySE grâce à des collaborations, pour les applications, avec l'équipe « Modélisation génétique et amélioration génétique des

monogastriques » (MODGEN) (porc et volaille) et l'équipe « Génétique et sélection des petits ruminants » (GeSPR) (petits ruminants).

En outre, l'équipe MG2 participe activement à la diffusion de ses méthodes, par des travaux d'application, en collaboration et par la diffusion de logiciels.

- **Points faibles et risques liés au contexte**

Le recrutement des doctorants est un point faible qui devra être pris en considération.

Le projet de l'équipe MG2, sur la gestion génomique des populations d'élevage, s'appuie en partie sur des développements déjà réalisés dans l'équipe, mais aussi sur le recrutement futur d'un chargé de recherche, avec des questions théoriques compliquées, sans solution à ce jour. Il y a donc une part importante de risque dans ce projet

- **Recommandations**

Les liens avec l'école d'agronomie et l'université pourraient être renforcés.

Un rapprochement avec la communauté de génétique évolutive, qui travaille sur la question de la gestion et du suivi des populations sur d'autres espèces que les animaux d'élevage, permettra d'enrichir les travaux de l'équipe autour de la sélection génomique. À terme, l'équipe devra assurer une meilleure lisibilité à ses travaux, en dehors de la communauté de génétique animale. Ceci permettra de recruter plus facilement des doctorants, ce qui est un point que l'équipe devra considérer avec attention.

Équipe 3 : Dynamique des populations et des génomes (DYNAGEN)

Nom du responsable : M. Thomas FARRAUT

Effectifs

Effectifs de l'équipe 3	Nombre au 31/12/2013	Nombre au 01/01/2016
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés		
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	4	4
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)		
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)		
N5 : Autres chercheurs (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)	2	2
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)	1	1
TOTAL N1 à N6	7	7

Effectifs de l'équipe 3	Nombre au 31/12/2013	Nombre au 01/01/2016
Doctorants	1	
Thèses soutenues	4	
Post-doctorants ayant passé au moins 12 mois dans l'unité		
Nombre d'HDR soutenues		
Personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	2	2

• Appréciations détaillées

Appréciation sur la production et la qualité scientifiques

L'équipe DYNAGEN, qui est reconduite dans son entièreté à partir de l'équipe « Biomathématiques et Bioinformatique » du LGC, développe des recherches sur l'analyse de la structure et de la variabilité des génomes animaux (élevages et autres), dans le but de comprendre l'évolution et l'adaptation de ces espèces. L'objectif est de donner un sens à cette variabilité génétique pour en tirer ensuite le meilleur profit. Trois thèmes de recherche sont investigués, à la fois dans le bilan et le projet : (I) cartographie des génomes et génomique évolutive - étudier l'évolution des génomes animaux ; (II) trace de sélection et histoire démographique des populations - inférer l'histoire des populations ; (III) biologie intégrative et données « omiques » - comprendre le lien entre diversité génétiques et diversités phénotypiques.

Les recherches menées par l'équipe profitent des avancées génomiques et apportent aux biologistes aux généticiens de nouvelles approches méthodologiques d'interprétation des données de la génomique. C'est un domaine nouveau (à l'exception des concepts théoriques), et récent, qui ouvre de nouvelles perspectives.

Les analyses approfondies et détaillées des séquences génomiques et transcriptomiques appellent le développement de nouvelles méthodes. La contribution de l'équipe dans les domaines de la cartographie génomique et comparative avec de nouvelles méthodes et approches pour l'analyse du génome de plusieurs espèces est remarquable. En ce qui concerne la reconstruction de l'histoire démographique des populations, l'équipe a développé une approche novatrice permettant d'estimer l'histoire démographique d'une population donnée à partir de données microsatellites. En ce qui concerne la détection des signatures de sélection l'équipe a proposé une méthode qui tient compte des déséquilibres de liaisons et une approche permettant de séparer les sélections récentes et anciennes. Enfin, il a été proposé récemment une nouvelle méthode statistique pour l'identification des réseaux de co-expression de gènes.

Le niveau de publications est excellent, et en constante amélioration au cours des années. L'équipe a publié 64 articles dans des revues à comité de lecture, dont quelques publications majeures (Genetics, Plos One, Plos Biology, PNAS, etc.). L'équipe a ici bénéficié des avancées technologiques de la génomique et de son intégration au sein de nombreux consortiums internationaux. L'avenir dira si les nouvelles méthodologies proposées sont adoptées à grande échelle par la communauté scientifique.

L'équipe est relativement bien intégrée au niveau international et Européen au travers de différents consortiums (e.g. génome ovin : AgENCODE), ou de collaborations bilatérales (Université de Vienne ; Laboratoire d'Écologie Alpine (LECA) - Grenoble ; Muséum d'Histoire Naturelle (MNHN) - Paris. Mais le comité d'experts s'interroge sur l'absence de collaboration avec le CIRAD et le nombre réduit de collaborations avec des équipes universitaires en France.

Appréciation synthétique sur ce critère

La qualité de la démarche scientifique associée à l'excellence de son réseau de collaborations a permis à l'équipe DYNAGEN de réaliser des avancées théoriques significatives en génomique des populations et d'aboutir à une meilleure connaissance de la variabilité génétique des populations d'animaux d'élevage. La qualité scientifique des chercheurs a permis d'obtenir d'excellentes publications. L'équipe « technique », de bioinformatique a un bon rayonnement international.

Globalement l'équipe se situe à un niveau excellent à exceptionnel sur ce critère.

Appréciation sur le rayonnement et l'attractivité académiques

L'équipe DYNAGEN est fortement impliquée dans des projets européens (4 projets) et des projets ANR (10 projets). Ceci concerne tous les chercheurs de l'équipe. Sur ces projets, l'équipe intervient en support pour des questions méthodologiques. Il est normal qu'elle ne soit pas pilote. L'équipe participe à des projets européens mais n'assume pas de « leadership » au niveau international. Au niveau national, un des membres de l'équipe a dirigé la Génopole de Toulouse Midi-Pyrénées. En outre, l'équipe a participé à la construction du Groupement d'intérêt scientifique (Modélisation et traitement de l'Information pour la Biologie des Systèmes) et au projet d'Idex Toulousain UNITI.

L'équipe DYNAGEN a fait montre d'une très bonne intégration dans la communauté scientifique nationale. Elle a participé régulièrement à des colloques internationaux avec des communications par poster et quelques communications orales. Elle a eu peu de conférences invitées mais son activité de communication aussi dans les colloques internationaux de génétique animale est correcte. Elle a organisé le congrès « Journées Ouvertes en Biologie, Informatique et Mathématiques » (JOBIM) en 2013, qui est un évènement important en France pour la communauté bioinformatique.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe DYNAGEN a un très bon rayonnement national et international grâce à son activité de publication, des participations régulières à des colloques scientifiques, et des participations à des projets européens et des projets ANR. Elle n'anime pas à proprement parler de réseau dans son domaine de compétences, ni au niveau national, ni au niveau international. Le comité d'experts s'étonne, au vu la qualité

scientifique des membres de l'équipe, qu'il n'y ait pas plus de « leadership » au niveau international.

Appréciation sur l'interaction avec l'environnement social, économique et culturel

Les méthodes développées par l'équipe DYNAGEN sont valorisées en termes de logiciels mis à disposition de la communauté : à noter le logiciel Glint pour l'alignement de séquences, et le navigateur de génomes Narcisse, dont la maintenance est assurée par l'équipe. Les collaborations sont réalisées avec des biomathématiciens, bioinformaticiens, et les collègues biologistes. Par contre on ne signale pas de partenariat avec la filière industrielle.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'interaction avec l'environnement économique est globalement très satisfaisante. Une implication directe dans des projets collaboratifs avec la filière industrielle mériterait cependant d'être envisagée. Il n'y a aucune raison de penser que les connaissances et expertises scientifiques des membres de l'équipe ne trouveraient pas ici un intérêt chez des partenaires. Par contre, le comité d'experts a apprécié la préoccupation de l'équipe DYNAGEN d'accompagner les méthodes développées par la création de logiciels mis à disposition de la communauté.

Appréciation sur la vie de l'équipe

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe DYNAGEN est bien intégrée au sein de l'Unité GenPhySE. Son organisation interne lui a permis une efficacité certaine pour atteindre le niveau de publications et la valorisation en termes de logiciels. Elle n'est pas modifiée par la création de l'Unité GenPhySE.

Appréciation sur l'implication dans la formation par la recherche

L'équipe a encadré 4 doctorants et 2 ont été en co-direction, soit un encadrement de 6 thèses encadrées ou co-encadrées pour la période. Elle contribue aux enseignements spécialisés de statistique (niveau M2) et Bio-informatiques et Biologie des Systèmes, Génétique des populations (Niveau M2). L'équipe a accueilli uniquement 2 post docs sur la période.

Appréciation synthétique sur ce critère

Au global l'équipe DYNAGEN a une activité réduite sur le critère formation par la recherche, malgré une implication certaine dans les maquettes de Master qui devrait lui permettre une visibilité accrue sur le recrutement de nouveaux doctorants. C'est donc un niveau passable à satisfaisant d'implication dans la formation par la recherche.

Appréciation sur la stratégie et le projet à cinq ans

La stratégie et le projet de l'équipe DYNAGEN anticipent bien les nouvelles avancées dans son domaine de compétences, avec d'un côté une étude fine de la variabilité de structure du génome entre individus et, d'un autre côté, l'analyse d'un nombre croissant d'individus au sein d'une population. Au niveau des traces de sélection et de l'histoire démographique, avec les coûts de séquençage appelés encore à diminuer, on peut s'attendre à ce que l'importance du séquençage en pool diminuera. Dans ce contexte, il est également important de noter que les populations, par exemple de petits ruminants sont moins homogènes génétiquement que les races laitières bovines et commerciales porcines. Cela présente de nouveaux défis d'analyses pour l'équipe DYNAGEN dont il faudra tenir compte. Enfin, des demandes sont à prévoir au niveau de la biologie intégrative et de la biologie des systèmes.

