

Profils en acides gras et protéines du lait : détermination par spectrométrie moyen infrarouge, facteurs de variation et modèle de prévision en élevage

GELE M. (1), FERRAND M. (1), MIRANDA G. (2), BALLOT N. (3), BIANCHI L. (2), BRUNSCHWIG P. (1), LECOMTE C. (4), MARTIN P. (2), THOMAS G. (1), BROCHARD M. (1,2)

(1) Institut de l'Élevage, 149 rue de Bercy, 75 595 Paris cedex 12, France

(2) INRA, UMR1313 GABI, Domaine de Vilvert, 78 350 Jouy en Josas, France

(3) CNIEL, 42, rue de Châteaudun, 75 314 Paris cedex 09, France

(4) FCEL, 42, rue de Châteaudun, 75 009 Paris, France

RESUME – Des équations de prédiction ont été développées pour estimer les teneurs en acides gras (AG) et protéines du lait à partir de spectres moyen infrarouge (MIR). Respectivement 350 et 280 échantillons de lait ont été analysés à la fois par MIR et chromatographie en phase gazeuse (CPG) pour les AG et par MIR et chromatographie liquide couplée à de la spectrométrie de masse pour les protéines (LC-MS). Appliquées sur la base de données spectrales du programme PhénoFinlait, ces équations ont permis l'estimation précise des teneurs en 52 AG, groupes ou ratios d'AG et 8 protéines ou groupes de protéines de 293 525 échantillons de lait de vaches de races Holstein, Montbéliarde et Normande. Le descriptif de la conduite de ces animaux a permis d'identifier les facteurs de variation des composants fins du lait. Le stade de lactation influence le profil fin du lait en AG et en protéines, en particulier durant le premier mois de lactation. Le système d'alimentation, résumé par une typologie de ration, est un facteur déterminant de la composition en AG du lait, alors que la composition protéique du lait est plus sensible à l'état physiologique des femelles, dont la santé de la mamelle. Un outil d'aide à la décision a été développé, ouvrant la voie au conseil en élevage. A partir des facteurs de variation identifiés, cet outil permet de prévoir l'évolution du profil en AG du lait de troupeau entre deux contrôles.

Fatty acid and protein profiles in milk: determination by mid infrared spectrometry, factors of variation and forecasting models in livestock farming

GELE M. (1), FERRAND M. (1), MIRANDA G. (2), BALLOT N. (3), BIANCHI L. (2), BRUNSCHWIG P. (1), LECOMTE C. (4), MARTIN P. (2), THOMAS G. (1), BROCHARD M. (1,2)

(1) Institut de l'Élevage, 149 rue de Bercy, 75 595 Paris cedex 12, France

SUMMARY – Prediction equations were developed to estimate fatty acid (FA) and protein content from mid infrared (MIR) spectra. Respectively 350 and 280 milk samples were analyzed by both MIR and gas chromatography for FA and by both MIR and liquid chromatography coupled with mass spectrometry for proteins. Those equations were applied on the database of the PhénoFinlait program to estimate precisely the proportion of 52 FA, groups or ratios of FA and eight proteins or groups of proteins for 293,525 milk samples from Holstein, Montbeliarde and Normandy cows. A description of the breeding system of these cows led to the identification of the main factors of variance of milk fine components. The lactation stage impacts on both FA and protein proportions, particularly during the first month of lactation. The feeding system, summarized by a typology of the diets, impacted on FA proportion whereas protein proportions were more sensitive to the physiological status of the cows, especially to udder health. A decision support tool was created, paving the way to new advisories on this topic. This tool makes it possible to anticipate the evolution of milk FA profile of the herd between two test days.

INTRODUCTION

L'intérêt porté à la composition fine du lait s'accroît au sein de la filière : consommateurs soucieux de la valeur nutritionnelle des produits, transformateurs pour qui elle est un facteur clé de rendement et de qualité technologique, et producteurs qui doivent adapter cette composition à la demande. Moduler en élevage la composition fine du lait implique de 1) pouvoir la mesurer en routine, 2) connaître les facteurs d'élevage qui l'influencent et 3) connaître son déterminisme génétique. Acteurs de la profession laitière, de la filière génétique et de la recherche-développement ont uni leurs efforts au sein du programme PhénoFinlait pour répondre à ces objectifs dans les filières bovine, caprine et ovine laitières. Cette étude présente, pour l'espèce bovine, l'estimation des teneurs en AG et protéines à partir des spectres en moyen infrarouge (MIR), leurs facteurs de variation, et l'utilisation des résultats via un modèle prévisionnel.

