

Optimalait : Gestion des ressources génétiques et alimentaires pour la maîtrise de la composition en acides gras du lait

Gelé M.¹, Brunschwig P.¹, Boichard D.², Govignon-Gion A.², Lagriffoul G.³, Larroque H.⁴, Legarto J.³, Palhière I.⁴, Rupp R.⁴, Brochard M.^{2,5}, Lecomte C.⁶

¹ Institut de l'Élevage, CS 70510, F-49105 Angers, France

² INRA, UMR1313 GABI, F-78352 Jouy-en-Josas, France

³ Institut de l'Élevage, BP 42118, F-31321 Castanet-Tolosan, France

⁴ INRA, UR0631 SAGA, F-31326 Castanet-Tolosan, France

⁵ Institut de l'Élevage, 149 rue de Bercy, F-75595 Paris, France

⁶ France Conseil Elevage, 42 rue de Chateaudun, F-75009 Paris

Correspondance : marine.gele@idele.fr

Résumé

Optimalait a pour objectif l'identification des leviers génétiques et d'environnement permettant la maîtrise de la composition en acides gras (AG) du lait de vache, chèvre et brebis. Une large collecte de données dans 1 500 élevages commerciaux a eu lieu en 2009-2010 permettant le phénotypage du profil en AG de 190 000 femelles par spectrométrie moyen infrarouge et le génotypage de 12 000 d'entre elles avec des puces SNP pangénomiques. L'alimentation est le levier le plus efficace pour moduler la composition en AG du lait. Stade physiologique, saison et âge à la mise-bas ont aussi un effet sur le profil en AG. Les paramètres génétiques des AG (exprimés en % de la matière grasse du lait) sont homogènes entre espèces et races : héritabilités et coefficients de variation génétiques modérés. De nombreux QTL ont été détectés dont un grand nombre colocalisent entre caractères voire entre races. De nombreuses applications pour le conseil en élevage et la sélection génomique apparaissent.

Mots-clés : acide gras, lait, paramètres génétiques, QTL, alimentation, stade physiologique, bovin, caprin, ovin

Abstract: *Optimalait: Management of genetic and food resources to monitor milk fatty acid composition.*

Optimalait objective was to identify genetic and feed levers to control milk fatty acid (FA) composition in cattle, goat and sheep. A large-scale phenotyping of milk fatty acid composition of 190,000 females by mid infrared spectrometry took place thanks to a data collection carried out in 1,500 commercial farms in 2009-2010. Pangenomic genotyping data was available for 12,000 females. Feeding system influences the most milk fatty acid composition. Lactation stage, season and age at first parturition also have an impact on FA profile. Genetic parameters of FA (expressed in % of milk fat) were very homogenous across species and breeds: moderate heritability estimates and genetic variation coefficients. A lot of QTL were detected. A strong co-location of QTL was observed and a large proportion of the QTL seemed to be shared across breeds. The results showed many possible applications for milk recording and genomic selection.

Keywords: fatty acid, milk, genetic parameter, QTL, feed, physiological stage, cattle, goat, sheep

Introduction

Le projet CASDAR 9051 **Optimalait** s'insère dans un plus vaste programme, *PhénoFinlait*, qui étudie la composition fine du lait des espèces bovine, caprine et ovine en différents acides gras (AG) et protéines. Le programme *PhénoFinlait* est découpé en six volets ayant une cohérence propre sans être complètement indépendants.

- **SP0** : la coordination du projet,
- **SP1** : l'obtention et la mise en place de solutions informatiques qui permettent l'exportation en routine des spectres moyen infrarouge (MIR) à partir des analyseurs des laboratoires d'analyse,
- **SP2** : le développement d'équations de calibration des AG dans les trois espèces, à partir des données obtenues sur les laits des animaux des domaines expérimentaux INRA,
- **SP3** : le développement d'une méthode de référence pour la détermination de la composition en protéines et le développement d'équations de prédiction à partir de spectres MIR,
- **SP4** : la collecte massive de données spectrales, avec prédiction de la composition fine en AG et en protéines, d'échantillons biologiques (sang et lait) et de données d'enquête en élevages,
- **SP5** : le génotypage avec une puce SNP (Single Nucleotide Polymorphism), la détection de QTL (Quantitative Trait Locus), la cartographie fine et l'analyse de l'influence de l'alimentation et des conditions d'élevage sur la composition fine du lait (AG et protéines),
- **SP6** : la modélisation de la composition fine du lait et l'élaboration d'un outil pratique de conseil en élevage pour répondre à une demande d'évolution de la composition fine du lait.

Optimalait concerne les volets d'obtention et d'exploitation de données de terrain collectées à grande échelle dans le but de définir les leviers d'action disponibles pour la maîtrise de la composition fine en AG du lait et d'en déduire les références nécessaires pour conseiller les éleveurs en vue d'une optimisation des ressources de l'élevage.

1. Présentation du programme

1.1 Contexte

Depuis quelques années, les attentes des consommateurs occidentaux s'orientent vers la recherche d'aliments devant satisfaire un nombre croissant d'exigences de qualité (organoleptique, sanitaire, nutritionnelle ou de santé). La teneur élevée en AG saturés du lait a été à l'origine de l'érosion de l'image du lait. Comme il est établi que la composition en AG des produits laitiers est le reflet direct de la composition du lait d'origine, une connaissance accrue de cette composition est apparue stratégique aux filières bovine, caprine et ovine laitières françaises.

En bovins, les effets de l'alimentation sur la composition en AG du lait ont été largement étudiés en situations expérimentales. Cependant, les effets d'autres facteurs comme la saison et le stade physiologique ont été peu étudiés. En productions caprine et ovine laitières, peu de références existent sur ces mêmes effets dans les systèmes d'élevage français. Afin d'apporter aux éleveurs les connaissances préalables pour adapter la composition fine du lait à partir des ressources de leur exploitation, et élaborer des outils de conseils pour leurs techniciens, le choix a été fait d'étudier les effets de la conduite alimentaire en conditions réelles d'élevage.

1.2 Objectifs et enjeux

L'objectif d'*Optimalait* est d'élaborer des outils permettant aux éleveurs de maîtriser la composition en AG du lait produit sur leur exploitation en utilisant au mieux les leviers disponibles sur leur élevage. Trois actions, qui s'appuient sur les SP1 et SP2 de *PhénoFinlait*, ont été menées :

- **Action 1 (SP4 de PhénoFinlait)** : constituer une base de données (BD) contenant l'estimation de la composition fine en AG des laits individuels de vaches, chèvres et brebis sur 4 à 6 contrôles au cours de la lactation. Cette BD est associée aux résultats d'une enquête détaillant en particulier l'alimentation des animaux ainsi qu'au génotypage d'une partie des femelles,
- **Action 2 (SP5 de PhénoFinlait)** : réaliser un état des lieux des systèmes d'élevage français et identifier les facteurs génétiques et d'élevage influençant la composition fine du lait en AG,
- **Action 3 (SP6 de PhénoFinlait)** : développer des modèles d'interprétation des données et des méthodes d'aide à la décision pour la maîtrise de la composition fine du lait en AG.

Les enjeux sont importants : la demande est forte mais la connaissance du profil en AG du lait se limite souvent, à tort, aux quelques éléments régulièrement cités par la presse à destination du grand public (exemple des AG oméga 3). Une connaissance précise de la composition en AG du lait est nécessaire pour fournir une information de qualité aux responsables des filières laitières, et pour proposer aux éleveurs des leviers de maîtrise raisonnée de la composition fine du lait adaptés à leur situation propre.

1.3 Partenariats

Une collaboration étroite entre les acteurs et les experts des ressources génétiques et génomiques, des facteurs d'élevage et de la qualité et composition du lait a été nécessaire pour atteindre les objectifs précédemment énoncés. Le programme *Optimalait* a donc été mené en partenariat entre :

- **l'Institut de l'Élevage** et **l'INRA** dans le cadre des UMT Evaluation génétique des bovins (EGB) puis Gestion Génétique et Génomique des populations bovines (3G), Amélioration Génétique des petits Ruminants (GENEPR) et Recherche et Ingénierie en Elevage Laitier (RIEL),
- France Conseil Elevage (**FCEL**) et les entreprises de conseil en élevage (**ECEL**) locales,
- l'Union Nationale des Coopératives d'Élevage et d'Insémination Animale (**UNCEIA**), Capgènes, et les entreprises de sélection (**ES**),
- **ACTALIA-Cécalait**, les laboratoires du contrôle laitier des zones concernées et **Labogéna**,
- le Centre National Interprofessionnel de l'Économie Laitière (**CNIEL**), le Comité National Brebis Laitière (**CNBL**) et France Génétique Elevage (**FGE**).

Ce projet a fédéré un grand nombre d'acteurs de la recherche et du développement au niveau national. Ce partenariat a été renforcé par la constitution d'un consortium *PhénoFinlait* entre les partenaires.

2. Matériel et méthodes

2.1 L'estimation de la composition fine en acides gras des laits par spectrométrie en moyen infrarouge

Optimalait s'appuie sur l'utilisation, pour l'analyse des teneurs en AG du lait, de la spectrométrie MIR, méthode analytique utilisée en routine dans les laboratoires du contrôle laitier pour l'analyse des taux butyreux (TB) et protéique (TP) des laits. Le développement d'équations d'estimation des teneurs en AG du lait par cette méthode dans le cadre du SP2 de *PhénoFinlait* est décrite par Ferrand-Calmels et al. (2014). Au total, 92 équations d'estimation d'AG, de groupes d'AG ou de ratios d'AG ont été développées en bovins, 91 en ovins et 110 en caprins puis validées selon la norme ISO 8196-2|IDF 128-2 sur un jeu de validation indépendant afin d'évaluer leur précision d'estimation. Quelle que soit l'espèce, les AG estimés le plus précisément sont les AG présents en plus grande quantité dans le lait : AGS jusqu'à 16 atomes de carbone et acide oléique C18:1c9 (Ferrand-Calmels et al., 2014).

