



Estimation de la composition fine en acides gras du lait

Marion FERRAND

Institut de l'Élevage – Service Biométrie

B. HUQUET (Institut de l'Élevage), O. LERAY (Actilait)

M.R. AUREL (UE La Fage), S. BARBEY (UE Pin-au-Haras),

F. BOUVIER (UE Bourges), J.M. TROMMENSCHLAGER (UE Mirecourt)

F. BARILLET, H. CAILLAT, H. LARROQUE, R. LEFEBVRE,

I. PALHIÈRE (INRA-SAGA et GABI)

www.phenofinlait.fr

phenofinlait@inst-elevage.asso.fr

PhénoFinlait



Contexte

- Enjeux importants sur la composition fine du lait
- Actuellement pas de mesure en routine
- Nécessité d'avoir une méthode rapide et peu coûteuse pour contrôler la composition fine et développer les outils permettant de l'optimiser



Comment analyser la composition fine du lait en routine ?

- Enregistrement quotidien par le contrôle laitier des spectres MIR des laits pour mesurer les TB et TP
- Possibilité d'estimer plusieurs acides gras du lait, la lactoferrine et quelques minéraux

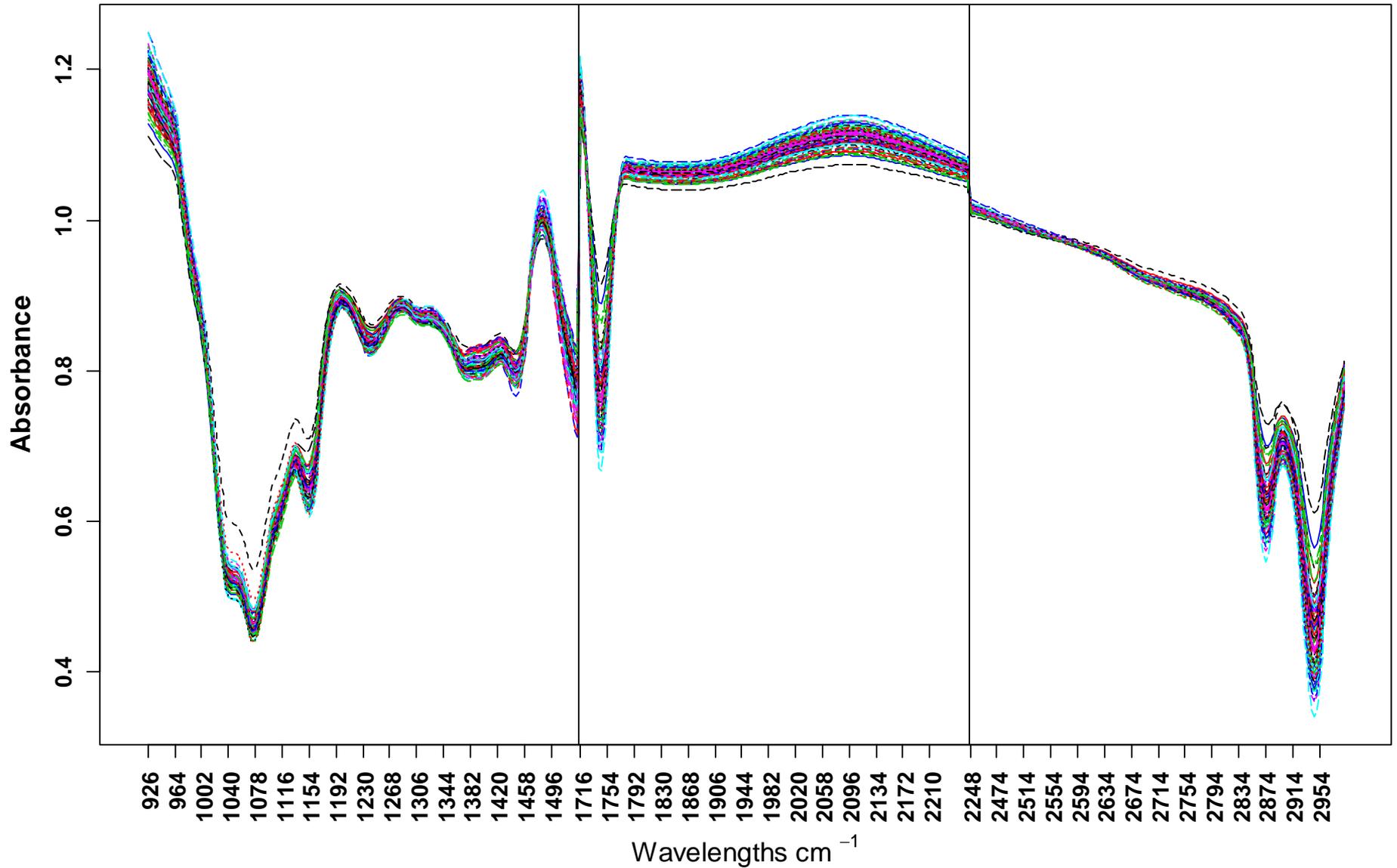
(Université de Gembloux - Soyeurt et al.)