1. LE PROGRAMME PHENOFINLAIT

Le programme PhénoFinlait, lancé en 2008 pour 5 ans par le CNIEL, l'INRA, l'Institut de l'Élevage, l'UNCEIA, Capgenes, Actalia, FCEL, le CNBL et Labogéna, a pour objectif de

mettre en relation la composition fine du lait et le génotype des animaux d'une part et les conditions de milieu d'autre part (Gelé *et al.*, 2014). 1 224 élevages bovins ont été enquêtés 4 à 6 fois chacun dans 16 départements français entre novembre 2009 et octobre 2010. Au total près de 450 000 spectres MIR ont été collectés, 6 645 enquêtes d'alimentation ont été réalisées et 8 089 vaches Holstein, Montbéliarde et Normande ont été génotypées.

2. PHENOTYPER LES TENEURS EN AG ET PROTEINES DU LAIT PAR SPECTROMETRIE MIR

2.1. MATERIEL ET METHODES

350 échantillons de lait individuel ont été analysés par MIR et par chromatographie en phase gazeuse (CPG) pour l'établissement des modèles d'estimation des AG, et 280 autres échantillons ont été analysés par MIR et par chromatographie liquide couplée à la spectrométrie de masse (LC-MS) pour l'estimation des protéines (Miranda *et al.*, manuscrit en préparation). Cette dernière méthode permet d'identifier et de quantifier précisément les protéines majeures ainsi que leurs différents variants. Les teneurs en protéines ont été corrigées de la protéolyse à l'aide de coefficients issus de cinétiques de protéolyse.

L'ensemble des échantillons a été choisi pour être représentatif de la variabilité de la composition en matières grasses (MG) et protéique (MP) des laits produits en France. Les équations ont été établies par régression « partial least square » (PLS) sous R 2.8.1 et optimisées par algorithmes génétiques sous Matlab 7.8 (The MathWorks Inc., Natick, MA; Matlab, R 2009a ; Ferrand-Calmels *et al.*, 2014). Les données ont été séparées aléatoirement en un jeu de calibration et un jeu de validation. Les équations ont été évaluées suivant les recommandations ISO 8196-2 / IDF 128-2 (ISO-IDF, 2009). L'écart-type résiduel ($s_{y,x}$) et le coefficient de détermination (R^2) obtenus sur le jeu de validation ont permis de qualifier les équations : $R^2 > 0,91$ et $s_{y,x}$ relatif $< 5\%$: très bonne précision, $R^2 > 0,82$ et $s_{y,x}$ relatif entre 5 et 10 % : bonne précision, $R^2 > 0,70$ et $s_{y,x}$ relatif entre 10 et 15 % : précision correcte, équation à utiliser avec précaution. Les équations ont ensuite été appliquées aux données spectrales stockées dans la base de données PhénoFinlait (Figure 1), les estimations obtenues en g/100 ml de lait sont converties en % des AG totaux ou protéines totales sans perte conséquente de précision (Ferrand-Calmels *et al.*, 2014).

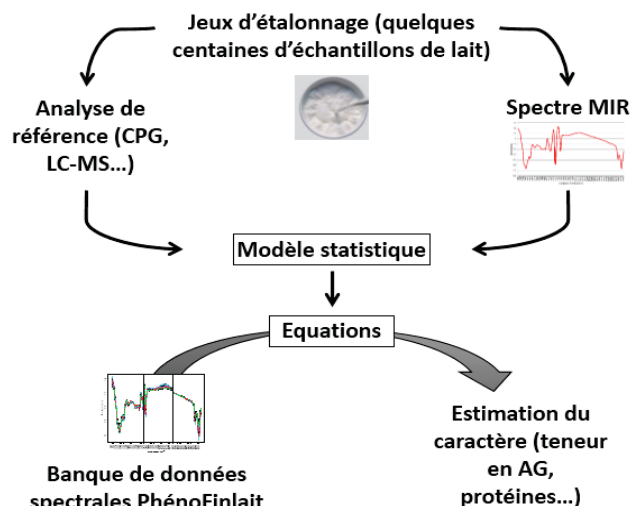


Figure 1 : Mise au point des modèles d'estimation

Tableau 1 : Performances des équations d'estimation de la composition fine en acides gras et protéines