Le projet à cinq ans est cohérent tout à fait en accord avec les développements technologiques anticipées. Le comité d'experts regrette un manque de « leadership », et reconnaît le niveau très élevé des collaborations.

Appréciation synthétique sur ce critère

Au global le projet de l'équipe est parfaitement cohérent et dans la continuité de l'existant. Il est donc excellent. La faisabilité est réaliste. Une exception est sans doute à souligner au niveau du lien entre la diversité génétique et diversités phénotypiques, la création GenPhySE représente une opportunité pour cette équipe de se positionner en tant que leader scientifique dans ce domaine.

Conclusion

▪ Points forts et possibilités liées au contexte

L'équipe DYNAGEN réunit des chercheurs ayant d'excellentes compétences en Biomathématiques et Bioinformatique. Elle est bien insérée au sein de l'UMR GenPhySE grâce à des collaborations, avec les autres équipes. Elle a une activité de publications de grande qualité, tant en nombre que par le niveau des revues dans lesquelles elle publie.

En outre, l'équipe DYNAGEN participe activement à la diffusion de ses méthodes, par la mise à disposition et la diffusion de logiciels.

Elle est très investie dans les structures locales (qui ont une grande visibilité nationale) comme la Génopôle de Toulouse.

▪ Points faibles et risques liés au contexte

Le recrutement des doctorants et la formation par la recherche en général sont des points faibles qui devront être pris en considération, compte-tenu de son domaine de recherche.

▪ Recommandations

L'équipe DYNAGEN devra, tout en maintenant son niveau d'excellence en termes de publications, travailler sur le recrutement et les financements des doctorants. Également, son activité importante en termes de participation à des contrats de recherche devrait lui permettre d'envisager des positions de leadership sur certains programmes nationaux et internationaux.

Équipe 4 : Génomique des Ovins et des Caprins (GENROC)

Nom du responsable : M^{me} Gwenoïa TOSSER KLOPP

Effectifs

Effectifs de l'équipe 4	Nombre au 31/12/2013	Nombre au 01/01/2016
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés		
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	3	3
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)	5	3
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)		
N5 : Autres chercheurs (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)		
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)		
TOTAL N1 à N6	8	6

Effectifs de l'équipe 4	Nombre au 31/12/2013	Nombre au 01/01/2016
Doctorants	2	
Thèses soutenues	3	
Post-doctorants ayant passé au moins 12 mois dans l'unité		
Nombre d'HDR soutenues	2	
Personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	2	2

• Appréciations détaillées

Appréciation sur la production et la qualité scientifiques

L'équipe GENROC développe des recherches sur le déterminisme génétiques de caractères d'élevage chez les ovins et les caprins, avec un intérêt particulier pour la fertilité et la prolificité. L'utilisation d'outils génomiques, pour caractériser la diversité génétique dans des régions préalablement identifiées par détection de « Locus de caractères quantitatifs » (QTL) ou la génétique d'association, a permis d'identifier un certain nombre de polymorphismes associés à la variation des caractères étudiés. Ces travaux ont en particulier permis d'identifier le rôle important du gène BMP15 dans le contrôle de la prolificité chez les ovins. Des résultats originaux ont également été obtenus concernant l'expression des gènes durant les premiers stades de développement du follicule ovarien chez la brebis. Par ailleurs, l'équipe a participé à l'établissement de la

puce 60 000 SNP (single-nucleotide polymorphism) pour les caprins.

La mise au point de la technique de microdissection laser pour isoler les compartiments folliculaires chez la brebis a permis l'analyse du répertoire des gènes exprimés au cours du développement du follicule ovarien.

L'équipe GENROC a une bonne activité de publication (1,9 articles/chercheur/an) dans de très bonnes revues, y compris des revues généralistes. Les travaux autour du développement de la puce SNP dans le cadre du consortium international du génome de la chèvre ont fortement contribué à la renommée de l'équipe au niveau international.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe GENROC a acquis une renommée internationale pour ses travaux concernant la prolificité chez les ovins et la participation au séquençage et la détection de SNP chez les caprins. Les travaux de recherche, menés grâce à un bon réseau de collaborations nationales et internationales, avec l'appui des filières professionnelles, sont publiés dans de bonnes revues du domaine, avec quelques publications dans des revues généralistes. Au global, la production et la qualité scientifique sont excellentes.

Appréciation sur le rayonnement et l'attractivité académiques

L'équipe GENROC participe à des réseaux européens et des consortiums internationaux sur la génomique et aussi l'élevage durable. Elle est fortement impliquée dans le consortium international du génome de la chèvre. De façon plus générale, elle a un excellent réseau de collaborations nationales et internationales autour de la génomique des petits ruminants.

En dehors du colloque international « Plant and Animal Genome », et de la réunion annuelle de la fédération européenne de sciences animales (EAAP), sa participation est faible dans les colloques internationaux à vocation plus généraliste.

Il faut signaler cependant le niveau et la notoriété des expertises auxquelles contribuent les membres de l'entité et les expertises pour des revues scientifiques dans une vingtaine de journaux différents.

L'équipe GENROC a en outre accueilli 1 post doc et 2 scientifiques invités sur la période.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'activité de publication de l'équipe GENROC est ancrée sur de solides collaborations et des participations à des consortiums européens et internationaux qui permettent à l'équipe de jouer un rôle important dans la vie scientifique de sa communauté. C'est donc un très bon niveau. Pour maintenir sa position d'expertise internationale et son rayonnement, il serait bon de participer de façon plus active à des colloques internationaux plus généralistes, au-delà du colloque « Plant and Animal Genome ».

Appréciation sur l'interaction avec l'environnement social, économique et culturel

L'équipe GENROC a assuré le transfert des mutations causales identifiées et des techniques de génotypage associées aux organismes de sélection des races concernées. Elle a de bons contacts avec la filière pour définir des caractères d'intérêts. En retour, elle a obtenu des contrats de recherche et le financement d'une thèse CIFRE, ce qui montre l'intérêt de la profession pour les recherches effectuées.

Appréciation synthétique sur ce critère

Le comité d'experts a noté positivement la pérennité des contacts avec la filière professionnelle et la préoccupation de l'équipe GENROC de transférer les techniques de génotypage vers la filière « ovins et les caprins ». C'est donc un niveau d'interaction avec l'environnement excellent.

Appréciation sur la vie de l'équipe

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe GENROC a une taille très réduite qui lui permet de trouver des modes d'organisation simples et efficaces.

Appréciation sur l'implication dans la formation par la recherche

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe GENROC fait état de 3 thèses soutenues sur la période. Dans l'absolu, ceci reste faible compte tenu du nombre d'HDR (2). Elle est par ailleurs faiblement impliquée dans des formations de M2 des universités de Toulouse et Tours. C'est un niveau tout juste satisfaisant.

Appréciation sur la stratégie et le projet à cinq ans

Le projet à cinq ans est très ambitieux au regard des forces qui composent l'équipe. Il concerne des thématiques en génomique des ovins et caprins déjà mises en œuvre dans l'équipe sur l'adaptation à l'environnement, la santé et la qualité du lait, et la reproduction. Il s'agit de rechercher les mutations des gènes associés aux caractères d'intérêt et d'étudier les mécanismes biologiques responsables de la variabilité de ces critères. Ces travaux seront réalisés en partie grâce à des collaborations avec les équipes travaillant en génétique quantitative (GesPR) et génétique des populations (DYNAGEN). Trois grands objectifs sont abordés, un par chercheur : I) les caractères liés à l'adaptation de la toison des ovins et caprins à l'environnement naturel et aux conditions de production ; II) les caractères liés à la résistance aux mammites et au parasitisme et ceux liés à la qualité du lait ; et III) les caractères de fertilité, prolificité et de stérilité. Une dernière question de recherche, transversale à l'équipe, s'intéresse à l'annotation des génomes ovin et caprin en lien avec les consortia internationaux ovin et caprin. La réalisation de ces objectifs s'appuie sur des travaux antérieurs des membres de l'équipe qui sont tous très compétents dans leur domaine de recherche. Les recherches s'appuient sur un nombre significatif de projets financés par la région, l'ANR ou l'Europe. Elles s'appuient aussi sur des collaborations au sein de l'Unité GenPhySE, des collaborations nationales et internationales et de bonnes interactions avec les filières professionnelles. 2 thèses sont en co direction. Cependant, le comité d'experts s'interroge quant aux capacités réelles de réalisation de ce projet, compte tenu du nombre de chercheurs dans l'équipe.

Appréciation synthétique sur ce critère

Le projet à cinq ans est ambitieux et repose sur la complémentarité scientifique des chercheurs de l'équipe GENROC. Il n'est pas certain qu'il soit en concordance avec le nombre de chercheurs de l'équipe GENROC. C'est un très bon projet qui devra cependant être conduit avec prudence.

Conclusion

L'équipe GENROC correspond à l'ancienne équipe « Génomique des ovins et des caprins ». Un des chargés de recherche a rejoint la nouvelle équipe « Génétique et Epigénétique moléculaires des espèces animales utilisées en croisement » (GENEPI) mais un autre chargé de recherches est arrivé de l'ancienne équipe « Génétique et génomique des palmipèdes gras ». Le potentiel de l'équipe GENROC reste inchangé, mais faible numériquement.

▪ Points forts et possibilités liées au contexte

L'équipe GENROC a une expertise reconnue, un réseau de collaboration bien établi au sein de l'unité et au-delà, et une part des moyens financiers déjà obtenus pour son projet.

- **Points faibles et risques liés au contexte**

Le projet est très ambitieux au regard des forces mises en face.

- **Recommandations**

Le nombre de doctorants encadrés dans l'équipe GENROC doit pouvoir être augmenté dans les années à venir. L'équipe doit pouvoir obtenir un plus grand nombre de projets de recherche finançant des post docs, en s'appuyant notamment sur son bon réseau de partenariat national et international.

Il sera important de mettre son projet de recherche en adéquation avec le potentiel de recherche présent dans l'équipe, même si sa renommée et ses collaborations sont autant d'éléments positifs qu'il faut prendre en considération.