Comment peut-on prédire la composition fine du lait à partir de spectres ?

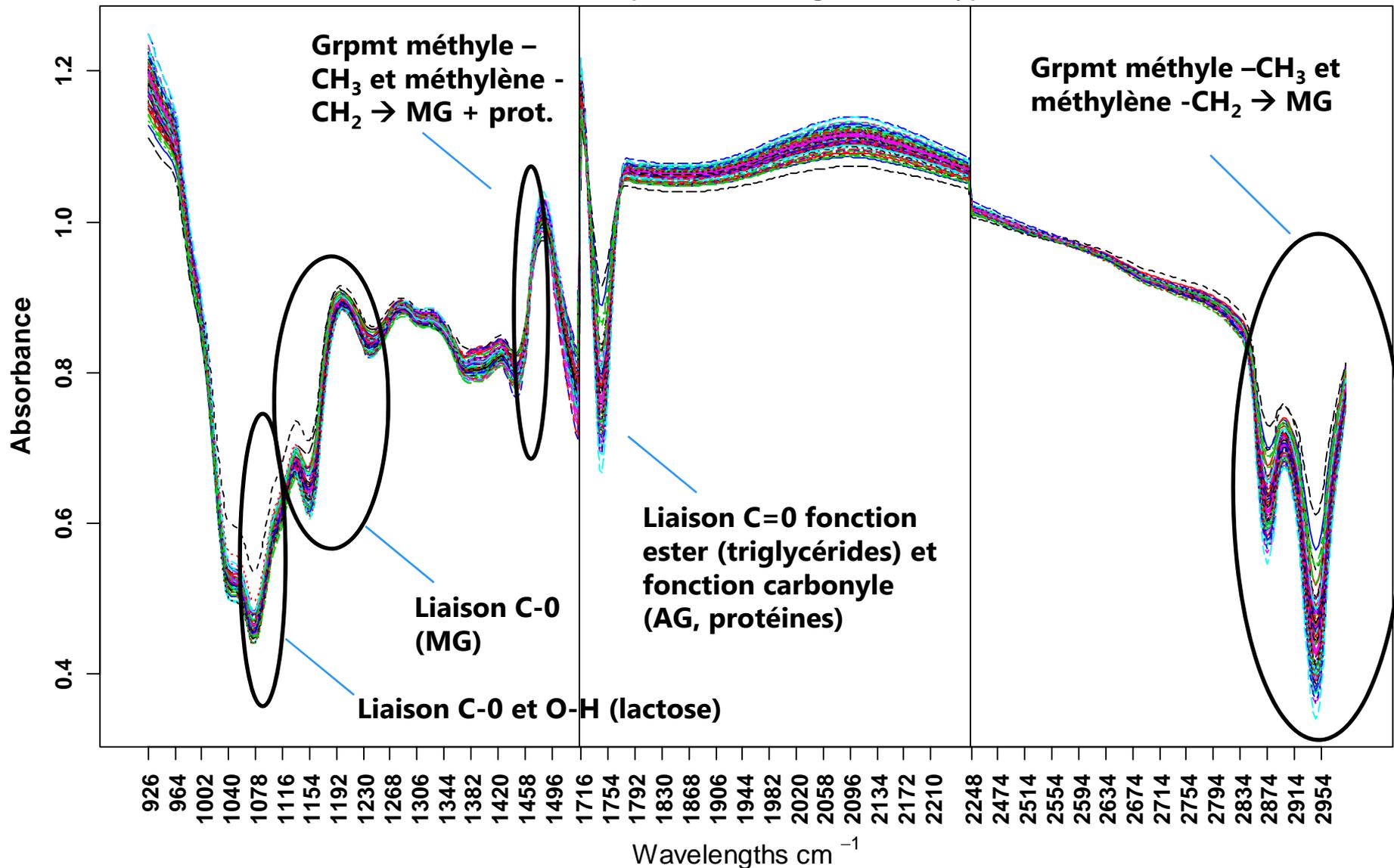
- Technique analytique basée sur le principe d'absorption des rayonnements infrarouges par la matière organique
- Absorption liée à la composition chimique des échantillons, les liaisons chimiques absorbant les rayonnements correspondant à certaines fréquences.
 - **Un spectre MIR résulte de l'interaction lumière-matière et reflète la composition biochimique d'un produit**

Spectrum from 75 cow milk samples (UE INRA Mirecourt + Domaine du Pin)
MilkoScan FT6000 (Foss Electric, Hillerod, Denmark)
LILANO (Milk recording laboratory)



Trois zones spectrales sont conservées :
964-1543 cm⁻¹, 1716-2273 cm⁻¹, 2435-2971 cm⁻¹ (Manuel technique Foss)

Spectrum from 75 cow milk samples (UE INRA Mirecourt + Domaine du Pin)
 MilkoScan FT6000 (Foss Electric, Hillerod, Denmark)
 LILANO (Milk recording laboratory)



Formule générale d'un AG : CH₃-(CH₂)_n-COOH



Comment peut-on prédire la composition fine du lait à partir de spectres ?