2.2 Les données ressources (action 1)

2.2.1 Une collecte de grande ampleur dans un millier de fermes commerciales

La collecte des données a eu lieu entre octobre 2009 et janvier 2011 dans 26 départements français selon un protocole établi par l'Institut de l'Élevage et l'INRA en partenariat avec les experts de terrain : ECEL, laboratoires d'analyse du lait, UNCEIA, Labogéna, Capgènes, ACTALIA-Cécalait et les constructeurs Bentley Instruments et Foss. Les données ont été collectées dans 1 157 élevages bovins, 209 élevages caprins et 162 élevages ovins des bassins laitiers présentés en Figure 1.

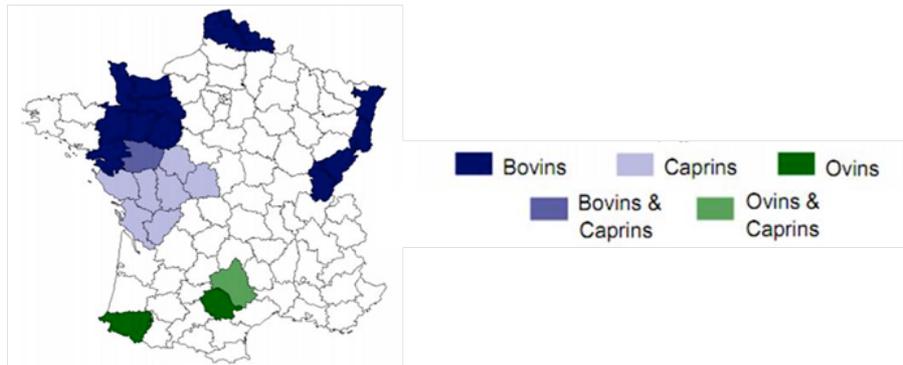


Figure 1 : Localisation géographique des élevages enquêtés.

Chacun des élevages a été suivi sur quatre à six contrôles laitiers officiels (CLO) répartis pour moitié en période hivernale et pour moitié en période estivale. Lors de ces CLO, ont été mesurées les performances individuelles des animaux (production laitière brute, TB, TP, comptage de cellules somatiques (CCS)) et ont été extraits les spectres MIR obtenus sur des analyseurs MilkoScan™ FT6000, équipés du système Foss Integrator, et Bentley FTS. Une enquête d'alimentation a été réalisée par les techniciens des ECEL dans les cinq jours suivant le CLO. Les informations recueillies via cette enquête ont concerné, pour chaque lot d'animaux, les quantités de fourrages mises à disposition et refusées, la nature botanique, le stade végétatif, le mode de récolte et de conservation et le taux de matière sèche (MS) de ces fourrages ainsi que la nature et les quantités de matières premières distribuées en l'état ou introduites dans des aliments du commerce. Les règles d'attribution des concentrés individuels en bovins étaient fonction du niveau de production ou du stade de lactation. En bovins, ≈445 000 spectres et performances laitières associées à 6 645 enquêtes d'alimentation ont été collectés. En caprins, ≈270 000 spectres et 895 enquêtes ont été recueillis. Enfin en ovins, ≈120 000 spectres et 968 enquêtes ont été stockés (Gelé et al., 2014).

Des prises de sang ont été réalisées par les techniciens des ES ou des ECEL sur une partie des femelles pour génotypage de l'ADN avec une puce à SNP à Labogéna. Les femelles concernées entraient en 1^{ère} ou 2^{ème} lactation au début de la période de collecte et étaient filles de pères sélectionnés pour être représentatifs de la diversité génétique de chacune des sept races représentées (Prim'Holstein, Normande et Montbéliarde en bovins, Alpine et Saanen en caprins, Lacaune et Manech Tête Rousse (MTR) en ovins).

2.2.2 Sélection des données individuelles pour l'analyse des facteurs d'élevage

Les données ont été sélectionnées à la fois sur l'exhaustivité des données et la validation des données alimentaires et des profils en AG. Les individus ont été sélectionnés s'il n'y avait pas de défaut d'affectation individuelle aux lots d'alimentation ou de correspondance entre enquêtes et spectres. Les caractéristiques des aliments ont permis une évaluation des apports en éléments nutritifs des aliments (UFL, PDIN, PDIE, PDIA, amidon, Ca, P) ainsi que leurs principales caractéristiques (MS, fibrosité, dégradabilité des amidons, matières grasses) via une correspondance avec les tables INRA 2007 et INRA-AFZ 2004. Les apports en AG permis par les aliments ont également été évalués à partir de données de la littérature.

Les besoins des animaux ont été évalués individuellement et consolidés au niveau du troupeau ou du lot en fonction de données zootechniques extraites du système national d'information génétique (race, rang de lactation, stades de lactation et de gestation, etc.) complétées par des formats standards par race (poids vif, notes d'état corporel, etc.). Les bilans énergétiques et azotés ont été calculés selon les formules INRA 2007.

Les teneurs en AG ont été exprimées en part des AG totaux (AGT), unité la plus fréquemment utilisée dans la littérature pour l'étude des facteurs environnementaux et l'expression des repères nutritionnels. Après élimination des données manquantes et aberrantes, 84% des enquêtes bovines (5 565 enquêtes associées à 293 500 spectres), 67% des enquêtes caprines (590 enquêtes associées à 146 000 spectres) et 75% des enquêtes ovines (727 enquêtes associées à 53 500 spectres) ont été exploitées.

2.2.3. Sélection des données individuelles pour l'analyse des facteurs génétiques

La première étape de l'étude des facteurs génétiques est l'estimation des paramètres génétiques qui mesurent la part de la variabilité d'origine génétique et les liaisons génétiques existantes entre caractères. Ces paramètres sont estimés à partir des données de 22 000 vaches en 1^{ère} lactation, 13 700 chèvres en 1^{ère} ou 2^{ème} lactation et 20 000 brebis en 1^{ère} ou 2^{ème} lactation, toutes ces femelles ayant des parentés connues avec au minimum 2 à 3 analyses spectrales disponibles (Govignon-Gion et al., 2012 ; Maroteau et al., 2014 ; Boichard et al., 2014), soit environ 102 000 contrôles élémentaires bovins, 45 000 caprins et 67 000 contrôles ovins.

La deuxième étape est la détection de QTL (Quantitative Trait Locus), régions du génome ayant un effet significatif sur le caractère étudié, ouvrant la voie à l'identification des mutations impliquées dans le déterminisme génétique du caractère. Environ 7800 vaches, 3000 chèvres et 1800 brebis ont été génotypées. Les données de ces femelles aux contrôles ont été pré-corrigées pour les effets d'environnement et ont ensuite été combinées pour obtenir une moyenne par animal associée à la précision de cette moyenne (Boichard et al., 2014) qui sert de base à la détection de QTL.

2.3 Traitement des données (action 2)

2.3.1 Typologie des systèmes d'alimentation

Face à la diversité des données d'alimentation et pour faciliter l'étude des facteurs alimentaires, une typologie des systèmes alimentaires a été réalisée par analyse en composantes principales et classification ascendante hiérarchique avec le logiciel SPAD[®] v7.3. Ces typologies ont été réalisées intra-espèce (et intra-bassin de production en ovins) et sont basées sur la part de chaque aliment dans la ration dans le but de caractériser la ration ingérée par chaque animal le jour du CL.

2.3.2 Traitement statistique des données

Les données ont été analysées avec un modèle linéaire mixte différent selon l'espèce à l'aide de la procédure Mixed du logiciel SAS[®] v9.1.3 (Legarto et al., 2014). En bovins, il s'agit d'un modèle longitudinal intra-race tenant compte de la répétition animale sur les contrôles successifs. Les effets fixes pris en compte par ce modèle sont le stade de lactation, le rang de lactation, l'âge au premier vêlage, la période de vêlage, le niveau d'ingestion, le régime, la part de concentrés de la ration, le pourcentage d'amidon de la ration, celui de la matière grasse et la saison. En caprins, le modèle est mixte et prend en compte les effets fixes : type de ration, teneur en MG de la ration, part des fourrages dans la ration, stade de lactation, rang de lactation, âge à la première mise-bas, mois de mise-bas, race et type d'infra-analyseur ; ainsi que des effets aléatoires : élevage et père. En ovins, le modèle est également mixte et prend en compte le type de ration, la présence de substances tampon et l'interaction stade de lactation*ration en effets fixes, ainsi que l'élevage en effet aléatoire. Les analyses ont été réalisées intra-bassin de production. Les résultats sont présentés en écart de moyennes ajustées des autres effets du modèle, par rapport à une modalité de référence. Pour les trois espèces, les effets sont considérés significatifs au seuil $P < 0,01$.