Équipe 5 : Cytogénomique structurale et fonctionnelle (CYTOGENE)

Nom du responsable : M. Hervé ACLOQUE

Effectifs

Effectifs de l'équipe 5	Nombre au 31/12/2013	Nombre au 01/01/2016
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés	1	1
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	4	5
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)	7	7
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)		
N5 : Autres chercheurs (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)		
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)		
TOTAL N1 à N6	12	13

Effectifs de l'équipe 5	Nombre au 31/12/2013	Nombre au 01/01/2016
Doctorants	1	
Thèses soutenues	2	
Post-doctorants ayant passé au moins 12 mois dans l'unité		
Nombre d'HDR soutenues	1	
Personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	4	4

• Appréciations détaillées

Appréciation sur la production et la qualité scientifiques

L'équipe CYTOGENE développe des recherches particulièrement originales (dans le sens où peu d'autres laboratoires travaillent sur ces thématiques en génétique animale) sur : *I*) l'organisation 3D du noyau et son rôle fonctionnel (niveau d'expression des gènes) ; et *II*) la plasticité du génome et de l'épigénome chez le porc en lien avec les variations de fertilité mâle. L'équipe CYTOGENE a la particularité de s'appuyer sur une plateforme de cytogénétique qui a pour mission d'apporter un service au monde de l'élevage par la recherche d'anomalies chromosomiques susceptibles d'avoir des répercussions sur la qualité des reproducteurs (principalement bovins, les porcs, les chevaux et les chiens). Cette activité de service vient « nourrir » la recherche en alimentant une collection de remaniements chromosomiques chez le porc.

Les recherches sont notamment basées sur l'utilisation de méthodes innovantes combinant hybridation *in situ*, de microscopie et d'analyse d'images. Cela a mené à la publication d'une nouvelle méthodologie d'analyse des données (logiciel NEMO publié en 2010).

L'équipe a produit 27 publications sur la période évaluée (variant de 2 à 9/an selon les années). Cette production est assez modeste mais il faut noter la forte implication de membres de l'équipe dans des missions collectives à l'INRA (adjoint du chef de département « Génétique Animale » et adjoint du directeur d'unité) ainsi qu'une activité d'enseignement importante pour les enseignants-chercheurs. La grande majorité des articles ont été logiquement publiés dans des revues spécialisées en cytogénétique ou, plus rarement, des revues généralistes. L'ensemble est de bon à très bon niveau. Les membres de l'équipe ont participé à des congrès nationaux et internationaux.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe CYTOGENE a une très bonne production et qualité scientifique. Elle met à profit ses compétences en cytogénétique et l'activité de la plateforme associée pour développer des travaux de recherche originaux et novateurs (organisation 3D du génome, épigénome) ou plus classiques (infertilité chez le porc). La nature de son activité est variée (service, enseignement, recherche).

Appréciation sur le rayonnement et l'attractivité académiques

L'équipe CYTOGENE est bien connue et reconnue dans le domaine de la cytogénétique animale, avec notamment la participation à plusieurs Groupements de Recherches successifs. Son activité en tant que plateforme, l'implication de ses chercheurs et enseignants chercheurs dans la formation à l'échelle nationale (ENVT) et internationale (Initial Training Network -ITN) ou des « sociétés savantes ». La majorité des projets de recherche est financée en interne à l'INRA mais l'implication dans le projet européen « Sustainable Animal BREeding » SABRE comme responsable du WP2 est à souligner. Certains membres de l'équipe ont été particulièrement actifs en termes de participation à des jurys de thèses ou d'HDR et de contribution à l'édition scientifique (comités éditoriaux).

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe CYTOGENE a un bon rayonnement, notamment du fait de ses activités de nature assez variée et de l'originalité de certains de ses axes de recherche. Ce rayonnement pourrait se traduire mieux, en termes de projets de recherche formalisés avec les différents laboratoires avec lesquels des collaborations pérennes sont établies.

Appréciation sur l'interaction avec l'environnement social, économique et culturel

Les interactions de l'équipe CYTOGENE avec l'environnement économique sont fortes du fait de l'activité de la plateforme de cytogénétique, fortement sollicitée pour différentes espèces d'élevage. Il faut noter la forte implication jusqu'en 2012 d'un des membres de l'équipe sur le thème « science et société ».

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe CYTOGENE participe activement aux interactions de l'unité avec l'environnement social et économique. C'est un très bon niveau.

Appréciation sur la vie de l'équipe

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe CYTOGENE a une taille qui lui permet de trouver des modes d'organisation simples et efficaces. L'interaction avec la plateforme ne pose pas de problème organisationnel et l'équipe a trouvé un mode organisationnel efficace alliant recherche et transfert. C'est un très bon niveau pour ce qui concerne ce critère.

Appréciation sur l'implication dans la formation par la recherche

Deux thèses ont été soutenues durant la période. Une thèse, débutée en 2011 est en cours. 2 à 5 stagiaires sont accueillis chaque année. L'implication dans l'enseignement est naturellement forte du fait de l'implication d'enseignants-chercheurs dans l'équipe. Le domaine de recherche semble souffrir d'un manque d'attractivité pour les étudiants, expliquant le nombre limité de thèses.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe CYTOGENE participe de façon significative et à un niveau satisfaisant à la formation par l'enseignement et la recherche. Le nombre de doctorants encadré reste cependant limité.

Appréciation sur la stratégie et le projet à cinq ans

Le projet à 5 ans de l'équipe CYTOGENE s'inscrit dans la continuité des travaux précédents et s'enrichit de nouveaux axes de recherche. Les questions de recherche précédemment développées (ou initiées) sont partiellement reformulées et élargies du fait de l'arrivée de chercheurs précédemment positionnés dans d'autres équipes. Les travaux sur la plasticité du génome et de l'épigénome seront poursuivis chez le porc et les oiseaux (poulet, canards). Le travail sur les « points chauds » de recombinaison sera notamment basé sur le séquençage du génome de spermatozoïdes isolés. Des cartes épigénomiques seront établies au fil de la différenciation des cellules primordiales au cours de la gamétogénèse. Les travaux sur l'organisation 3D du génome et son expression seront poursuivis, avec un accent sur les gènes du complexe majeur d'histocompatibilité porcine. Ce travail sera étendu à un nouveau modèle cellulaire musculaire et de nouvelles questions sur la co-régulation des gènes en lien avec les équipes GeneRobust, GenEpi et Dynagen. Ces travaux ouvrent des perspectives particulièrement intéressantes en termes d'étude de l'organisation 3D du génome et cartographie des déterminants de l'expression des gènes (eQTLs, DNAase-Seq).

Le travail proposé sur la caractérisation de la variabilité génétique de l'abeille apparaît peu connecté aux autres activités de l'équipe et possiblement opportuniste, à la fois en termes de modèle et de questionnements (au-delà des compétences de l'équipe en termes d'assemblage de génomes sur les bases combinées de données cytogénétiques et génomiques). La cytogénétique structurale et le contrôle chromosomique des populations d'élevage sont évidemment maintenus parmi les activités de l'équipe. L'ensemble représente un projet de recherche cohérent (sauf la partie sur les abeilles), innovant, notamment pour les composantes épigénomiques et utilisations de méthodes cellulaires.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe CYTOGENE propose de développer des travaux de recherche qui s'appuient sur une expertise largement reconnue en cytogénétique structurale et des interactions fortes avec différentes approches de génomique (expression des génomes, épigénomiques). L'ensemble est innovant et traduit une évolution significative de l'équipe. L'équipe CYTOGENE a donc un excellent projet.

Conclusion

L'équipe CYTOGENE est issue de l'ancienne équipe « Cytogénétique fonctionnelle ». Elle a évolué par l'arrivée de deux chargés de recherche (précédemment dans l'ancienne équipe « Génomique Aviaire » qui est non reconduite). Ces arrivées se traduisent notamment par un élargissement du périmètre d'activités de l'équipe qui dépasse la cytogénétique et inclut désormais des travaux en génomique (séquençage de génomes complets, transcriptomique et épigénomique) et sur des modèles cellulaires. L'effectif technique de l'équipe peut paraître important mais il inclut le personnel attaché à la plateforme de cytogénétique animale : 1AI et 3 TR.

▪ Points forts et possibilités liées au contexte

L'équipe CYTOGENE réunit cytogénéticiens et génomiciens. Son évolution apparaît logique et accompagne très bien les orientations de ses activités de recherches. Celles-ci sont le plus souvent originales et prometteuses, permettant des interactions fortes avec d'autres équipes au sein de l'UMR GenPhySE. Elle joue, par la plateforme de cytogénétique animale, un rôle clé dans la surveillance des anomalies

cytogénétiques des animaux d'élevage.

- **Points faibles et risques liés au contexte**

Face à l'élargissement de ses compétences et de ses objectifs, l'équipe CYTOGEN doit veiller à ne pas multiplier ses axes de recherche et à établir des priorités.

- **Recommandations**

Le nombre de doctorants doit pouvoir être augmenté dans les années à venir, en lien avec l'élargissement de l'équipe et des thèmes de recherche. L'équipe doit pouvoir obtenir plus projets de recherche financés au-delà de l'INRA, en s'appuyant notamment sur son bon réseau de partenariats nationaux et internationaux. Ces interactions devront préférentiellement conforter le caractère novateur des travaux développés.