- Problème : pas de pic précis pour un AG donné.
 - Les pics correspondent à des liaisons moléculaires
 - Nécessité d'utiliser des méthodes statistiques pour extraire l'information
- **Des coefficients sont appliqués à certaines longueurs d'ondes pour prédire les AG**



Echantillons analysés par CPG et MIR

- **En bovin** : Domaines expérimentaux du Pin-Au-Haras et de Mirecourt
Croisement Holstein X Normande (F2) (150),
Holstein et Montbéliard (100)
- **En caprin** : Domaine de Galles (150) en race Alpine
+ 1 élevage privé en race Saanen (50 à 80)
- **En ovin** : Domaine de La Fage (150) en race
Lacaune + 3 élevages privés, Manech à Tête Rousse
(30) et Basco-Bearnaise (20)

→ **Près de 75 AG et rapports d'AG estimés pour chaque espèce**

Estimation en bovin

Jeu de validation Mirecourt+le Pin	N	Mean	Sd	Erreur relative (%)	R2
TB	70	3,816	0,637	0,32	1,00
C4:0	72	0,149	0,025	5,71	0,88
C6:0	70	0,087	0,015	3,97	0,95
C8:0	70	0,050	0,010	5,00	0,94
C10:0	71	0,111	0,029	6,92	0,93
C12:0	71	0,126	0,037	11,12	0,86
C14:0	72	0,435	0,088	6,10	0,91
C16:0	71	1,271	0,282	6,41	0,92
C18:0	71	0,342	0,099	12,58	0,81
Total 18:1	69	0,780	0,203	6,70	0,93
AG saturés	72	2,766	0,510	2,09	0,99
AG monoinsat	69	0,889	0,220	5,80	0,95
AG polyinsat	69	0,107	0,019	8,06	0,80
AG oméga 3	70	0,029	0,010	16,24	0,77
AG oméga 6	70	0,075	0,016	11,23	0,72

Estimation en caprin

Cross-validation	N	Mean	Sd	Erreur relative (%)	R2
TB	150	3,310	0,666	0,48	1,00
C4:0	150	0,092	0,025	9,23	0,87
C6:0	150	0,078	0,020	8,97	0,87
C8:0	150	0,080	0,022	12,36	0,78
C10:0	150	0,264	0,071	12,48	0,77
C12:0	150	0,134	0,041	13,36	0,79
C14:0	150	0,307	0,077	9,17	0,85
C16:0	150	0,996	0,197	5,14	0,93
C18:0	150	0,282	0,099	18,14	0,73
Total 18:1	150	0,756	0,176	8,84	0,85
AG saturés	150	2,351	0,485	3,55	0,97
AG monoinsat	150	0,798	0,184	8,92	0,84
AG polyinsat	150	0,128	0,028	12,47	0,65
AG oméga 3	150	0,100	0,031	19,15	0,58
AG oméga 6	150	0,018	0,005	19,58	0,44

Estimation en ovin

Jeu de validation	N	Mean	Sd	Erreur relative (%)	R2
TB	54	6,802	1,398	0,40	1,00
C4:0	52	0,233	0,035	5,88	0,85
C6:0	54	0,177	0,033	4,21	0,95
C8:0	54	0,175	0,037	4,83	0,95
C10:0	54	0,574	0,147	5,90	0,95
C12:0	54	0,339	0,103	8,57	0,92
C14:0	54	0,821	0,214	6,98	0,93
C16:0	54	1,650	0,345	6,70	0,90
C18:0	55	0,511	0,143	12,62	0,80
Total 18:1	54	1,276	0,414	4,40	0,98
AG saturés	54	4,825	0,994	2,31	0,99
AG monoinsat	54	1,389	0,443	3,83	0,99
AG polyinsat	55	0,238	0,075	7,03	0,95
AG oméga 3	52	0,069	0,016	13,65	0,66
AG oméga 6	55	0,137	0,036	12,13	0,79



Conclusions et perspectives

- Estimations précises pour les AG saturés et certains monoinsaturés
- Equations à valider et à réajuster avec les nouvelles données
- Equations intra ou inter espèces
- Quelques équations spécifiques à développer en plus (rapport C18:1 trans 11/C18:1 trans 10...)



Merci aux différents partenaires

Merci pour votre attention !



www.phenofinlait.fr

phenofinlait@inst-elevage.asso.fr

PhénoFinlait