2.3.3 Estimation des paramètres génétiques

Les analyses ont été réalisées intra-race. Plusieurs modèles ont été utilisés dans lesquels variances et covariances ont été estimées par REML avec le logiciel WOMBAT. En bovins, les contrôles élémentaires ont été analysés avec modèles incluant des effets fixes du troupeau-contrôle, le stade de lactation, le mois de vêlage et les effets aléatoires génétiques et d'environnement permanent pour la femelle (Govignon-Gion et al., 2012). Les effets pris en compte dans le modèle en caprins sont troupeau-contrôle, stade de lactation, race, parité, mois de mise-bas, moment d'échantillonnage, saison de contrôle et l'analyseur (Maroteau et al., 2014). En ovins, le modèle sur contrôles élémentaires prend en compte les effets troupeau-contrôle, rang de lactation, stade de lactation, âge à l'agnelage et taille de portée (Boichard et al., 2014). En bovins, les moyennes par lactation, après correction, ont été analysées avec un modèle incluant les effets fixes du troupeau, de l'âge et du mois de mise-bas et de l'analyseur ainsi que la valeur génétique de la femelle. Les paramètres étudiés sont le niveau d'héritabilité h^2 des AG du lait c'est-à-dire la part de la variabilité d'un caractère qui est d'origine génétique, le coefficient de variation génétique CV_g et les corrélations génétiques entre caractères. Ces questions pouvant être traitées à l'échelle de la lactation ou du contrôle, l'expression d'un caractère au cours du temps a été testée en considérant les différentes parties de la lactation comme des caractères différents (quatre périodes en bovins : 8-50, 51-120, 121-200 et 201-350 jours).

2.3.4 Détection de QTL.

L'analyse de détection de QTL est également réalisée intra-race. Elle repose sur la recherche d'une association entre les performances et les marqueurs génétiques couvrant le génome. Le modèle utilisé en bovins est dit « *Linkage Disequilibrium and Linkage Analysis* » (LDLA) (Govignon-Gion et al., 2012). Il combine à la fois les liaisons des structures familiales et les déséquilibres de liaison entre familles et populations. La valeur du test statistique utilisé (test de rapport de vraisemblance ou LRT) est d'autant plus élevée que la probabilité de détecter un QTL est forte. Une valeur seuil est fixée en fonction du nombre de faux positifs attendu. En caprins et ovins, les analyses ont été réalisées en analyse de liaison (LA) et en déséquilibre de liaison (LD) (Maroteau et al., 2013 ; Boichard et al., 2014).

3. Résultats et discussion

3.1 En bovins

3.1.1 Description de la population enquêtée

En moyenne 64 à 82 vaches constituent les troupeaux bovins enquêtés. Moins de 5% de ces élevages sont conduits en lots d'alimentation différents. La race Prim'Holstein est la plus représentée dans les élevages enquêtés (46% des vaches), suivie de la Normande (31%) et la Montbéliarde (23%). Un tiers de ces élevages sont mixtes. Le rang de lactation moyen est de 2,4 lactations et le taux de primipares moyen est de 35%, avec de faibles différences entre races.

La typologie discrimine 15 régimes : 11 à base de fourrages conservés et 4 à base de pâturage (Figure 2). Les régimes se distinguent par le ou les deux fourrages principaux. Le type de complémentation n'est pas ressorti discriminant lors de la classification. Parmi les régimes à base de fourrages conservés, six se distinguent par l'utilisation importante d'ensilage de maïs, complémenté ou non par de l'herbe conservée sous différentes formes. Ces régimes sont complémentés en azote, surtout en l'absence d'herbe dans le régime. Quatre régimes sont basés sur l'herbe conservée comme fourrage principal : ensilage d'herbe (complémenté par de l'ensilage de maïs, du pâturage ou du foin), foin séché au sol ou ventilé. Les régimes à base de foin sont fortement complémentés en énergie et supplémentés en lipides. Le régime ensilage de céréales et/ou protéagineux immatures (ECPI) concerne peu d'élevages. Parmi les quatre régimes comportant du pâturage, deux contiennent de l'ensilage de maïs

en plus ou moins grande quantité, un régime contient du foin en complément de la pâture ainsi qu'une très forte quantité de concentrés et le dernier concerne la pâture seule.

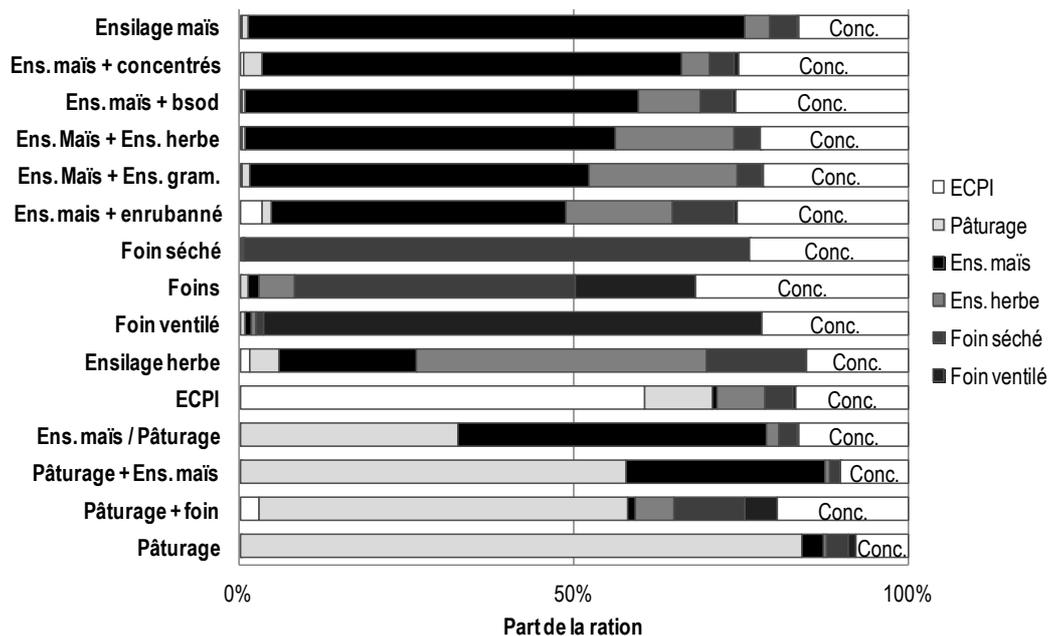


Figure 2 : Typologie des régimes dans les élevages bovins.

La production laitière, le TB et le TP des vaches contrôlées varient en moyenne de 20,1 à 26,8 kg par jour, 39,3 à 43,6 g/kg et 32,8 à 35,4 g/kg respectivement selon la race (Tableau 1). Ces résultats sont conformes à la situation nationale de chaque race (Institut de l'Élevage et FCEL, 2011a).

Caractère	Montbéliarde	Normande	Prim'Holstein
PL* (kg/jour)	24,4 ± 6,9	20,1 ± 6,4	26,8 ± 8,1
TB* (g/kg)	39,3 ± 5,5	43,6 ± 6,6	39,7 ± 6,8
TP* (g/kg)	33,4 ± 3,2	35,4 ± 3,5	32,8 ± 3,8
AGS** (% des AGT)	67,1 ± 5,3	69,0 ± 5,1	67,9 ± 5,2
AGMI** (% des AGT)	28,9 ± 4,7	27,3 ± 4,7	28,3 ± 4,8
AGPI** (% des AGT)	4,01 ± 0,7	3,64 ± 0,6	3,64 ± 0,6
C14:0** (% des AGT)	11,8 ± 1,7	11,8 ± 1,7	11,8 ± 1,5
C16:0** (% des AGT)	28,0 ± 4,7	28,0 ± 4,6	28,1 ± 5,2
C18:1c9** (% des AGT)	21,6 ± 4,0	20,6 ± 4,0	21,3 ± 4,2

*Données de contrôle laitier officiel

**Données estimées par MIR via les équations PhénoFinlait

Tableau 1 : Production laitière et composition du lait par race en bovins – moyenne ± écart-type

La matière grasse du lait des vaches contrôlées est composée en moyenne et selon la race de 67,1 à 69% d'AG saturés (AGS), de 27,3 à 28,9% d'AG monoinsaturés (AGMI) et de 3,6 à 4% d'AG polyinsaturée (AGPI). L'acide palmitique C16:0 est l'AG le plus représenté (28% des AGT). Ce profil est cohérent au regard des plages de variations obtenues sur différents régimes français et énoncées dans la littérature (Chilliard et al., 2007 ; Peyraud et al., 2011).

3.1.2 Facteurs d'élevage influençant la composition fine du lait en acides gras

Parmi les facteurs d'élevage étudiés, le régime alimentaire est celui qui a le plus d'effet sur le profil en AG du lait de vache (Legarto et al., 2014). Le régime choisi comme référence pour le calcul des écarts ajustés des autres effets du modèle est le régime « ensilage de maïs ».