Équipe 6 : Nutrition, Écosystèmes Digestifs (NED)

Nom du responsable : M^{me} Sylvie COMBES

Effectifs

Effectifs de l'équipe 6	Nombre au 31/12/2013	Nombre au 01/01/2016
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés	4	3
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	5	3
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)	7	5
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)		
N5 : Autres chercheurs (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)		
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)		
TOTAL N1 à N6	16	11

Effectifs de l'équipe 6	Nombre au 31/12/2013	Nombre au 01/01/2016
Doctorants	2	
Thèses soutenues	8	
Post-doctorants ayant passé au moins 12 mois dans l'unité		
Nombre d'HDR soutenues	1	
Personnes habilitées à diriger des recherches ou assimilées	4	4

• Appréciations détaillées

Appréciation sur la production et la qualité scientifiques

Les recherches de l'équipe NED sont centrées sur les relations entre la nutrition et le fonctionnement de l'écosystème digestif. L'objectif est de décrire la séquence d'implantation et sa variabilité, en lien avec la mise en place de l'ingestion solide. Pour comprendre la relation avec la nutrition de l'animal (veau et lapin), plusieurs voies de modulation nutritionnelle des activités microbiennes ont été étudiées : le niveau d'ingestion, la quantité et la qualité des fibres, l'apport de matière grasse et l'apport de levure. L'équipe décompose ses résultats en 4 volets : *I*) comparaison de l'écosystème digestif ruminal et caecal, *II*) la maturation des écosystèmes digestifs ruminal et caecal ; *III*) le rôle de la nutrition dans l'orientation de l'écosystème digestif ; et *IV*) une approche systémique - conception et évaluation de systèmes d'élevage cynicoles. L'équipe NED a

obtenu des résultats significatifs sur l'ensemble de ces domaines, en particulier en délimitant une fenêtre temporelle de forte variabilité liée au processus de mise en place du microbiote, en analysant l'impact de l'apport lipides, et d'une flore biotique ou encore sur la modification du flux de nutriments. Ceci conduit à des innovations pour les systèmes cunicoles en utilisant différents leviers d'action afin de développer un élevage durable et avoir une vision intégrée de la santé animale sur la base de données concernant les mécanismes de digestion et d'assimilation des aliments.

L'équipe NED a publié 70 articles dans des revues à comité de lecture (2 % dans des revues exceptionnelles et 55 % dans des revues excellentes : Plos One, FEMS Microbiology and Ecology, etc.) et 7 chapitres d'ouvrage. Pour un effectif de 9 à 10 chercheurs (ETP), enseignants-chercheurs et ingénieurs de recherche (soit 6,4 à 7,4 ETP), cela représente en moyenne 1,84 articles/ETP/an soit une productivité satisfaisante.

Appréciation synthétique sur ce critère

La production et qualité scientifique sont à un niveau excellent.

L'équipe NED affiche un bilan très positif, tant en nombre de publications qu'en qualité. L'approche scientifique est développée de façon très construite et transverse : de l'alimentation aux systèmes d'élevage. L'approche mécanistique envisagée est très ambitieuse mais séduisante et originale.

Appréciation sur le rayonnement et l'attractivité académiques

L'équipe NED investit largement dans le transfert et le développement de méthodes de microbiologie moléculaire, de bioinformatique et de statistiques pour l'exploration des communautés microbiennes complexes (logiciel d'analyses d'empreintes moléculaires, technique de pyroséquençage, pipeline d'analyse bioinformatique). Cette maîtrise technique et méthodologique entraîne de nombreuses actions de formation, de partenariat, de collaboration et de soutien technique en France et à l'étranger (accueil de 3 doctorants étrangers). Les développements en agro-écologie au sein de l'INRA font appel aux compétences de l'équipe NED.

L'équipe a contribué par ailleurs à la création de l'axe SYSED (« SYStèmes d'Élevage Durables »), notamment par des apports méthodologiques sur l'évaluation de la durabilité.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe NED présente un très bon bilan en termes de rayonnement académique, à la fois varié et indiquant un dynamisme réel.

Appréciation sur l'interaction avec l'environnement social, économique et culturel

La mise au point d'un outil d'évaluation de la durabilité dans le cadre de la transversalité SYSED a été l'occasion de développer les interactions avec l'environnement social, économique et culturel. Les objectifs de durabilité et leur pondération ont été définis par un collège de 30 personnes regroupant experts, représentants des filières, des consommateurs et des citoyens. Forte de cette expérience, l'équipe NED est en train de rédiger un guide méthodologique sur le sujet et participe à la réflexion sur l'évaluation multicritère conduite dans le GIS « Élevage demain ». Ce type de travaux contribue fortement aux interactions science/société.

Par ailleurs, l'équipe a mis au point un « Index de Fréquence des Traitements par les Antibiotiques » (IFTA) qui a été transféré vers la profession. L'IFTA est un indicateur qui évalue l'utilisation des antibiotiques en élevage. Ceci indique que les relations de l'équipe avec l'environnement économique de type « filières » est manifestement pris en compte.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe NED fonctionne en forte interaction avec son environnement, et en particulier avec différentes UMR INRA, sur un domaine qui concerne les systèmes d'élevage et qui est au cœur de métier de l'ensemble de l'unité. Le bilan indiqué par l'équipe NED est très bon, malgré l'étendue des sujets abordés par l'équipe.

Appréciation sur la vie de l'équipe

Appréciation synthétique sur ce critère

La vie de l'équipe NED ne semble pas poser de problèmes particuliers, si ce n'est que l'équipe fonctionne sur plusieurs sites. L'animation scientifique est satisfaisante et elle permet d'assurer au sein de l'équipe le continuum entre des travaux mécanistiques et les applications sur les systèmes d'élevage.

Appréciation sur l'implication dans la formation par la recherche

L'équipe comprend 4 HDR et a encadré 10 doctorants sur la période dont 8 ont soutenu. L'effectif actuel de doctorants est faible, aucune nouvelle thèse n'ayant démarré entre 2011 et 2014. De même aucun stagiaire n'a été accueilli depuis 2012. On peut s'interroger sur les raisons, conjoncturelles ou non, de cet étiage.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'encadrement des doctorants et l'effectif présent dans l'équipe sont les plus points le plus inquiétants du bilan de l'équipe, qui avait eu dans la période précédente une activité d'encadrement non négligeable. Il faut résoudre ce point de façon urgente. Ce critère est atteint de façon à peine satisfaisante.

Appréciation sur la stratégie et le projet à cinq ans

Le projet de l'équipe NED s'inscrit dans la nouvelle TGU GenPhySE. Les enjeux demeurent, d'une part la diminution des antibiorésistances, grâce à la limitation de l'usage des médicaments, et, d'autre part, des gains en productivité et qualité des produits, grâce à une meilleure efficacité digestive. Dans les deux cas, la clé d'entrée privilégiée est la connaissance des déterminants (génétiques, épigénétiques et environnementaux) de la composition et du fonctionnement des écosystèmes microbiens digestifs en vue d'optimiser les services écosystémiques qu'ils rendent, voire de les restaurer.

À terme, l'objectif est ainsi de pouvoir piloter cet écosystème par la mise en œuvre d'une ingénierie écologique dont les leviers sont de nature alimentaire (nature des matières premières, prébiotiques) et biotique (levures, inoculation, génétique de l'hôte, interactions hôte/microbiote).

Les questions de recherche portent donc sur la compréhension des processus d'implantation et de fonctionnement des écosystèmes digestifs : succession écologique des espèces microbiennes et des fonctions, évaluation des services écosystémiques, facteurs de contrôle. Les modèles animaux sont diversifiés : petits et jeunes ruminants, porcs, lapins.

Le projet est cohérent avec les compétences disciplinaires de l'équipe (qui vont de l'écologie microbienne à la zootechnie en passant par la physiologie et la nutrition) et les méthodes disponibles et maîtrisées soit directement par l'équipe soit grâce aux collaborations à l'échelle de la TGU et des plateformes du site (cultures in vitro, biochimie, microbiologie moléculaire, transcriptomique, métagénomique, bioinformatique).

Au-delà de ces collaborations internes, l'équipe NED s'inscrit dans un réseau pertinent de collaborations scientifiques et professionnelles, essentiellement national même si quelques initiatives internationales voient le jour.

Appréciation synthétique sur ce critère

Le projet de l'équipe NED est dans la continuité de l'existant. Il est ambitieux mais réaliste, à condition que l'aspect de formation de doctorants (et de post doc) soit correctement pris en compte. C'est donc un projet excellent.

Conclusion

L'équipe NED présente un bilan positif attestant des compétences acquises et d'une maturité lui permettant d'afficher un projet de recherche clair, réaliste et fécond, tant sur le plan scientifique par les questionnements qu'il soulève, les approches pluridisciplinaires qu'il suppose et les partenariats qu'il génère que sur le plan de l'application pour proposer des solutions aux problèmes de durabilité des élevages (efficacité alimentaire, médicaments). Les moyens disponibles sont en cohérence avec le projet.

L'équipe NED est donc en continuité de la précédente équipe « Nutrition, Écosystèmes Digestifs », avec une reconfiguration qui a mené à réduire sensiblement sa taille (2 « départs » vers la nouvelle équipe SYSED) et le changement de responsable d'équipe.

▪ Points forts et possibilités liées au contexte

La problématique de l'équipe NED est basée sur des enjeux forts et des modèles animaux diversifiés. Elle présente un spectre scientifique large.

Elle bénéficie d'un partenariat professionnel motivé, d'un large panel de compétences internes à l'équipe et intra-unité. Elle utilise des plateformes techniques performantes.

Elle trouve parfaitement sa place et son rôle dans l'Unité GenPhySE

Elle sait bien valoriser ses travaux en termes de publications.

▪ Points faibles et risques liés au contexte

L'équipe NED est de petite taille (9,3 ETP permanents avec un seul jeune chercheur) pour un projet de recherche très large et ambitieux.

L'équipe NED devra gérer un certain recentrage thématique sur les mécanismes biologiques, permis par l'externalisation de la dimension système au sein d'une nouvelle équipe au sein de l'unité.

La formation de doctorants (et de post doc) est à un niveau sous-critique : 1 seul doctorant fin 2014 (pour 4 HDR).

▪ Recommandations

Le nombre de doctorants doit être augmenté impérativement dans les années à venir. L'équipe doit pouvoir obtenir plus projets de recherche financés au-delà de l'INRA, en s'appuyant notamment sur son réseau de partenariats nationaux et internationaux. Ces interactions devront préférentiellement conforter le caractère novateur des travaux développés.

Avec la création de l'équipe SYSED (« SYSTèmes d'Élevage Durables »), au sein de l'unité, l'équipe NED devra conserver la pratique active du transfert de ses travaux sur les mécanismes de colonisation vers les systèmes d'élevage.