	Composants estimés avec une très bonne précision	Composants estimés avec une bonne précision	Composants estimés avec une précision correcte
Acides Gras	C4:0, C6:0, C8:0, AGS, AGMI, AGI, SCFA, MCFA, Somme C4:0+C6:0, AG pairs de 4 à 10 carbones, AG pairs de 4 à 12 carbones, AG pairs de 4 à 14 carbones, AG à 16 carbones ou moins, AGS à 16 carbones ou moins, AGS pairs à 16 carbones ou moins, Somme C12:0+4C14:0+C16:0	C10:0, C12:0, C14:0, C16:0, C18:1 c9, Total des 18:1cis, Total des 18:1, LCFA, Indice d'élongation, Indice d'athérogénicité	C15:0, C15:0 iso, C17:0, C18:0, C20:0, C17:1 c10, C18:1 c15, C18:1 t12, C18:1 t16, Total des 18:1trans, Total des C18:2, C18:2 c9 c12, AGPI, AGPI/AGS, AG trans, Total des C18:2 oméga6, AG oméga 3, AG oméga 6, AG oméga 7, AG oméga7 cis, AG impairs de 5 à 11 carbones, AG impairs de 5 à 15 carbones, AG impairs de 13 à 17 carbones, C18:1/C16:0, C18:1c9/C16:0, Index désaturation du C16
Protéines	Total des caséines, caséine β	Caséines α 1, α 2, κ	Total des protéines solubles, β -lactoglobuline

2.2. PERFORMANCES DES EQUATIONS

Les équations d'estimation des AG (Tableau 1) présentent des niveaux de précision variables selon le type d'AG (AG saturés : AGS, insaturés : AGI) et le niveau de concentration. Les estimations les plus précises sont obtenues pour les AG présents en concentration moyenne ou haute dans le lait : AGS jusqu'à 16 atomes de carbone et acide oléique C18:1c9. En tout 16 équations présentent une très bonne précision, 10 ont une bonne précision et 26 ont une précision correcte (Ferrand-Calmels *et al.*, 2014). Les résultats obtenus sont comparables ou légèrement meilleurs que les résultats déjà publiés (De Marchi *et al.*, 2014).

Les équations d'estimation des caséines sont plus précises que celles des protéines solubles. Les protéines présentes en plus grande quantité sont les mieux estimées. Ainsi la somme des caséines est mieux estimée que chaque caséine prise individuellement. Il en est de même pour les protéines solubles. Le total des caséines et la caséine β sont estimés avec une très bonne précision, et les caséines α 1, α 2 et κ avec une bonne précision. La précision d'estimation des protéines solubles est plus faible, surtout pour l' α -lactalbumine. Ces résultats apparaissent meilleurs que ceux précédemment publiés (De Marchi *et al.*, 2014). Cette différence s'explique par les méthodes utilisées, l'HPLC et l'électrophorèse, qui sont des techniques moins résolutive et précises que la LC-MS. D'autre part, les meilleurs modèles ont été obtenus sur nos données en réaffectant la protéolyse. Les équations qui présentent les plus grands écarts de performances avec les résultats de la littérature concernent les caséines α 1, β et κ qui sont les protéines les plus touchées par la protéolyse (92 % leur est réattribuée).

L'utilisation des équations à des fins de paiement du lait à la qualité nécessite un niveau de précision très élevé ($R^2 > 0,95$). Ces équations peuvent être utilisées à des fins de pilotage du troupeau ou d'amélioration génétique dès que le R^2 atteint

0,70 - 0,80. La fiabilité des estimations peut être augmentée par la répétition des mesures sur un même animal.