Les résultats pour la race Montbéliarde sont présentés dans le Tableau 2. Le profil en AG est peu différent qu'il soit produit avec les régimes « ensilage de maïs », « ensilage de maïs + concentrés » ou « ensilage de maïs + bicarbonate de sodium ». Les régimes à base de foin ne permettent pas une baisse notable des AGS. En effet, en race Montbéliarde, la teneur en C16:0 est supérieure d'1 point avec le régime « foin ventilé » et de 2 points avec le régime « foin séché au sol » par rapport au régime « ensilage de maïs ». Le « foin ventilé » permet le maintien des AGPI au même niveau que le régime « ensilage de maïs » au contraire du « foin séché au sol ». L'apport d'herbe ensilée ou enrubannée dans un régime à base d'ensilage de maïs a un effet variable sur le profil en AG selon le type d'herbe conservée : les AGS sont présents en plus grande quantité dans le lait avec le régime « ensilage de maïs + ensilage de graminées » qu'avec les régimes « ensilage de maïs », « ensilage de maïs + ensilage d'herbe » et « ensilage de maïs + enrubanné ». Ce constat confirme les résultats aux conclusions variables des études portant sur l'effet de l'herbe conservée rapportés dans la littérature (Houssin et al., 2005; Chesnais et al., 2004 ; Ferlay et al., 2006 ; Chilliard et al., 2008 ; Peyraud et al., 2011). On observe une relation linéaire entre la part de pâturage dans le régime et les teneurs en AG du lait : le passage progressif du régime « ensilage de maïs » au régime « pâturage » diminue les teneurs en AGS d'environ 5 points au profit des AGMI (jusqu'à +3 points) et AGPI (jusqu'à +0,75 point) conformément à la littérature (Chesnais et al., 2004 ; Couvreur et al., 2006 ; Peyraud et al., 2011). Cet effet est moins marqué en Prim'Holstein. La teneur en AGS est nettement plus faible avec le régime « pâturage + foin » (-4 points en race Montbéliarde) qu'avec le régime « ensilage de maïs ».

Régime	AGS (% AGT)	AGMI (% AGT)	AGPI (% AGT)	C14:0 (% AGT)	C16:0 (% AGT)	C18:1c9 (% AGT)
Ens. Maïs (Réf.)	71,13 ^b	25,38 ^g	3,47 ^{fg}	12,54 ^a	30,26 ^d	18,87 ^{hi}
Ens. Maïs +Concentrés	+0,04 ^b	+0,08 ^g	-0,07 ^h	-0,22 ^{bc}	-0,11 ^{de}	+0,24 ^{fgh}
Ens. Maïs +b. sodium	-1,18 ^d	+1,11 ^d	+0,07 ^e	-0,49 ^d	-0,03 ^d	+0,96 ^d
Ens. Maïs +Ens. Herbe	+0,09 ^{ab}	-0,02 ^g	-0,08 ^h	-0,22 ^{bc}	+0,79 ^{bc}	+0,00 ^{hi}
Ens. Maïs +Ens. Graminées	+0,36 ^a	-0,34 ^h	+0,02 ^f	+0,12 ^a	+0,75 ^c	-0,12 ⁱ
Ens. Maïs +Enrubanné	-0,46 ^c	+0,49 ^e	-0,03 ^g	-0,47 ^d	-0,08 ^{de}	+0,53 ^e
Foin Séché au sol	+0,04 ^{ab}	+0,10 ^g	-0,14 ⁱ	-0,26 ^c	+1,95 ^a	+0,20 ^{gh}
Foins	-0,10 ^b	+0,20 ^{fg}	-0,06 ^h	-0,15 ^b	+0,97 ^{bc}	+0,34 ^{efg}
Foin Ventilé	-0,34 ^c	+0,37 ^{ef}	-0,02 ^g	-0,14 ^b	+1,04 ^b	+0,43 ^{ef}
Ens. Herbe	-1,19 ^d	+1,08 ^d	+0,20 ^d	-0,59 ^{deg}	-0,97 ^f	+1,19 ^d
ECPI	-3,28 ^{ef}	+3,15 ^{ab}	+0,04 ^{defgh}	-1,08 ^{fhi}	-1,08 ^{ef}	+2,90 ^{ab}
Ens. Maïs +Pâturage	-2,12 ^e	+1,98 ^c	+0,19 ^d	-0,69 ^{ef}	-1,42 ^f	+1,82 ^c
Pâturage + Ens. Maïs	-3,59 ^{de}	+3,32 ^b	+0,33 ^c	-0,87 ⁱ	-3,03 ^g	+2,97 ^{ab}
Pâturage +Foin	-3,76 ^{de}	+3,29 ^b	+0,57 ^b	-0,83 ^{gh}	-3,32 ^h	+2,81 ^b
P Pâturage	-4,91 ^b	+4,23 ^a	+0,75 ^a	-0,99 ⁱ	-4,17 ⁱ	+3,11 ^a

Les résultats ayant des lettres différentes sont significativement différents entre eux au seuil P<0,01 (a correspondant à la moyenne ajustée la plus élevée).

Tableau 2 : Effets des régimes alimentaires sur le profil en acides gras du lait de vache – Résultats en race Montbéliarde exprimés en écarts ajustés par rapport à la moyenne brute du régime de référence.

Les autres facteurs alimentaires étudiés n'ont pas d'effet notable. L'écart de teneur en AGS obtenu entre les vaches à forte ingestion (> 23 kg de MS par jour) et celles à faible ingestion (< 18 kg de MS par jour) n'excède pas 0,5 point. Aucune conclusion tranchée n'a pu être obtenue quant aux effets de la teneur en amidon, le pourcentage de concentré et la teneur en MG de la ration.

Les effets du stade physiologique sur le profil en AG du lait de vache ont été évalués (Legarto et al., 2014). Il en ressort une influence importante du stade de lactation liée à la mobilisation des réserves corporelles en début de lactation, et un effet plus modeste de la parité. L'âge au premier vêlage et la période de vêlage ont également été analysés mais aucun effet n'a été montré.

Le profil en AG du lait évolue au cours de la lactation de la même manière chez les trois races étudiées en accord avec la littérature (Bitman et Wood, 1990 ; Kay et al., 2005 ; Soyeurt et al., 2008). La teneur en AGS, minimale après le vêlage, augmente de 3 à 6 points dans les 4 à 6 premiers mois de la lactation au contraire des AGMI qui voient leurs teneurs chuter de 3 à 5,5 points sur cette même période. Après ce délai, ces teneurs se stabilisent. Des différences notables ont été observées entre les vaches en 1^{ère} et 2^{ème} lactation conformément aux résultats de plusieurs études (Delaby et al., 2002 ; Craninx et al., 2008). En revanche, les écarts de profil en AG observés entre multipares de rangs différents sont modestes.

Les données ayant été collectées au cours d'une année entière, l'effet de la saison de contrôle a pu être analysé (Legarto et al., 2014). Les teneurs en AGS suivent la même évolution au cours de l'année que le TB : teneur minimale en été et maximale en hiver avec un écart de 2 à 3 points entre les mois extrêmes. Les teneurs en AGMI et AGPI sont au contraire minimales en hiver et maximales en été.

3.1.2 Facteurs génétiques influençant la composition fine du lait en acides gras

Les héritabilités par contrôle sont modérées (10 à 40%) et reflètent les voies métaboliques : elles sont légèrement supérieures pour les AGS qui sont synthétisés *de novo* dans la mamelle. Ces valeurs sont plus élevées si on considère la lactation (Govignon-Gion et al., 2012). Ces constats sont en accord avec la littérature (Soyeurt et al., 2007 ; Stoop et al., 2008). Les coefficients de variation génétique varient de 1 à 5% selon les AG considérés. Ces valeurs sont faibles relativement aux caractères laitiers (production laitière et TB). Ils sont plus élevés pour les AGMI que pour les AGS. Les résultats sont cohérents entre races et permettent de conclure à une sélection possible sur les AG du lait. Au cours de la lactation, l'héritabilité augmente jusqu'à être maximale sur la période 201-350 jours. Cependant les corrélations entre stades sont très élevées, reflétant un déterminisme commun à l'exception du premier mois de lactation (lien avec une forte mobilisation corporelle). Ces résultats permettent sans risque de raisonner à l'échelle de la lactation et non du contrôle. Les corrélations génétiques sont faibles entre les AG et la production laitière. En revanche, le TB est fortement et positivement corrélé avec les AGS (Govignon-Gion et al., 2012) en accord avec Soyeurt et al. (2007). Les AGS sont fortement et positivement corrélés entre eux (0,3 à 0,9). Les AGI sont positivement corrélés entre eux mais ces corrélations sont moins élevées (0,1 à 0,7).

Le dispositif de détection a permis la mise en évidence d'un grand nombre de QTL pour tous les caractères : 29 pour les AGS, 33 pour les AGMI, 30 pour les AGPI sur l'ensemble des trois races. Concernant les AGS, plus la chaîne carbonée est courte et plus le nombre de QTL détecté est grand (Govignon-Gion et al., 2012). Les résultats sont très significatifs et les pics sont fins, ce qui permet des inférences sur des possibles gènes candidats. Les résultats confirment des régions déjà connues dans la littérature (Guillaume, 2009 ; Bouwman et al., 2011). Le gène DGAT1 par exemple, positionné sur le chromosome 14 et ayant un effet majeur sur le TB, est retrouvé ici et a également un effet favorable aux AGS. De plus, certaines régions non connues jusqu'à présent ont été mises en évidence, comme sur les chromosomes 5 et 16, et semblent jouer un rôle important dans le déterminisme des AG.

On observe une forte colocalisation entre caractères, rendant probable leur correspondance avec un même gène. Le chromosome 5 porte les QTL les plus nombreux et significatifs (Govignon-Gion et al., 2012). La Figure 3 montre en effet deux régions proches, peu étendues et partagées entre 2 ou 3 races impliquées dans le déterminisme de plus de 20 caractères. La colocalisation entre races est également fréquente. Néanmoins, environ la moitié des résultats reste spécifique de la race. Cette relative homogénéité de résultats est favorable à la fois pour les perspectives de sélection, mais aussi pour la compréhension des mécanismes et pour la recherche des mutations causales.