4.3 • Analyse du projet des équipes créées au 01/01/2014

Équipe 7 : Modélisation génétique et amélioration génétique des monogastriques (MODGEN)

Nom du responsable : M^{me} Hélène GILBERT

Effectif

Effectifs de l'équipe 7	Nombre au 01/01/2016
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés	
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	8
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)	1
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)	
N5 : Autres chercheurs (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)	
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)	
TOTAL N1 à N6	9

• Appréciations détaillées

Appréciation sur la stratégie et le projet à cinq ans

L'équipe « Modélisation génétique et amélioration génétique des monogastriques » MODGEN est une nouvelle équipe formée par des membres des anciennes équipes « Génétique et Génomique des Petits Ruminants », « Génétique et Génomique du lapin », « Génétique Porcine ». De plus, l'équipe bénéficie de l'arrivée d'un chercheur de l'UMR INRA « Génétique Animale et Biologie Intégrative » suite à une mobilité interne. Enfin, une jeune chercheuse vient d'être recrutée dans l'équipe.

La création de l'équipe MODGEN permet ainsi de regrouper dans une seule équipe des chercheurs travaillant sur différentes espèces d'animaux d'élevage : palmipèdes, lapin et porc. Ces espèces présentent des similarités en termes de structures de populations, types d'élevages et organisations professionnelles, ce regroupement apparaît donc logique et cohérent

Les objectifs de l'équipe MODGEN sont ambitieux. À terme, il s'agira d'intégrer dans les programmes de sélection de nouveaux caractères liés à l'évolution de la demande sociétale. Ces caractères, comme la survie de nouveau-nés, l'efficacité alimentaire, la qualité des produits, la santé et l'immunité des animaux, demandent un effort de recherche en modélisation et l'étude de leur déterminisme génétique pour leur éventuelle intégration dans les programmes de sélection. En particulier, il faut pouvoir prendre en compte les interactions Génotype x Environnement, pour la robustesse, les effets sociaux pour la décomposition des effets directs et indirects, et les mesures répétées dans le temps, avec des problèmes de censure. La question de la valeur en croisement et de l'hétérosis est aussi une question de recherche nouvelle pour ces espèces. Enfin, l'équipe souhaite maintenir une implication significative dans l'évaluation génétique des reproducteurs et l'optimisation des dispositifs de sélection, prenant en compte les évolutions récentes en termes de ressources génomiques, moyens de calcul et phénotypage. Ces questions sont traitées en collaboration avec l'équipe

Modélisation génomique et génétique (MG2) (programme Seldir : Crossbred selection, modeling, dominance) et l'équipe « Génétique et Épigenétique moléculaires des espèces animales utilisées en croisement » (GenEpi) (programme Utopige : Towards the Optimal use of Genomic Information in pyramid schemes), et devraient être abordées dans les axes transversaux « espèces ». Par contre, le mode de fonctionnement, l'articulation entre équipes, et le partage des responsabilités n'apparaissent pas clairement dans le projet de l'équipe MODGEN.

La réalisation de ces objectifs s'appuie sur des travaux antérieurs des membres de l'équipe qui sont tous très compétents dans leur domaine de recherche. Les recherches s'appuient sur un nombre important de projets financés par l'INRA, l'ANR ou l'Europe. Il faut noter la participation de l'équipe au programme européen « Feed-a-Gene ». Elles s'appuient aussi sur des collaborations nationales et internationales existantes pour chacune des espèces, et de bonnes interactions avec les filières professionnelles.

L'équipe MODGEN, composée de 8 scientifiques permanents, est aujourd'hui engagée dans au moins 10 projets différents, à l'échelle nationale ou internationale. Chacun de ces projets est tout à fait original et intéressant. Ils sont menés en collaboration avec d'autres équipes de l'UMR GenPhySE. Cependant, un effort de hiérarchisation des priorités sera sans doute nécessaire vu l'ampleur des questions affichées et du travail à réaliser.

Appréciation synthétique sur ce critère

Le projet de rapprocher les chercheurs travaillant sur petits ruminants et de développer des nouvelles approches de modélisation pour l'étude de nouveaux caractères et leur prise en compte dans les évaluations génétiques est tout à fait pertinent et original. Il s'appuie sur des compétences existant au sein de l'équipe et un bon réseau de collaboration. Il existe cependant un risque de dispersion dans un trop grand nombre de projets. Enfin, les relations avec les axes transversaux de l'unité, pour le suivi des évaluations génétiques et le développement de nouveaux dispositifs de sélection, ne semblent pas encore clairement établies.

Globalement le projet de l'équipe est très bon.

Conclusion

L'équipe « Modélisation génétique et amélioration génétique des monogastriques » MODGEN est une nouvelle équipe formée par des membres des anciennes équipes « Génétique et Génomique des Petits Ruminants », « Génétique et Génomique du lapin », « Génétique Porcine ». L'équipe bénéficie de l'arrivée d'un chercheur de l'UMR INRA « Génétique Animale et Biologie Intégrative » suite à une mobilité interne. Enfin, une jeune chercheuse vient d'être recrutée dans l'équipe.

▪ Points forts et possibilités liées au contexte

Le regroupement dans une seule équipe de chercheurs travaillant sur différentes espèces de monogastriques, avec des questions de recherche similaires, est tout à fait pertinent. Il devrait notamment permettre de développer les travaux sur les « petites espèces » en synergie avec ceux menés sur le porc.

Les projets de recherche de l'équipe sont pour la plupart financés et se font dans le cadre de collaborations locales, nationales et internationales. L'équipe semble bien positionnée dans ses relations avec les autres équipes au sein de l'UMR.

▪ Points faibles et risques liés au contexte

Risque de dispersion dans un trop grand nombre de projets compte tenu de la taille de l'équipe.

Analyse de la faisabilité des projets à approfondir, notamment pour leurs parties expérimentales, et risques éventuels liés aux évolutions des unités expérimentales.

Le partage des responsabilités pour la conduite des évaluations génétiques et de la sélection ainsi que les liens avec les axes transversaux ont été peu détaillés et devraient être précisés.

- **Recommandations**

L'équipe MODGEN devra prendre garde à ne pas se disperser dans de trop nombreux projets.

Il sera peut-être nécessaire au cours du quinquennat de réfléchir à hiérarchiser les priorités en termes de questions de recherche

Le nombre de doctorants affectés dans les sujets de l'équipe devra être augmenté.

Équipe 8 : Génétique des systèmes en lien avec l'adaptation et la robustesse (GENOROBUST)

Nom du responsable : M^{me} Laurence LIAUBET

Effectif

Effectifs de l'équipe 8	Nombre au 01/01/2016
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés	4
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	4
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)	8
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)	
N5 : Autres chercheurs (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)	
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)	
TOTAL N1 à N6	16

• Appréciations détaillées

Appréciation sur la stratégie et le projet à cinq ans

L'équipe « Génétique des systèmes en lien avec l'adaptation et la robustesse » GENOROBUST est une nouvelle équipe composée de 17 permanents, dont 3 HDR, avec une répartition équilibrée d'appartenance aux départements de l'INRA « Génétique Animale » et « Physiologie Animale et Systèmes d'Élevage » (Phase). Les agents sont issus des anciennes équipes « Génétique du porc », « Génomique aviaire », « Génétique et génomique des palmipèdes gras » et de « Protéome métabolisme et Qualité - PROMÉTÉ ». Le projet de l'équipe GENOROBUST est d'évaluer la variabilité des critères d'adaptation et de production principalement pour deux espèces animales, le porc et le canard, en lien avec la robustesse, la robustesse étant la capacité à combiner un potentiel de production élevé avec la résistance au stress. Ceci sous-entend de permettre l'expression d'un potentiel de production élevé dans une grande variété d'environnements.

Le projet est structuré en trois questions de recherche. La première question porte sur le déterminisme génétique de l'axe corticotrope, système neuroendocrinien clé dans la régulation du métabolisme énergétique et les réponses de stress. La deuxième question porte sur le déterminisme génétique et physiologique de la variabilité des caractères de production et d'adaptation dans deux tissus d'intérêt le muscle et le foie. La troisième question porte sur le rôle de l'environnement foeto-placentaire sur la programmation métabolique.

Le projet de l'équipe est ambitieux et il intègre les problématiques des deux départements de rattachement de l'INRA, ce qui nécessite de combiner des approches physiologiques et génomiques.

En termes de faisabilité méthodologique, le projet s'appuie sur des compétences internes à l'équipe et à l'unité mais aussi sur les plateformes toulousaines et nationales. En effet, l'intégration des données ou l'approche de biologie intégrative devrait œuvrer au renforcement des collaborations entre les équipes de GenPhySE.

En termes de faisabilité financière, un certain nombre de projets type ANR sont cités alors qu'ils sont

déjà terminés, ce qui gonfle artificiellement les ressources.

Enfin le projet s'appuie fortement sur des unités expérimentales « canard », « oie » et « porc ». La question de la pérennité de ces structures peut être considérée comme un élément de risque potentiel.

Le niveau de maturité est inégal en fonction des questions de recherche. Les axes 1 et 2 profitent de l'expérience acquise au cours des projets précédents et se poursuivent avec l'intégration de nouveaux critères de régulation génétique (eQTL, pQTL, mQTL). L'axe 3 est, à ce jour, principalement soutenu par le département de Génétique Animale. Ce front de science est également partagé par une autre unité de PHASE : « Biologie du Développement et Reproduction ». Le positionnement de l'équipe GENOROBUST sur cette thématique devra être renforcé par des projets qui dépassent le cadre de l'INRA.

Il est à noter un partenariat solide avec l'interprofession « canard », partenariat qui ouvre le champ des recherches à des objectifs plus finalisés, comme la stéatose hépatique spontanée en alternative au gavage.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe GENOROBUST a des porteurs de projet bien identifiés et des thématiques bien positionnées en génétique animale et physiologie. L'équipe a développé un réseau de collaboration pour mener ses recherches selon les axes définis. Seul l'axe 3, relativement nouveau, est un peu en concurrence avec une autre équipe du département PHASE. Pour résumer, c'est un bon voire très bon projet.

Conclusion

▪ Points forts et possibilités liées au contexte

Le regroupement dans une seule équipe de chercheurs travaillant sur différentes espèces, avec des questions de recherche similaires, est pertinent.

Les projets de recherche de l'équipe sont pour la plupart financés.

Le projet scientifique de l'équipe s'appuie sur des compétences internes à l'équipe et à l'unité mais aussi sur les plateformes toulousaines et nationales.

