



WPSA France

World's Poultry Science Association

Mars 2018

Actu WPSA

AGENDA

➤ **Jeudis 2018** : Avec plus de 100 participants la journée 'L'élevage de précision, le numérique et le Big Data' a été un franc succès. Plus de 80% des participants venaient du secteur privé et représentaient l'immense majorité de la filière avicole : sélectionneur, équipementiers, fabricants d'aliments,... avec un élément majeur, la participation des autres filières animales venues nous faire part de leur expertise, leurs avancées et perspectives. Un grand merci à tous. Vous pouvez retrouver les résumés, la liste des participants et les sponsors [ICI](#) Les présentations sont accessibles actuellement seulement aux participants, elles seront ouverts à tous les adhérents dans quelques jours.

➤ Bienvenue à **Alban Llorca** (Delacon Biotechnik GmnH) : nouvel administrateur élu de WPSA pour un mandat de 4 ans. Il remplace Xavier Malher qui a décidé de ne pas se représenter. Nous le remercions pour sa contribution et ses nombreux apports au travail du Conseil. Adeline Mathiaud, Michel Duclos et Michel Lessire ont été réélus pour un nouveau mandat.

➤ Pour information retrouvez le [sommaire](#) du dernier WPSJ

➤ [Génomique de la domestication de poulet](#) (travail conjoint INRA) publié au congrès européen Genetics 2017 :

L'espèce *Gallus gallus* (coq bankiva ou coq rouge) est considérée comme l'ancêtre majeur du poulet domestique et comprend cinq sous-espèces (*gallus*, *spadiceus*, *bankiva*, *murghi* et *jabouillei*) mais le genre *Gallus* comprend trois autres espèces : *Gallus sonneratii* (coq de Sonnerat ou coq gris, en Inde), *Gallus varius* (coq de Java ou coq vert) et *Gallus lafayetii* (coq de Ceylan). L'étude présentée à St Malo avait pour but d'analyser la dynamique évolutive du genre *Gallus* et de déterminer si plusieurs espèces de *Gallus* ont pu contribuer à la domestication du poulet. Pour cela, les génomes de 18 poulets domestiques choisis sur tous les continents, et de 25 coqs et poules sauvages des 4 espèces ont été séquencés avec précision. Les poules de jungle provenaient soit de parcs zoologiques (France, Vietnam, Japon, Taiwan) soit de leur milieu naturel (Thaïlande, Inde). Les données obtenues représentent plus de 33 millions de SNP; elles montrent que les différences entre les sous-espèces de *Gallus gallus* sont mineures. L'analyse a révélé qu'environ 10% du génome des individus *G. sonneratii* des parcs zoologiques est d'origine *G. gallus*, il est donc important de conserver *G. sonneratii* dans son habitat naturel en Inde. Après avoir corrigé pour ce phénomène, on montre une contribution faible mais significative (environ 1% du génome) de *G. sonneratii* au génome des poulets domestiques, sans contribution détectable des espèces *G. lafayetii* et *G. varius*. Le rôle fonctionnel des régions introgressées est en cours d'étude.

2019

IFRG



[XXVIth World's Poultry Congress](#)

16-20 Août 2020 Paris

Merci à nos partenaires pour leur soutien aux Jeudis de la WPSA 2018





www.jefo.com



WPC Paris 2020



Suivez la WPSA France sur