3. FACTEURS DE VARIATION DE LA COMPOSITION DU LAIT EN AG ET PROTEINES

3.1. DETERMINISME GENETIQUE

Les paramètres génétiques des AG (en % des AG totaux) et des protéines (en % de la MP totale du lait) sont homogènes entre races (Brochard *et al.*, 2013 ; Govignon-Gion *et al.*, 2012). Les héritabilités sont modérées pour les AG (0,10 à 0,40) et fortes (jusqu'à 0,80) pour les protéines (Tableau 2). Les coefficients de variation génétique sont faibles : 1 à 5 % pour les AG, 0,5 à 7 % pour les protéines. AGS et TB ainsi que caséines et TP sont fortement et positivement corrélés.

De nombreux Quantitative Trait Loci (QTL) affectant la composition fine du lait ont été détectés, ce qui laisse entrevoir des possibilités de sélection sur ces caractères. Ces QTL co-localisent fréquemment entre caractères et/ou races (Govignon-Gion *et al.*, 2012 ; Sanchez *et al.*, 2013).

Tableau 2 : Part (en %) des variations expliquée par le génome des individus (héritabilité)

	HOL	MON	NOR
AGS	0,15	0,28	0,19
C16:0	0,22	0,28	0,19
AGMI	0,17	0,27	0,21
AGPI	0,18	0,28	0,21
AG oméga 3	0,26	0,31	0,20
caséines totales	0,36	0,47	0,30
caséine α1	0,42	0,44	0,39
caséine κ	0,39	0,48	0,44
β-lactoglobuline	0,55	0,62	0,58

3.2. ETUDE DES FACTEURS D'ELEVAGE

3.2.1. Matériel et méthodes

Les données ont été analysées avec des modèles mixtes tenant compte de la répétition intra-animal pour les contrôles successifs avec SAS (proc Mixed SAS-v9.1.3). 293 525 spectres MIR associés à 5 565 enquêtes ont été utilisés pour l'étude des facteurs de variation de la composition en AG (en % des AG totaux). Les modèles ont été construits intra-race et prennent en compte les effets fixes : stade de lactation, rang de lactation, âge au premier vêlage, période de vêlage, niveau d'ingestion, type de ration, % de concentrés, d'amidon et de matière grasse de la ration, et saison de contrôle.

Pour les protéines, les données ont été pré-corrigées de l'effet père (proc GLM SAS-v9.1.3). Un modèle intra-race (n=223 314) prend en compte les effets fixes : stade de lactation, rang de lactation, période de vêlage, niveau cellulaire, type de ration et saison de contrôle. Un deuxième modèle intra-type de ration (n=115 649) prend en compte les effets fixes : stade de lactation, niveau cellulaire, race, rapport PDIE/UFL, % d'amidon de la ration, bilan en lysine digestible et bilan en méthionine digestible. Les types de ration définis pour ce modèle sont Pâturage, Ensilage de Maïs et Foin, où le fourrage concerné représente > 70 % des fourrages. Les résultats sont présentés en écart de moyennes ajustées des autres effets du modèle, par rapport à une modalité de référence. Les effets sont considérés significatifs au seuil P<0,01.

3.2.2. Influence des facteurs liés à l'animal

Le stade de lactation a une influence sur la composition fine, sans interaction avec la race. La part relative des AGS est minimale après vêlage et augmente de 3 à 6 points dans les 4 à 6 premiers mois de lactation, en lien avec une importante lipomobilisation en début de lactation, au détriment des AGMI (Gelé *et al.*, 2014). La teneur en AGPI est stable au cours de la lactation. La part de caséines totales augmente dans les 3 premiers mois de lactation de 0,4 à 1,2 point selon la race et le type de ration, conformément à la littérature (Coulon *et al.*, 1998), grâce à la hausse marquée de la part de caséine β (+1 à +1,5 point) et à la baisse de la part de β -lactoglobuline (-0,5 à -1,2 point). Les parts de caséines α 1, α 2 et κ évoluent peu en cours de lactation. Les primipares produisent moins d'AGS (-1 point) que les vaches en 2^{ème} lactation, mais le profil en protéines n'est pas affecté par la parité. Les vaches vêlant en été ont tendance à produire un lait moins concentré en AGS (-0,5 point) et en caséines totales (-0,2 point) que celles vêlant en hiver. En revanche, l'effet de l'âge au premier vêlage n'est pas significatif. La hausse du niveau cellulaire induit une diminution de la part de caséines totales, du fait de