▪ Points faibles et risques liés au contexte

Risque de dispersion dans un trop grand nombre de projets.

Analyse de la faisabilité des projets à approfondir.

Possibilité de recouvrement thématique avec une autre unité de PHASE.

▪ Recommandations

L'équipe GENOROBUST devra prendre garde à ne pas se disperser dans de trop nombreux projets.

Compte tenu de sa taille importante, en comparaison avec celle des autres équipes de l'Unité GenPhySE, l'équipe GENOROBUST devra particulièrement veiller à mettre en place une animation scientifique efficace et transverse aux différentes questions de recherche qu'elle traite.

L'équipe devra veiller à investir le champ de la formation par la recherche, sachant qu'elle a pour l'instant 2 doctorants en co-encadrement, ce qui est beaucoup trop faible pour le nombre de questions scientifiques abordées.

Équipe 9 : Génétique et Epigénétique moléculaires des espèces animales utilisées en croisement (GENEPI)

Nom du responsable : M^{me} Juliette RIQUET

Effectif

Effectifs de l'équipe 9	Nombre au 01/01/2016
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés	
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	5
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)	5
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)	
N5 : Autres chercheurs (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)	
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)	
TOTAL N1 à N6	10

• Appréciations détaillées

Appréciation sur la stratégie et le projet à cinq ans

L'équipe GENEPI (Génétique et épigénétique moléculaires des espèces animales utilisées en croisement) est une nouvelle équipe. Le chef de département de « Génétique Animale » de l'INRA est rattaché à cette équipe. Trois scientifiques sont issus de l'ancienne équipe « génétique du porc », un scientifique de l'ancienne équipe « génomique aviaire » et un scientifique de l'équipe « génomique des ovins et des caprins ».

Le projet à 5 ans a pour ambition de caractériser des causes moléculaires de la variabilité des caractères simples (gènes majeurs) et complexes (Quantitative Trait Loci : QTL) des espèces utilisées en croisement. Il s'agit d'intégrer ces nouvelles données dans les schémas de sélection. Pour ce faire, la compréhension des mécanismes moléculaires transmissibles entre générations et l'interaction entre le génome et l'épigénome seront étudiés.

La démarche consiste à réaliser : *I*) un criblage pan génomique de la variabilité permettant d'évaluer la diversité génétique et la détection de QTL pour des caractères d'intérêt ; *II*) à identifier les mutations causales ou des de nouveaux mécanismes fonctionnels ; et *III*) étudier les mécanismes biologiques sous-jacents, notamment ceux relevant du domaine épigénétique. Les critères de sélection d'intérêt sont la qualité des produits, l'efficacité alimentaire, les qualités maternelles et l'adaptation pour les espèces porcine, cunicole et aviaires. Le choix des caractères d'intérêt est dépendant de l'espèce considérée, l'espèce étant le modèle le plus approprié pour traiter la question de recherche.

Les travaux envisagés bénéficient de protocoles expérimentaux mis en place par des généticiens quantitatifs, soit au sein des unités expérimentales de l'INRA soit à partir de populations commerciales. L'acquisition et l'utilisation des données de génomique nécessitent une étroite collaboration avec les plateformes de génomique toulousaines et extérieures ainsi qu'un investissement conséquent dans les analyses bio-informatiques et les traitements statistiques.

Le projet est soutenu en partie par des financements ANR obtenus en 2012 et 2013, par le département

de « Génétique Animale » sur des aspects très novateurs de la transmission intergénérationnelle des marques épigénétiques chez la caille, et très récemment par un projet européen H2020 « Feed a Gene » sur les interactions génome de l'hôte et métagénome du microbiote.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe GENEPI dispose de la taille critique et de compétences en génétique moléculaire regroupées pour aborder certaines des questions de recherche de son projet. Elle est bien insérée au sein du collectif de GenPhySE. Son projet est très bon.

Conclusion

▪ Points forts et possibilités liées au contexte

Le projet de GENEPI est bien équilibré entre les sujets en cours et la prise de risques sur des aspects plus prospectifs. Elle a la taille nécessaire pour atteindre ses objectifs. Ses sujets ont les financements nécessaires.

▪ Points faibles et risques liés au contexte

L'équipe doit éviter les risques de dispersion trop forte et trouver un équilibre dans la nouvelle configuration de GenPhySE.

▪ Recommandations

L'équipe devra rechercher des financements extérieurs à l'INRA. Elle devra également confirmer l'efficacité de son mode d'animation scientifique entre des thématiques qui peuvent conduire à une certaine dispersion.

Équipe 10 : Systèmes d'élevage durables (SYSED)

Nom du responsable : M^{me} Laurence LAMOTHE

Effectif

Effectifs de l'équipe 10	Nombre au 01/01/2016
N1 : Enseignants-chercheurs titulaires et assimilés	
N2 : Chercheurs des EPST ou EPIC titulaires et assimilés	5
N3 : Autres personnels titulaires (n'ayant pas d'obligation de recherche)	4
N4 : Autres enseignants-chercheurs (PREM, ECC, etc.)	
N5 : Autres chercheurs (DREM, Post-doctorants, visiteurs etc.)	
N6 : Autres personnels contractuels (n'ayant pas d'obligation de recherche)	
TOTAL N1 à N6	9

• Appréciations détaillées

Appréciation sur la stratégie et le projet à cinq ans

L'équipe SYSED (systèmes d'élevage durables) est une nouvelle équipe composée de 8 permanents (3 HDR) issue pour une grande partie de l'axe transversal SYSED de l'ex Unité TANDEM. Son projet général est de concevoir des systèmes d'élevage plus durables de lapins et de palmipèdes à foie gras conjuguant donc performances économiques, environnementales et sociales en une « triple performance ». L'objet d'étude est le système d'élevage, vu sous l'angle biotechnique et abordé dans le cadre de pensée de l'agroécologie.

Le projet est structuré en 4 questions de recherche. La première question porte sur la modélisation des effets de divers leviers techniques (stratégies d'alimentation, choix de matières premières, ambiance des élevages, origine génétique des animaux) sur la « triple performance » des élevages. La deuxième question porte sur la conception de systèmes d'alimentation (matières premières, présentation, formulation, distribution) réduisant les impacts environnementaux, et améliorant l'acceptabilité sociale des élevages. La troisième question mobilise l'agroécologie pour identifier puis mobiliser les principes écologiques permettant une gestion intégrée de la santé en élevage cunicole. La dernière question porte sur les leviers mobilisables (identification, facteurs de variation) pour induire spontanément une stéatose hépatique chez les palmipèdes.

Ces questions de recherche sont clairement formulées dans le projet, mais plutôt dans un registre technique que scientifique.

En effet, les hypothèses scientifiques et les fronts de science auxquels l'équipe s'attaque ne sont pas clairement explicités, contrairement aux défis techniques visés. La référence à l'agroécologie est intéressante mais reste très peu détaillée. On peut s'interroger par ailleurs sur la réelle prise en compte de la dimension systémique des élevages, les questions de recherche telles que formulées aboutissant le plus souvent à des approches analytiques et mono factorielles. On ne voit pas de travaux posant d'emblée la question globale de l'évolution des élevages grâce à un diagnostic hiérarchisé, cherchant à mettre simultanément en œuvre tous les leviers possibles envisageables pour y répondre, étudiant leurs interactions (antagonismes ou au contraire

synergies) pour au bout du compte construire un nouveau système cohérent, faisable et performant. A ce stade du projet, on ne voit donc pas comment la dimension système interroge la recherche et génère les questions scientifiques puis les dispositifs pour y répondre.

Répondant en partie à ces remarques, une expérimentation système est prévue à long terme en station expérimentale. Il s'agira de mettre à l'épreuve plusieurs conduites innovantes en interaction avec des génotypes différents pour limiter les intrants médicamenteux en élevage cunicole. Cette expérimentation sera un lieu de croisement interdisciplinaire (notamment entre génétique et agroécologie) et reposera sur des démarches participatives pour la conception des conduites innovantes d'élevage testées.

Les moyens humains, expérimentaux et financiers sont en cohérence avec les objectifs affichés mais la présentation des partenariats amène deux questions :

- d'une part, l'équipe SYSED n'interagit que peu avec les autres équipes de GenPhySE (à l'exception de GENOROBUST et NED) alors que des thématiques adaptations, robustesse et liens avec les conditions d'élevage sont aussi prioritaires pour plusieurs autres équipes (par ex GesPR, GenRoc). Cela résulte probablement des choix respectifs des modèles animaux par SYSED et les autres équipes ;

- d'autre part, les collaborations nationales indiquées apparaissent pertinentes, mais incomplètes dans la mesure où aucune référence n'est faite aux sciences humaines et sociales alors que celles-ci apparaissent indispensables pour l'évaluation sociale, sociétale et économique et pour l'analyse de l'acceptabilité des innovations (prise en compte des risques, fonctionnement des filières, des consommateurs, etc.). Corollairement, les échelles de travail mentionnées concernent l'animal, le troupeau ou l'atelier, les connaissances relatives aux niveaux sous-jacents étant acquises par le biais de collaborations. Mais à aucun moment, il n'est fait état de la nécessité de recourir à des connaissances relatives à des échelles « englobantes » comme l'exploitation, le territoire ou la filière.

Appréciation synthétique sur ce critère

L'équipe SYSED présente un projet avec quatre questions et un certain nombre de principes méthodologiques bien énoncés. Par contre, la mise œuvre reste à définir, en particulier dans l'environnement de l'Unité GenPhySE. Globalement, le comité d'experts considère que le projet de l'équipe SYSED est satisfaisant.

Conclusion

▪ Points forts et possibilités liées au contexte

Des compétences reconnues et des chercheurs seniors qui ont déjà prouvé leurs capacités en termes d'animation et de production scientifique.

Un environnement local propice au développement des collaborations nécessaires au projet et la disponibilité de 2 unités expérimentales de l'INRA pour les animaux modèles.

Une inscription claire dans les axes stratégiques du département PHASE et du centre de Toulouse.

Un appui du monde professionnel

Une Unité GenPhySE réunissant un panel de compétences d'amont permettant de concevoir des solutions d'élevage innovant.