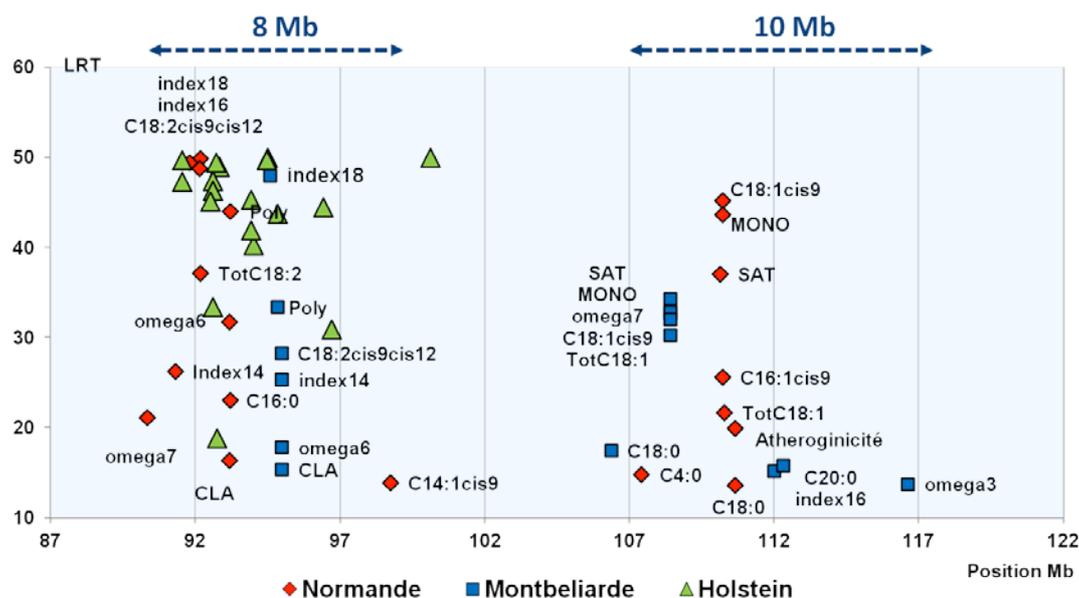


Figure 3 : Colocalisation de QTL sur le chromosome 5 dans les régions [91-97 Mb] et [107-112 Mb] en bovins.

3.2 En caprins

3.2.1 Description de la population enquêtée

Les troupeaux caprins enquêtés sont constitués en moyenne de 341 chèvres et sont principalement conduits en race pure (13% sont mixtes). 51% des chèvres contrôlées sont de race Alpine et 49% de race Saanen. La conduite en lots est une pratique courante (66% des élevages enquêtés) permettant des stratégies alimentaires différenciées pour mieux ajuster les apports aux besoins des animaux. Le taux de primipares est en moyenne de 34% en race Alpine et 37% en race Saanen. Le rang de lactation est en moyenne de 2,5 et 2,6 lactations respectivement en Saanen et Alpine. 30% des chèvres contrôlées ont mis bas à contre-saison.

La typologie des régimes présents dans les élevages caprins discrimine 11 régimes (Figure 4). Parmi eux, quatre sont basés sur le foin (séché au sol en Poitou-Charentes et en région Centre, ventilé en Aveyron) et sont fortement complétés en énergie et supplémentés en matière grasse. Deux régimes comportent de l'ensilage de maïs et se différencient par leur complémentation azotée : tourteau de soja ou luzerne déshydratée et tourteaux de colza et tournesol. Deux régimes associent ensilage d'herbe et foin dans des proportions différentes. Deux régimes, qualifiés de « ration sèche à concentrés du commerce » comportent paille, foin et luzerne déshydratée en quantités variables. Enfin, le pâturage, peu courant, constitue la base du dernier régime souvent supplémenté en MG mais comportant peu de concentrés.

Quelle que soit la race, les chèvres contrôlées produisent environ 3,9 kg de lait par jour (Tableau 3). En revanche, les taux sont différents selon la race : 38,1 g/kg de TB et 33 g/kg de TP chez l'Alpine *versus* 35,6 g/kg de TB et 31,8 g/kg de TP chez la Saanen. Bien que la production laitière soit supérieure aux résultats de contrôle laitier, les taux sont représentatifs des résultats de contrôle de performances (Institut de l'Élevage et FCEL, 2011b). La composition de la matière grasse du lait caprin est très proche entre races : environ 73,5% d'AGS, 22% d'AGMI et 4,1% d'AGPI. Comme en bovins, le C16:0 est le plus présent (environ 27% des AGT). Ces résultats sont conformes aux résultats récents de la littérature (Ceballos et al., 2009 ; ANSES, 2011 ; Andueza et al., 2013).

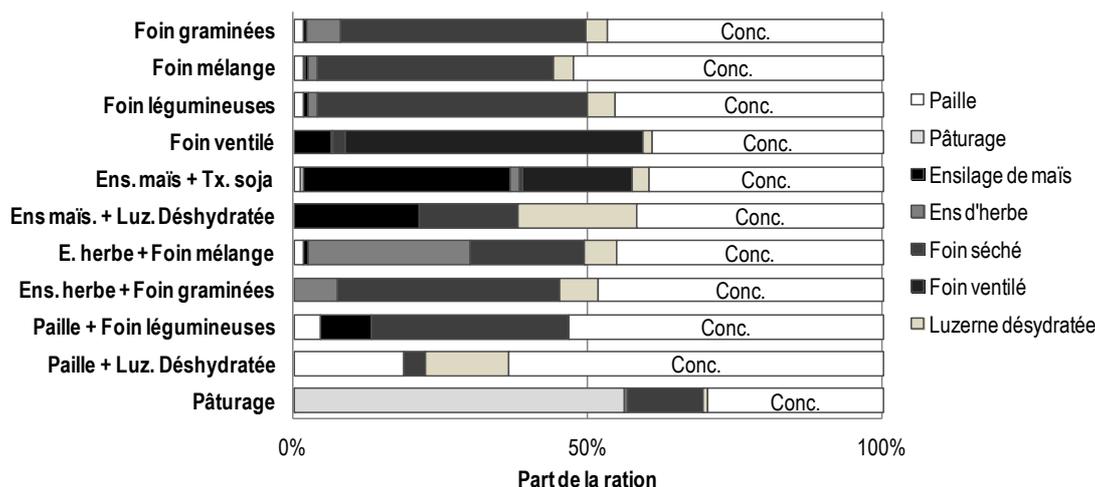


Figure 4 : Typologie des régimes dans les élevages caprins.

Caractère	Alpine	Saanen
PL* (kg/jour)	3,88 ± 1,4	3,86 ± 1,5
TB* (g/kg)	38,1 ± 7,3	35,6 ± 7,3
TP* (g/kg)	33,0 ± 3,5	31,8 ± 3,3
AGS** (% des AGT)	73,5 ± 3,6	73,4 ± 3,2
AGMI** (% des AGT)	21,8 ± 4,2	22,2 ± 3,9
AGPI** (% des AGT)	4,12 ± 0,9	4,05 ± 0,9
C14:0** (% des AGT)	11,1 ± 1,6	11,0 ± 1,5
C16:0** (% des AGT)	27,1 ± 3,3	27,2 ± 3,3
C18:1c9** (% des AGT)	18,0 ± 3,5	18,6 ± 3,3

*Données de contrôle laitier officiel

**Données estimées par MIR via les équations PhénoFinlait

Tableau 3 : Production laitière et composition du lait par race en caprins – moyenne ± écart-type

3.2.2 Facteurs d'élevage influençant la composition fine du lait en acides gras

La supplémentation lipidique étant fréquente en caprins, les régimes peu enrichis en MG (< 3,5% de la MS) ont été étudiés séparément des régimes davantage supplémentés ($\geq 3,5\%$) (Legarto et al., 2014). Le régime de référence choisi est le régime « foin de légumineuses ». Lorsque les régimes ont une supplémentation modérée en MG (< 3,5%), on observe peu de différence de profil en AG entre les régimes « foin de légumineuses », « foin de graminées » et « foin de mélange ». Le « foin ventilé » induit une baisse plus marquée de C16:0 (-1 point par rapport au régime de référence). Les régimes à base d'ensilage de maïs ou d'herbe ont un léger impact sur les AGS. A l'inverse, les régimes contenant de la paille induisent une hausse des AGS par rapport au régime de référence.

Le régime « pâturage » a l'effet le plus marqué : près de -2 points d'AGS et +1 point de C18:1c9 par rapport au régime « foin de légumineuses ». Bien que de faible ampleur, ces résultats confirment les tendances établies dans la littérature (Chilliard et al., 2003 ; Atasoglu et al., 2009). Les faibles amplitudes d'écart peuvent s'expliquer par le fait que dans tous les régimes, une part plus ou moins grande de foin est distribuée contrairement aux situations expérimentales dans lesquelles des régimes différents sont utilisés. Lorsque les régimes sont enrichis en MG, les écarts de composition en AG du lait sont plus variables et plus importants. Les écarts les plus importants sont obtenus avec les régimes

« pâturage » et « ensilage d'herbe + foin de mélange » : respectivement -1,7 et -1,8 point d'AGS au profit des AGMI et AGPI. Seul le régime « paille + luzerne déshydratée » induit une teneur en AGS plus élevée par rapport au régime de référence (+0,8 point).