▪ Points faibles et risques liés au contexte

Petite équipe (mais riche de chercheurs expérimentés avec 3 DR).

Limitation des activités au lapin et au palmipède à foie gras limitant les possibilités de collaboration et de synergie interne à GenPhySE.

Un projet qui demanderait à être mieux explicité en termes de contribution à la progression des connaissances scientifiques.

Les méthodes et surtout les solutions proposées pour répondre aux questions de recherches identifiées sont très appliquées et un fort enjeu existe pour des développements méthodologiques intégrés.

Non seulement le gavage d'animal mais aussi l'induction d'un foie gras est contesté au plan international (compromet le bien-être animal).

- **Recommandations**

Le projet gagnerait à être explicité en termes scientifiques : comment les questions techniques posées interpellent-elles les connaissances disponibles, quels sont les déficits de connaissances, quels sont les enjeux cognitifs et comment cela positionne l'équipe dans la communauté scientifique internationale ?

Le caractère systémique et participatif est affirmé mais reste à être concrétisé. Pour cela, l'expérimentation système prévue est un moyen puissant pour conforter le projet. Dans cette perspective, les partenariats vers les sciences humaines et sociales et vers des niveaux d'organisation plus vastes que l'élevage sont à construire.

Enfin, l'ouverture vers d'autres modèles animaux (petits ruminants) favoriserait le développement de collaborations internes à GenPhySE et ce serait ainsi un facteur clé de cohésion au sein de l'unité.

5 • Déroulement de la visite

Dates de la visite

Début : 27 novembre 2014 à 08h30

Fin : 28 novembre 2014 à 16h30

Institution : INRA

Adresse : Centre Ramonville, 31000 TOULOUSE

Déroulement ou programme de visite

08:30	Présentation du comité d'experts et tour de table par le délégué scientifique (DS)(M. Claude-Gilles DUSSAP)
08:45 – 09:30	Présentation du bilan de la SAGA (M ^{me} Christèle ROBERT-GRANIE) (présentation et questions)
09:30 – 10:30	Présentation du bilan du LGC (M ^{me} Martine YERLE) (présentation et questions)
10:30 – 10:45	Pause-café
10:45 – 11:30	Présentation du bilan de Tandem (M. Xavier FERNANDEZ) (présentation et questions)
11:30 – 12:30	La création de GenPhySE et son projet (M. Xavier FERNANDEZ) (présentation et questions)
12:30 – 13:45	Pause déjeuner - Buffet collectif
13:45 – 14:15	Présentation du projet de l'équipe MG2 (M. Andrés LEGARRA) (présentation et questions)
14:15 – 14:45	Présentation du projet de l'équipe DYNAGEN (M. Thomas FARRAUT) (présentation et questions)
14:45 – 15:15	Présentation du projet de l'équipe CYTOGEN (M. Hervé ACLOUQUE) (présentation et questions)
15:15 – 15:30	Pause-café
15:30 – 16:00	Présentation du projet de l'équipe MODGEN (M ^{me} Hélène GILBERT) (présentation et questions)
16:00 – 16:30	Présentation du projet de l'équipe GENEPI (M ^{me} Juliette RIQUET) (présentation et questions)
16:30 – 16:45	Pause-café
16:45 – 17:15	Présentation du projet de l'équipe GESPR (M ^{me} Carole MORENO) (présentation et questions)
17:15 – 17:45	Présentation du projet de l'équipe GENROC (M ^{me} Gwenola TOSSER KLOPP) (présentation et questions)
17:45 – 18:00	Pause-café
18:00 – 18:30	Présentation du projet de l'équipe GENOROBUST (M ^{me} Laurence LIAUBET) (présentation et questions)
18:30 – 19:00	Présentation du projet de l'équipe NED (M ^{me} Sylvie COMBES) (présentation et questions)

19:00 – 19:30	Présentation du projet de l'équipe SYSED (M ^{me} Laurence LAMOTHE) (présentation et questions)
19:30	Retour vers l'hôtel
2^{ème} journée de visite	
08:30 – 09:00	Rencontre avec les chercheurs (CR/DR), enseignants chercheurs (Pr/MC) et ingénieurs de recherches
09:10 – 09:40	Rencontre avec les personnels IE-AI-B-C
09:50 – 10:20	Rencontre avec les doctorants et post-doctorants
10:20 – 10:35	Pause café
10:35 – 10:50	Séance de travail du comité d'experts
10:50 – 11:35	Rencontre avec les tutelles
11:35 – 11:55	Rencontre avec la direction de l'ED SEVAB
12:00 – 12:30	Rencontre avec la direction de GenPhySE
12:30 – 12:45	Transfert sur le site de l'INRA Auzeville
12:45 – 13:30	Repas du comité d'experts (plateaux repas en salle de travail)
13:30 – 15:30	Séance de travail du comité d'experts

Points particuliers à mentionner :

Excellent accueil de la part de l'unité.

Les présentations ont toutes été de grande qualité, très informatives et propres à faciliter la discussion, complétant dans l'ensemble les documents papiers.

Les échanges entre le comité d'experts et l'unité lors des différentes présentations ont été d'une excellente qualité scientifique.

6 • Observations générales des tutelles

UMR 1388 GenPhySE**Génétique, Physiologie et Systèmes d'Élevage**

Réf : rapport d'évaluation HCERES - S2PUR160009995 Génétique Physiologie et Systèmes d'Élevage – GenPhyse - 0755361V



Toulouse, le 2 mars 2015

Observations de l'unité sur le rapport HCERES S2PUR160009995, établies en accord avec les tutelles

Les agents de l'UMR GenPhySE et le collège de direction adressent leurs plus sincères remerciements au comité de visite de l'HCERES, à sa présidente ainsi qu'au délégué scientifique, pour le temps consacré à l'évaluation de l'unité et pour la qualité des échanges dont tout le collectif a pu bénéficier.

Comme le souligne le comité dans le rapport, la restructuration des trois unités qui a permis la création de l'UMR GenPhySE en janvier 2014 était un projet ambitieux. Nous nous félicitons de constater que le comité a émis un avis très positif sur cette restructuration. La très bonne appréciation du projet scientifique est un élément très encourageant pour la poursuite de nos ambitions.

La définition de ce projet et le processus de regroupement des unités fondatrices ont fait l'objet d'une mobilisation collective. Le fait que la commission ait jugé que ces étapes aient été « *remarquablement conduites* » nous apparaît comme une forte reconnaissance de l'implication de tous les agents de l'unité dans cette dynamique.

Nous prenons bien note des diverses recommandations. Sur le point plus particulier de l'implication de l'unité dans la formation par la recherche, nous partageons avec le comité le constat qu'à la date de l'évaluation, le nombre de doctorants dans l'unité était faible au regard du potentiel d'encadrement, et en comparaison des données du bilan des trois unités fondatrices. Nous souhaiterions néanmoins tempérer ce constat en précisant que nous n'excluons pas l'influence de facteurs plus conjoncturels. Les deux années qui ont précédé la création de GenPhySE ont vu beaucoup d'équipes préparer leur évolution et réfléchir à la mise en place de leur nouveau projet. Nous pensons que cette période n'était pas propice à l'engagement de travaux de thèses au niveau auquel les équipes l'ont fait dans le passé. Cela peut avoir contribué à la diminution du nombre de doctorants sans toutefois en être l'unique cause. Nous avons en effet bien identifié ce point de vigilance dans l'autoévaluation et nous avons initié une réflexion au sein du Comité de Direction et dans les équipes pour travailler sur cette question.

Certaines des nouvelles équipes ont souhaité apporter des éléments de réponses spécifiques qui sont présentés ci-après.



Equipe Génétique et sélection des petits ruminants (GeSPR)

Nous remercions le comité pour cette synthèse et cette analyse tout à fait constructive de notre projet d'équipe. Nous sommes et resterons vigilants sur notre implication dans des projets ambitieux et novateurs qu'ils soient finalisés (répondant aux attentes des professionnels) ou plus exploratoires. Les travaux sur les caprins sont peu cités dans le rapport : nous tenions à réaffirmer ici que nous travaillons sur les petits ruminants et non uniquement sur les ovins.

Enfin, le comité estime que 2 doctorants par HDR représente un ratio "*assez modeste*". Cependant, sur la période d'évaluation, ce ratio est très proche du taux d'encadrement maximum permis par l'école doctorale SEVAB dont nous dépendons. Par ailleurs, au moins un membre de l'équipe devrait présenter son HDR en 2015, ce qui devrait augmenter la capacité globale d'encadrement au sein de l'équipe.

Equipe Génomique des ovins et des caprins (GENROC)

Nous remercions le comité pour la qualité de son travail, les recommandations et les encouragements concernant notre équipe.

Le renforcement de l'équipe grâce à la mobilité d'un CR venant de Jouy-en-Josas devrait nous permettre de répondre en partie aux recommandations, à la fois pour la capacité de recherche, d'encadrement et de diversification des congrès auxquels nous assistons. Nous resterons néanmoins attentifs à la cohérence du projet au regard moyens humains présents.

Equipe Cytogénomique structurale et fonctionnelle (CYTOGENE)

Le comité estime que le travail proposé sur la caractérisation de la variabilité génétique est peu connecté aux autres activités et apparaît opportuniste. Nous souhaitons préciser que les recherches en génomique des populations d'abeilles, positionnées dans l'équipe répondent à une demande de l'INRA, via le Département de Génétique Animale. Alain Vignal a été chargé de cette mission en raison de ses compétences reconnues en génomique. Par ailleurs, l'équipe CYTOGENE est investie plus largement dans les travaux concernant la "Structure des Génomes" et participe, voir coordonne, d'autres projets en séquençage des génomes (ex : microchromosomes aviaires, génomes de la Caille et du Canard de Barbarie).

Equipe Nutrition, écosystèmes digestifs (NED)

L'équipe NED remercie la commission pour le rapport qui rend fidèlement compte du bilan et prend en considération avec grand intérêt le projet à 5 ans de l'équipe. Le rapport fait état d'une absence de stagiaire depuis 2012. Ceci résulte d'une erreur de notre part lors de la rédaction du dossier d'évaluation. En effet depuis 2012, l'équipe NED a accueilli de 16 stagiaires et sur la période évaluée l'équipe NED a accueilli un total de 38 stagiaires.