Comme en bovins, la teneur en AGS est minimale en début de lactation. Elle augmente ensuite de 1,2 point dans les 120 premiers jours de lactation puis se stabilise avant de diminuer légèrement en fin de lactation (Figure 5). Les AGMI suivent une tendance inverse. L'augmentation lente mais continue de la teneur en AGPI du lait au cours de la lactation est une particularité observée sur le lait de chèvre conformément à la littérature (Strzakowska et al., 2009) mais non chez les autres espèces. Les chèvres multipares produisent un lait plus riche en AGS que les primipares à l'inverse des AGMI. A l'inverse de ce qui est observé en bovins, le C16:0 voit sa teneur diminuer légèrement avec l'augmentation du rang de lactation. L'âge à la 1^{ère} mise-bas, la saison de mise-bas et la race n'ont pas d'effet notable sur le profil en AG du lait de chèvre (Legarto et al., 2014).

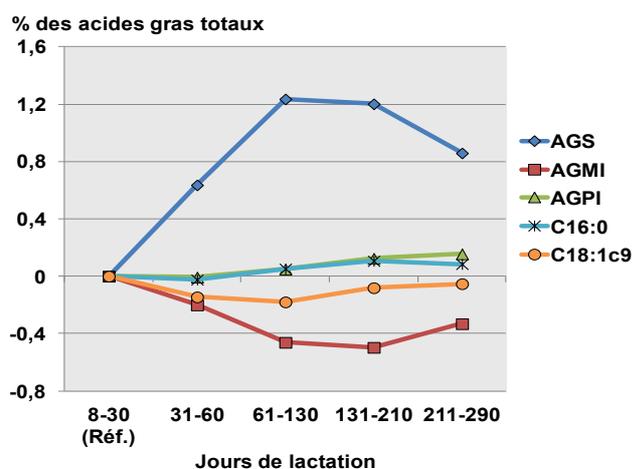


Figure 5 : Evolution du profil en acides gras du lait de chèvre au cours de la lactation – Résultats exprimés en écarts ajustés par rapport au stade de référence « 8-30 jours ».

3.2.3 Facteurs génétiques influençant la composition fine du lait en acides gras

Comme en bovins, les héritabilités des AG exprimés en % de la MG sont modérées : de 18 à 49% (Maroteau et al., 2014) selon l'AG et la race (Tableau 4). Les AGS sont positivement liés au TB au contraire des AGPI. La production laitière n'est pas corrélée aux teneurs en AG lorsque celles-ci sont exprimées en % de la MG. Contrairement aux bovins pour qui tous les AGS sont positivement corrélés entre eux, on observe en espèce caprine une opposition génétique entre les AGS courts et les AGS longs, indiquant des arrêts de la chaîne d'élongation plus précoces en caprins qu'en bovins. Cette étude permet la première estimation des paramètres génétiques de la composition du lait en AG estimée par spectrométrie MIR en caprins et montre qu'une sélection génétique sur les AG du lait est possible.

Caractère g/100 de MG	Alpine	Saanen
AGS	20%	21%
AGMI	30%	25%
AGPI	30%	24%
C14:0	25%	23%
C16:0	38%	30%
C18:1c9	32%	24%

Tableau 4 : Héritabilités par contrôle en caprins– Résultats par race exprimés en pourcents.

De nombreuses régions intervenant dans le déterminisme génétique des AG du lait de chèvre ont été mises en évidence. Elles agissent fréquemment sur plusieurs AG issus des mêmes voies métaboliques. Des régions déjà connues en bovins ont été mises en évidence en caprins, comme la zone de DGAT1 sur le chromosome 14. D'autres régions mises en évidence semblent avoir un rôle important. Ces

zones sont situées sur les chromosomes 5, 8 et 11 en Alpine et 24, 25 et 28 en Saanen (Maroteau et al., 2013). Comme en bovins, une forte colocalisation des QTL entre caractères est observée. Cependant, les colocalisations entre races sont rares, ce qui peut s'expliquer par une faible puissance de détection ou par la présence de QTL fixés ou rares dans certaines populations.

3.3 En ovins

3.3.1 Description de la population enquêtée

13% des élevages ovins enquêtés sont conduits en lots distingués généralement par la parité (primipares *versus* multipares) et/ou par le stade physiologique des brebis en lien avec les cycles de reproduction. Cette conduite concerne essentiellement la phase de bergerie, l'ensemble des brebis étant conduit en commun lors de la mise à l'herbe. Les bassins des Pyrénées-Atlantiques (PA, race Manech Tête Rousse) et du Rayon de Roquefort (RR, race Lacaune) se distinguant par des conduites différentes, ils ont fait l'objet d'analyses indépendantes. La collecte n'a concerné que des brebis en 1^{ère} et 2^{ème} lactations conformément au protocole de contrôle laitier qualitatif partiel pratiqué en France.

Dans les PA, les troupeaux enquêtés sont en moyenne constitués de 259 brebis de race MTR (dont 31% de primipares). La typologie discrimine six régimes dans les PA : quatre régimes hivernaux et deux régimes de printemps (Figure 6). Le pâturage hivernal est présent dans deux régimes à raison de 25-30% de la ration. Les deux autres régimes hivernaux sont à base de foin associé ou non à de l'ensilage de maïs. Les deux rations printanières sont à base de pâturage complétement par de l'ensilage de maïs et/ou du foin.

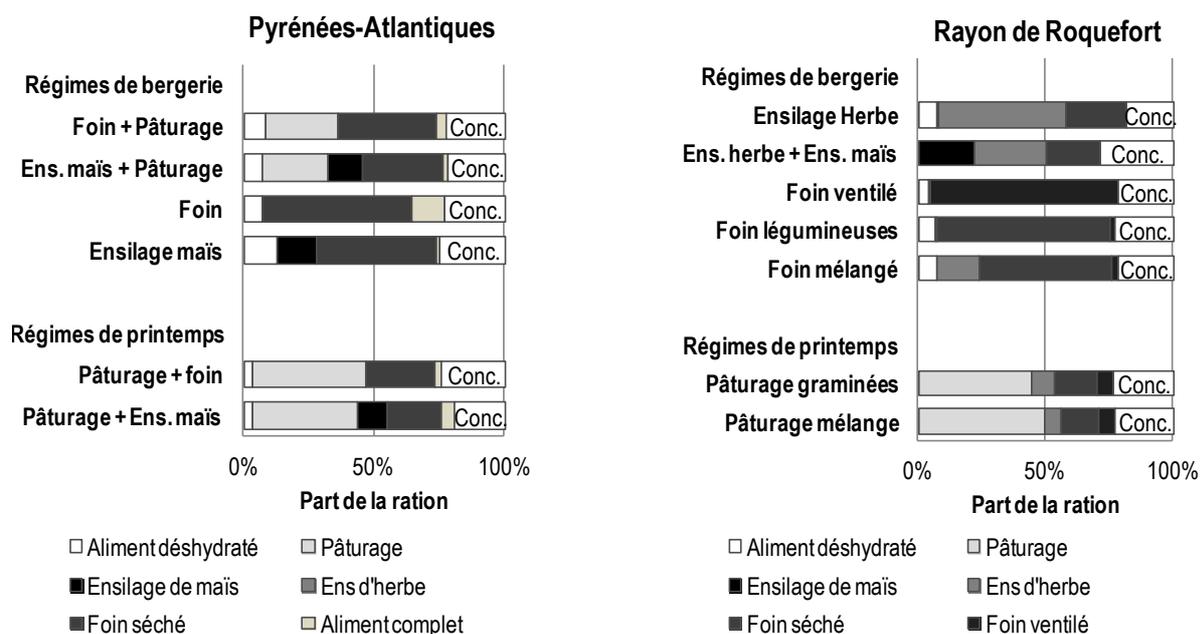


Figure 6 : Typologie des régimes dans les élevages ovins par bassin de production.

Les troupeaux du RR sont plus grands que dans les PA : 392 brebis Lacaune en moyenne dont 33% de primipares. La classification typologique discrimine sept régimes dans le RR : cinq régimes de bergerie et deux régimes de printemps (Figure 6). Parmi les régimes de bergerie, deux associe de l'ensilage d'herbe à du foin ou de l'ensilage de maïs, et trois sont basés sur du foin séché au sol ou ventilé. Les régimes de printemps contiennent ≈40% d'herbe pâturée complétement par de l'herbe conservée.

La production journalière moyenne est différente entre races : 1,73 l en Lacaune *versus* 1,35 l en MTR. Le lait de Lacaune est plus riche en matières grasses (75,0 g/l vs 69,9 g/l) et protéique (55,7 g/l vs 51,6 g/l) que le lait de MTR car la sélection sur la richesse du lait dans cette race est plus ancienne qu'en MTR (années 1980 vs années 2000). Les profils en AG des laits ovins sont assez proches entre races :

73 à 74,2% d'AGS, 19,3 à 20% d'AGMI et de 3,9 à 4,4% d'AGPI (Tableau 5). Le C16:0 est le plus représenté (24,9 à 26% selon la race). La littérature peu fournie en ce qui concerne les systèmes de production français permet difficilement les comparaisons. Néanmoins, on observe une teneur en AGS plus élevée par rapport à celles rapportées dans la littérature (Carta, 2008 ; Lagriffoul, 2008 ; De La Fuente et al., 2009 ; Raynal-Ljutovac et al., 2010) due au type de lait analysé (lait de brebis jeune à la traite du matin et majoritairement en bergerie *versus* lait de mélange représentatif de la campagne).