Equipe Modélisation génétique et amélioration génétique des monogastriques (MODGEN)

L'équipe a pris bonne note de la recommandation du comité en terme d'organisation des priorités et d'augmentation du nombre de doctorants. Elle souhaite rappeler que le nombre de porteurs de



projets est de 8 dans MODGEN, ce qui permet de proposer sur les 5 ans à venir des recherches s'intéressant à des axes variés et complémentaires, certains étant déjà largement entamés du fait d'activités anciennes des chercheurs, d'autres étant à initier dans la période à venir. Des financements pour deux nouvelles thèses et un contrat de post-doctorat acquis cette année viendront soutenir ces ambitions, et sont à compléter pour les années à venir.

Nous ne comprenons pas les remarques de la commission relatives aux « relations avec les axes transversaux de l'unité pour le suivi des évaluations génétiques et le développement de nouveaux dispositifs de sélection ». Nous souhaitons insister sur le point suivant : contrairement à l'implication de l'INRA dans le dispositif national d'amélioration génétique des ruminants, il n'y a pas d'implication directe de personnel INRA dans les activités d'évaluation pour les espèces monogastriques, et notamment celles auxquelles s'intéresse l'équipe MODGEN. En conséquence, pour ces espèces, le suivi des évaluations génétiques et des dispositifs de sélection consiste essentiellement en une expertise auprès des sélectionneurs et des instituts techniques impliqués dans l'amélioration de ces populations. Cette expertise est logiquement hébergée et organisée au sein de l'équipe MODGEN, en partenariat avec l'équipe GenEpi. Les évolutions de ces responsabilités seront le cas échéant discutées au sein des transversalités associées. Elle s'appuie essentiellement sur deux chercheurs et un ingénieur de recherche, à travers des partenariats avec les sélectionneurs et une implication dans les instances nationales, mais sans mise à disposition de ressources humaines spécifiques.

Finalement, le risque lié à l'évolution des unités expérimentales nous semble limité pour ce quinquennat : les projets engagés s'appuient sur des unités solides et récemment restructurées, qui constituent un dispositif de choix pour développer des projets originaux dans les espèces qui nous intéressent.

Equipe Génétique des systèmes en lien avec l'adaptation et la robustesse (GENOROBUST)

Nous remercions le comité pour ses recommandations et nous souhaitons apporter quelques précisions.

Concernant la faisabilité financière du projet de notre nouvelle équipe, et comme le comité l'a parfaitement compris, les deux premiers axes de notre projet bénéficient de la dynamique engagée dans les précédentes équipes. Dans le cas des projets "terminés" d'un point de vue financier, il reste une grande partie des analyses à réaliser et à interpréter ce qui occupera une grande partie du prochain contrat quinquennal. Ces analyses concernent plus particulièrement les aspects intégratifs (analyses statistiques de plusieurs niveaux d'information, réseaux de gènes, eQTL, mQTL...). S'il s'avère nécessaire de trouver des suppléments financiers, nous nous tournons vers les Départements de tutelle, la Région, l'Université et les filières professionnelles. Le troisième axe « programmation métabolique » nécessite effectivement une recherche de soutien financier, c'est donc bien la partie la plus risquée. Quoiqu'il en soit les études présentées dans notre projet sont bien celles qui nous occupent depuis le 1er janvier 2015.

Enfin, nous avons bien noté les recommandations concernant la possible concurrence avec le laboratoire « Biologie du Développement et Reproduction » (BDR) de l'INRA de Jouy et nous tenons à clarifier notre positionnement. Côté mammifères, notre modèle d'étude propose de comparer deux lignées porcines, une lignée sélectionnée pour des caractères de production et une lignée robuste qui présente peu de mortalité à la naissance ainsi que les croisements réciproques, et ceci en fin de gestation ; ces deux aspects ne sont pas étudiés dans l'unité BDR. Par contre, ce modèle a été proposé à l'équipe PEPPS (Placenta, environnement et programmation des phénotypes) de la BDR pour collaboration dans le cadre du projet PENELOPE (Plasticité de l'empreinte du placenta et de



l'endomètre en lien avec la maturité du porcelet). Nous souhaitons donc effectivement profiter de leurs compétences dans les études fœto-placentaires et nous leur proposons, outre notre modèle, nos compétences en génomique et intégration de données. Il est à noter que nos deux équipes ont déjà été contactées (avec une autre équipe INRA) pour participer à un pré-projet ANR en collaboration avec des laboratoires INSERM ; nous attendons le résultat de l'appel d'offre. A notre connaissance, nous n'avons pas identifié de concurrence sur la thématique de programmation métabolique chez le canard.

Equipe Systèmes d'élevage durables (SYSED)

Nous avons identifié 6 points importants sur lesquels nous souhaitons apporter des réponses.

Les questions de recherche sont techniques :

Le comité souligne que les questions de recherche sont clairement explicitées mais regrette qu'elles soient formulées dans un registre plus technique que scientifique. Nous ne partageons pas cette analyse. L'évaluation multicritère de la durabilité et la mobilisation des principes écologiques pour la gestion intégrée de la santé en élevage sont des champs de recherche qui mobilisent les méthodes et le raisonnement scientifique et ont fait l'objet de publications scientifiques par notre équipe au cours du précédent quadriennal (ex : Arroyo et al., 2014 ; Dumont et al., 2013 ; Dumont et al., 2014). Notre volonté de ne pas rester trop abstrait nous a conduit, notamment pour les questions Q2 et Q4, à donner des détails sur les leviers d'action qui seront prioritairement utilisés pour l'acquisition de connaissances pour la conception de systèmes d'élevage durables. Nous craignons que cette stratégie ait créé une confusion entre questions finalisées et questions techniques.

La démarche :

Il est très surprenant que le comité « *ne voit pas de travaux posant d'emblée la question globale de l'évolution des élevages grâce à un diagnostic hiérarchisé, cherchant à mettre simultanément en œuvre tous les leviers possibles envisageables pour y répondre* ». En effet, nous affirmons très explicitement dans le document écrit que [la phase d'évaluation multicritères des systèmes permet de réaliser un diagnostic initial] qui [permet d'identifier les leviers d'actions les plus pertinents] et que [les leviers d'action utilisés pour la conception de systèmes innovants seront multiples : alimentation, logement, photopériode, génétique, conduite de la reproduction.. dans le cadre d'approches intégrées et systémiques]. La hiérarchisation des leviers d'action n'est pas possible a priori. C'est le diagnostic initial (ACV, évaluation multicritère) qui permettra de hiérarchiser les leviers d'action. Nous avons démontré au cours du précédent quadriennal notre capacité à conduire des travaux systémiques (thèse de J. Arroyo centrée sur les interactions entre les différentes phases des processus de production du foie gras d'oie) et pluridisciplinaires (projet CASDAR CUNIPALM qui portait sur la mobilisation conjointe de 4 leviers d'action : génétique, reproduction, alimentation, logement pour l'évolution des systèmes cunicoles et de palmipèdes à foie gras ; Litt et al., 2014). Les travaux de thèse en cours dans notre équipe sont clairement dans cette continuité (H. Legendre : interaction nutrition x santé ; T. Read : interactions phases de maternité et engraissement ; interactions nutrition x reproduction x santé).

Le caractère systémique et participatif :

Le comité souligne que « *le caractère systémique et participatif est affirmé mais reste à être concrétisé* ». Nous rappelons que nous avons déjà réalisé des travaux sur l'approche système et que



nous avons déjà mis en œuvre une démarche participative. Forts de ces compétences acquises, nous poursuivons cette démarche et proposons dans notre projet de mettre en place une Expérimentation Système pour la gestion intégrée de la santé du lapin.

La déclinaison de questions de recherche en sciences humaines et sociales :

Le comité souligne que les partenariats vers les sciences humaines et sociales sont à construire. C'est vrai. En effet, à notre connaissance, aucun de nos collègues des sciences humaines et sociales n'utilisent nos modèles d'étude. C'est une des difficultés de travailler sur des espèces mineures d'un point de vue économique. Nous pensons (et œuvrons pour) que le projet d'expérimentation système adossé à une démarche participative est (soit) de nature à offrir un support original et pertinent pour décliner des questions intéressantes dans le domaine des sciences humaines et sociales. Nous avons commencé à prendre des contacts dans cette direction (N. Girard sur la question de la nature des connaissances; N. Hostiou sur le travail en élevage). Notre participation aux comités de pilotage des écoles chercheurs « Transition » et « Connaissances » portées par les chercheurs des sciences humaines et sociales démontre notre engagement dans ce sens.

Les niveaux d'approche étudiés :

Nous partageons avec le comité l'idée qu'il serait intéressant de recourir à des niveaux d'approches plus englobant que celui de l'atelier d'élevage (filière, territoire). Toutefois, la taille de notre équipe ne nous permet pas de développer ces approches en interne sans prendre le risque d'une critique de dispersion ou d'afficher un projet trop ambitieux au regard de nos moyens humains et de notre périmètre de compétences. L'élargissement à des niveaux d'approches plus englobants nécessite donc de mettre en œuvre des collaborations. Ainsi, pour la production de foie gras de canard, nous avons initié une collaboration avec le CTCPA (M.P. Labau) pour prendre en compte la dimension de la filière dans son territoire (projet ANR ACYDU et projet CASDAR ECOFOG).

Les recherches sur les petits ruminants :

Nous partageons avec le comité le point de vue selon lequel l'ouverture de notre programme de « recherche au modèle « petits ruminants » favoriserait le développement de collaborations internes à GenPhySE et serait un facteur de cohésion au sein de l'unité ». Toutefois, nous manquons de moyens humains en interne à l'équipe pour atteindre cet objectif. Par ailleurs, des approches sur les systèmes d'élevage des petits ruminants sont réalisées dans d'autres unités du département PHASE (Selmet, UMRH), tout comme celles sur les autres modèles animaux étudiés dans notre unité GenPhySE (Porc : PEGASE ; volaille : URA).



Xavier Fernandez
Directeur de l'UMR GenPhySE