Caractère	Lacaune	Manech Tête Rousse
PL* (l/jour)	1,73 ± 0,71	1,35 ± 0,63
TB* (g/l)	75,0 ± 12,1	69,9 ± 12,1
TP* (g/l)	55,7 ± 6,9	51,6 ± 5,3
AGS** (% des AGT)	74,2 ± 4,1	73,0 ± 3,8
AGMI** (% des AGT)	19,3 ± 3,7	20,0 ± 3,7
AGPI** (% des AGT)	4,4 ± 0,7	3,9 ± 0,5
C14:0** (% des AGT)	15,3 ± 1,8	14,6 ± 1,6
C16:0** (% des AGT)	24,9 ± 3,0	26,0 ± 2,7
C18:1c9** (% des AGT)	12,8 ± 3,3	13,5 ± 3,6

*Données de contrôle laitier officiel

**Données estimées par MIR *via* les équations *PhénoFinlait*

Tableau 5 : Production laitière et composition du lait par race en ovins – moyenne ± écart-type

3.3.2 Facteurs d'élevage influençant la composition fine du lait en acides gras

Dans le RR, le régime « ensilage d'herbe » a été choisi comme référence (Legarto et al., 2014). Les régimes « foin de légumineuses » et « foin ventilé » permettent un profil en AG peu différent du régime « ensilage d'herbe ». En revanche, le régime « ensilage d'herbe + ensilage de maïs » induit la teneur en AGS la plus élevée (+1,9 point par rapport au régime de référence) tout comme la teneur en C16:0 (+0,65 point). Les régimes à base de pâturage permettent la plus forte baisse de teneur en AGS (-1,3 à -1,6 point) et C16:0 (-2 à -2,4 points) par rapport au régime de référence. En contrepartie, les AGMI augmentent jusqu'à 2 points et les AGPI jusqu'à 0,8 point. La baisse des AGS et la hausse des AGPI sont plus élevées si le pâturage contient des légumineuses. Ces résultats confirment la littérature (Nudda et al., 2003 ; Chilliard et al., 2007). Dans le bassin des PA, le régime de référence est le régime « foin ». Le régime « ensilage de maïs » induit une teneur en AGS supérieure de 1,5 point par rapport au régime « foin ». Au contraire, l'apport de pâturage dans le régime « foin + pâturage » permet de diminuer cette teneur de l'ordre d'1 point par rapport au régime de référence au profit des AGMI et des AGPI. Le profil en AG obtenu avec le régime « ensilage de maïs + pâturage » est intermédiaire.

L'introduction de substances tampons dans la ration n'a pas montré d'effet sur la composition en AG du lait de brebis. La teneur en MG de la ration non plus, contrairement aux observations énoncées dans les principales revues bibliographiques (Bocquier et al., 2001 ; Schmidely et al., 2001 ; Chilliard et al., 2007). En revanche, lorsque le pourcentage d'amidon de la ration dépasse 9%, les teneurs en AGS du lait augmentent de 1,5 point par rapport au lait produit avec des rations à moins de 5% d'amidon.

En ovins, le premier contrôle laitier a lieu autour de 45 jours après la mise-bas et fait suite à une période d'allaitement des agneaux. L'effet du stade de lactation a été étudié intra-régime afin d'éviter les confusions d'effets chez cette espèce saisonnée. En Lacaune, la teneur en AGS augmente de 1,8 point entre le 1^{er} contrôle laitier et le 3^{ème} mois de lactation avant de diminuer jusqu'à la fin de lactation. Les AGMI évoluent de manière inverse tandis que les AGPI restent stables au cours de la lactation. Les mêmes tendances sont constatées en race MTR. L'âge à la première mise-bas intra rang de lactation a

été analysé (Figure 7). Quelle que soit la race, l'augmentation de l'âge à la 1^{ère} mise-bas induit une hausse des AGS au détriment des AGMI. La teneur en AGS augmente aussi avec le rang de lactation.

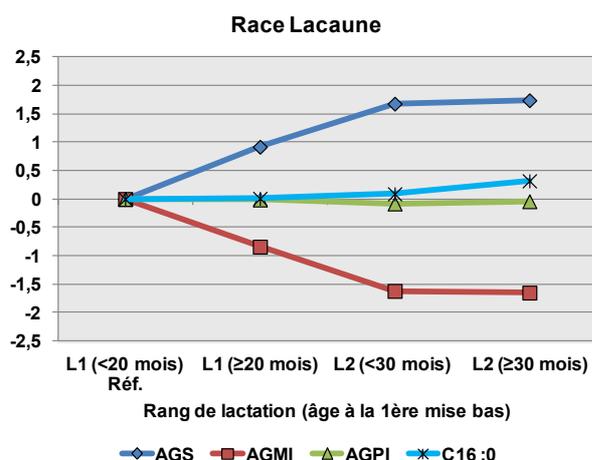


Figure 7 : Evolution du profil en acides gras du lait de brebis selon le rang de lactation et l'âge à la 1^{ère} mise-bas – Résultats en Lacaune en écarts ajustés par comparaison avec le rang de référence « L1 (<20 mois) ».

3.3.3 Facteurs génétiques influençant la composition fine du lait en acides gras

Au sein de l'espèce ovine, quelle que soit la race, on observe les mêmes tendances que dans les autres espèces. Selon le caractère, l'héritabilité est comprise entre 20 et 40% et le coefficient de variation génétique entre 2 et 6%. Les AGI sont fortement corrélés négativement avec les AGS en raison de la relation mathématique existant dans le mode d'expression choisi. Les grandes familles d'AGI (AGMI et AGPI) sont fortement et positivement corrélées entre elles. La production laitière présente des corrélations proches de zéro avec les différentes familles d'AG. En revanche, le TB est corrélé positivement aux AGS et négativement aux AGI, en particulier les AGPI (Tableau 7). Ces corrélations reflètent l'opposition entre la PL et le TB. La détection de QTL est en cours en ovins.

Caractère (% de la MG)	Lacaune		Manech Tête Rousse	
	PL	TB	PL	TB
AGS	-0,07	0,20	-0,07	0,40
AGMI	0,02	-0,31	-0,03	-0,17
AGPI	-0,08	-0,41	-0,14	-0,27

Tableau 6 : Corrélations génétiques entre les grandes familles d'acides gras, la quantité de lait et le taux butyreux en ovins – Résultats par race.

Conclusions et perspectives

Optimalait est original par son objectif et sa méthode. Travailler en élevages commerciaux permet d'étudier la composition du lait dans les conditions de production des éleveurs français. L'association d'approches aussi variées que l'analyse de laboratoire, la génétique animale, la conduite du troupeau et le conseil en élevage autour d'un sujet d'actualité comme la composition en AG du lait chez les trois espèces de ruminants laitiers françaises est originale et ambitieuse. Ce programme a su faire coopérer acteurs de terrain et de la recherche et développement au service de la filière entière.

Les effets respectifs des facteurs alimentaires, physiologiques et saisonniers sur la composition en AG du lait ont été mis en évidence, confirmant l'effet majeur de l'alimentation observé en situations expérimentales. Les effets du stade et du rang de lactation et de la saison sont des résultats plus originaux, permis par le suivi des femelles sur une année entière. Cette étude montre que, si la conduite alimentaire est le principal levier pour moduler le profil en AG, la structure du troupeau doit aussi être

prise en considération. Des applications sont envisageables pour optimiser le pilotage du profil en AG du lait aux niveaux animal, troupeau voire bassin de collecte. A terme, le profil en AG du lait pourrait être utilisé comme biomarqueur de physiologie ou de maladies métaboliques. Un outil, visant à prévoir la composition en AG du lait à l'échelle du troupeau bovin, est en cours d'élaboration à l'Institut de l'Élevage. Cet outil est développé dans le cadre de l'action 3 du programme *Optimalait* à partir des résultats obtenus dans l'action 2. Les premiers résultats montrent qu'il est possible de piloter le profil en AG du lait de tank à partir des données disponibles dans les ECEL : profil en AG des laits individuels estimés par spectrométrie MIR, stade physiologique des femelles, système d'alimentation, mois de contrôle et mouvements d'animaux. Les résultats sont attendus au premier semestre 2014.

Cette étude constitue la première analyse en France et une des plus importantes au monde sur le déterminisme génétique de la composition en AG du lait. Elle montre que la précision d'estimation de la composition en AG du lait par spectrométrie MIR est suffisante pour des analyses génétiques, et que l'association des leviers génétique et alimentaire est une stratégie pertinente pour moduler le profil en AG. La répétition des mesures au cours de la lactation permet une bonne caractérisation individuelle. Cette étude met également en évidence l'effet majeur du mode d'expression des caractères : des différences de résultats ont été obtenues en % du lait et en % de la MG. De très nombreux QTL ont été identifiés, ouvrant la voie à une sélection génomique sur la composition fine du lait en AG dans les races principales des trois espèces de ruminants laitiers.

Références bibliographiques :

- Andueza D., Rouel J., Chilliard Y., Leroux C., Ferlay A., 2013. Prediction of the goat milk fatty acids near infrared reflectance spectroscopy. *Eur. J. Lipid. Sci. Technol.* 115, 612-620.
- Anses, 2011. Impact des pratiques en alimentation animale sur la composition en acides gras des produits animaux destinés à l'Homme. 274 p.
- Ataşoğlu C., Uysal-Pala C., Karagül-Yüceer Y., 2009. Changes in milk fatty acid composition of goats during lactation in a semi-intensive production system. *Archives Tierzucht* 52, 627-626.
- Bitman J., Wood D.L., 1990. Changes in milk fat phospholipids during lactation. *J. Dairy. Sci.* 73, 1208-1216.
- Bocquier F., Caja G., 2001. Production et composition du lait de brebis : effets de l'alimentation. *INRA Prod.Anim.* 14, 129-140.
- Boichard D., Govignon-Gion A., Larroque H., Maroteau C., Palhière I., Rupp R., Sanchez M.P., 2014. Déterminisme génétique de la composition en acides gras et protéines du lait. *INRA Prod. Anim.* (en cours de relecture).
- Bouwman A.C., Bovenhuis H., Visker M.H.P.W., van Arendonk J.A.M., 2011. Genome-wide association of milk fatty acids in Dutch dairy cattle. *BMC Genetics* 12, 43.
- Carta A., Casu S., Usai M.G., Addis M., Fiori M., Fragh A., Miari S., Mura L., Piredda G., Schibler L., 2008. Investigating the genetic component of fatty acid content in sheep milk. *Small Ruminant Research* 79, 22-28.
- Ceballos L.S., Morales E.R., de la Torre Adarve G., Castro J.D., Martínez L.P., Sampelayo M.R.S., 2009. Composition of goat and cow milk produced under similar conditions and analyzed by identical methodology. *J. Food Comp. Anal.* 22, 322-329.
- Chenais F., Richoux R., Houssin B., 2004. Nature des fourrages et qualité nutritionnelle de la matière grasse du lait. *Renc. Rech. Ruminants* 11, 71-74.
- Chilliard Y., Ferlay A., Rouel J., Lambert G., 2003. A review of nutritional and physiological factors affecting goat milk lipid synthesis and lipolysés. *J. Dairy Sci.* 86, 1751-1770.
- Chilliard Y., Glasser F., Enjalbert F., Ferlay A., Bocquier F., Schmidely P., 2007. Données récentes sur les effets de l'alimentation sur la composition en acides gras du lait de vache, de chèvre et de brebis. *Renc. Rech. Ruminants* 14, 321-328.

- Chilliard Y., Bauchart D., Lessire M., Schmidely P., Mourot J., 2008. Qualité des produits : modulation par l'alimentation des animaux de la composition en acides gras du lait et de la viande. *INRA Prod. Anim.* 21, 95-105.
- Couvreur S., Hurtaud C., Peyraud J.L., 2006. Variabilité de la taille et de la composition en acides gras des globules gras du lait chez la vache laitière. *Renc. Rech. Ruminants* 13, 301-304.
- Craninx M., Steen A., Van Laar H., Van Nespen T., Martín Tereso J., De Baets B., Fievez V., 2008. Effect of lactation stage on the odd- and branched-chain milk fatty acids of dairy cattle under grazing and indoor conditions. *J. Dairy Sci.* 91, 2662–2677.
- De la Fuente L.F., Barbosa E., Carriedo J.A., Gonzalo C., Arenas R., Fresno J.M. San Primitivo F., 2009. Factors influencing variation of fatty acid content in ovine milk. *J. Dairy Sci.* 92, 3791-2151.
- Delaby L., Rulquin H., Peyraud J.L., 2002. Influence de quelques facteurs zootechniques sur la composition en acides gras du lait de vaches au pâturage. *Renc. Rech. Ruminants* 9, 364.
- Ferlay A., Martin B., Pradel P., Coulon J.B., Chilliard Y., 2006. Influence of grass-based diets on milk fatty acid composition and milk lipolytic system in Tarentaise and Montbéliarde cow breeds. *J. Dairy Sci.* 89, 4026–4041.
- Ferrand-Calmels M., Palhière I., Brochard M., Leray O., Astruc J. M., Aurel M. R., Barbey S., Bouvier F., Brunshwig P., Caillat H., Douguet M., Faucon-Lahalle F., Gelé M., Thomas G., Trommenschlager J. M., Larroque H. 2014. Prediction of fatty acid profiles in cow, ewe, and goat milk by mid-infrared spectrometry. *J. Dairy Sci.* 97, 17–35.
- Gelé M., Minery S., Astruc J.M., Brunshwig P., Ferrand M., Lagriffoul G., Larroque H., Legarto J., Leray O., Martin P., Miranda G., Palhière I., Trossat P., Brochard M., 2014. Phénotypage et génotypage a grande échelle de la composition fine des laits dans les filières bovine, ovine et caprine. *INRA Prod. Anim.* (en cours de relecture).
- Govignon-Gion A., Fritz S., Larroque H., Chantry-Darmon C., Lahalle F., Brochard M., Boichard D. 2012. *Renc. Rech. Ruminants* 19, 65-72.
- Guillaume F., 2009. Intégration de l'information moléculaire dans l'évaluation génétique. Thèse AgroParisTech, 145p.
- Houssin B., Chenais F., Hardy A., 2005. Utilisation du foin par les vaches laitières. Influence sur les performances zootechniques, sur la composition de la matière grasse du lait et sur les qualités organoleptiques des camemberts. *Renc. Rech. Ruminants* 12, 414.
- INRA, 2007. Alimentation des bovins, ovins et caprins. Besoins des animaux. Valeurs des aliments. Tables INRA 2007. Editions Quae, Paris, France, 307p.
- INRA-AFZ, 2004. Tables de composition et de valeur nutritive des matières premières destinées aux animaux d'élevage : porcs, volailles, bovins, ovins, caprins, lapins, chevaux, poissons. D. Sauvant, J.-M. Perez, G. Tran (eds), 2^e édition révisée, INRA, Paris, 301p.
- Institut de l'Élevage, FCEL, 2011. Résultats de contrôle laitier - espèce bovine - 2010. Ed. Institut de l'Élevage, Coll. Résultats, 105 p.
- Institut de l'Élevage, FCEL, 2011. Résultats de contrôle laitier - espèce caprine - 2010. Ed. Institut de l'Élevage, Coll. Résultats, 16 p.
- ISO-IDF, 2009. Milk – Definition and evaluation of the overall accuracy of alternative methods of milk analysis-Part 2: Calibration and quality control in the dairy laboratory. International Standard ISO 8196-2-IDF 128-2:2009. Int. Dairy Fed., Brussels, Belgium.
- Kay J.K., Weber W.J., Moore C.E., Bauman D.E., Hansen L.B., Chester-Jones H., Crooker B.A., Baumgard L.H., 2005. Effects of week of lactation and genetic selection for milk yield on milkfatty acid composition in Holstein cows. *J. Dairy Sci.* 88, 3886–3893.
- Lagriffoul G., 2008. Composition fine du lait et des fromages de brebis. Document de synthèse du programme mené dans le cadre du Comité Lait de Brebis de l'Office de l'Elevage, Réf. Institut de l'Elevage 150857010. 6p.
- Legarto J., Gelé M., Ferlay A., Hurtaud C., Lagriffoul G., Palhière I., Peyraud J.L., Rouillé B., Brunshwig P., 2014. Effets des conduites d'élevage sur la composition en acides gras du lait de

vache, chèvre et brebis évaluée par spectrométrie au moyen infrarouge. INRA Prod. Anim. (en cours de relecture).

Maroteau C., Palhière I., Larroque H., Clément V., Tosser-Klopp G., Rupp R., 2013. Détection de QTL affectant des caractères d'intérêts pour 2 races caprines françaises. Renc. Rech. Ruminants 20, 160.

Maroteau C., Palhière I., Larroque H., Clément V., Ferrand M., Tosser-Klopp G., Rupp R., 2014. Genetic Parameter Estimation for Major Milk Fatty Acids in Alpine and Saanen Primiparous Goats. J. Dairy Sci. (Accepted January 02, 2014).

Nudda A., Mele M., Battacone G., Usai M.G., Macciotta N.P.P. 2003. Comparison of conjugated linoleic acid (CLA) content in milk of ewes and goats with the same dietary regimen. Ital. J. Anim. Sci. 2 (Suppl. 1), 515-517.

Peyraud J.L., Rouillé B., Hurtaud C., Brunschwig P., 2011. Les acides gras du lait de vache : composition et maîtrise par l'alimentation. Ed. Institut de l'Élevage – UMT Riel – INRA – Cniel, Coll. Synthèse, 36 p.

Raynal-Ljutovac K., Lagriffoul G., Paccard P., Guillet I., Chilliard Y., 2008. Composition of goat and sheep milk products: An update. Small Ruminant Research 79, 57–72.

Schmidely P., Sauvant D., 2001. Taux butyreux et composition de la matière grasse du lait chez les petits ruminants : effets de l'apport de matières grasses ou d'aliment concentré. INRA Prod. Anim. 14, 337-354.

Soyeurt H., Gillon A., Vanderick S., Mayeres P., Bertozzi C., Gengler N. (2007) Estimation of heritability and genetic correlations for the major fatty acids in bovine milk. J. Dairy Sci. 90, 4435-4442.

Soyeurt H., Dehareng F., Mayeres P., Bertozzi C., Gengler N., 2008. Variation of $\Delta 9$ -desaturase activity in dairy cattle. J. Dairy Sci. 91, 3211–3224.

Stoop W.M., Arendonk J.A.M., Heck J.M.L., van Valenberg H.J.F., Bovenhuis H., 2008. Genetic parameters for major milk fatty acids and milk production traits of Dutch Holstien-Friesians. J. Dairy Sci. 91, 385-394.

Strzałkowska N., Józwiak A., Bagnicka E., Krzyżewski J., Horbańczuk K., Pyzel B., Horbańczuk J.O., 2009. Chemical composition, physical traits and fatty acid profile of goat milk as related to the stage of lactation. Animal Science Papers and Reports 27, 311-320.