la baisse des parts de caséines α 1 et β simultanément à la hausse de la part relative de β -lactoglobuline. Ces résultats sont présentés sur la Figure 2 et sont conformes à ceux observés par Coulon *et al.* (1998).

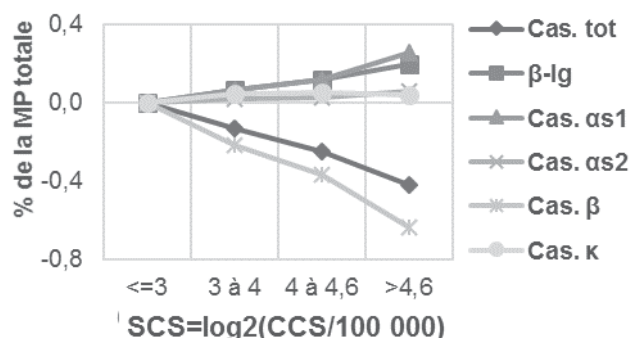


Figure 2 : Evolution des parts relatives des protéines selon le score de cellules somatiques (par rapport au SCS \leq 3)

3.2.3. Influence de la conduite alimentaire du troupeau

Le type de ration influence le profil en AG du lait (Gelé *et al.*, 2014) conformément à la littérature (Chilliard *et al.*, 2008 ; Peyraud *et al.*, 2011), mais peu le profil en protéines (Tableau 3). Par rapport au type de ration de référence (ensilage de maïs : EM), l'apport d'herbe conservée (ensilage, enrubannage, foin) a un effet variable sur la composition en AG du lait. Le profil en AG du lait produit avec du foin est proche de celui produit avec l'EM. Il peut être moins concentré en AGS s'il s'agit de foin ventilé. Le foin présente l'effet le plus marqué sur la composition en protéines du lait : il permet une baisse de la part de β -lactoglobuline de 0,5 point et une hausse de la part de caséines totales. Le pâturage fait varier le profil en protéines du lait dans le même sens que le foin mais dans une moindre proportion. S'il est associé à de l'ensilage de maïs, cet effet est nul. En revanche, le lait produit au pâturage est moins concentré en AGS (jusqu'à -5 points). Aucun effet d'autres facteurs alimentaires n'a été mis en évidence.

3.2.4. Influence de la saison

Le dispositif PhénoFinlait a permis d'étudier l'effet de la saison de contrôle sur une lactation entière (Gelé *et al.*, 2014). La part relative des AGS est minimale en été et maximale en hiver avec un écart de 2 à 3 points entre les mois extrêmes, contrairement aux AGMI et AGPI. Les parts relatives de caséines totales, α 1, β et κ ont tendance à être plus élevées en été et minimales en hiver contrairement à la β -lactoglobuline ; les écarts sont néanmoins faibles.

Tableau 3 : Effet des types de rations sur les teneurs en AG et protéines du lait (en point d'écart par rapport au régime EM)

Régime	AGS	AGMI	AGPI	Cas. Tot	Cas. α 1	Cas. α 2	Cas. β	Cas. κ	β -Ig
EM (Réf.)	0	0	0	0	0	0	0	0	0
EM + herbe cons.	-0,5 à +0,4	-0,3 à +0,5	0 à -0,1	-0,1 à +0,1	0 à -0,1	0	0 à -0,2	0 à +0,1	0 à +0,1
Foin	0 à -0,3	+0,1 à +0,4	0 à -0,1	+0,2 à +0,3	+0,2 à +0,3	0	0 à +0,3	+0,2	-0,4 à -0,5
Ens. d'herbe	-1,2	+1,1	+0,2	+0,2	+0,2	-0,1	+0,1	+0,1	-0,3
EM / Pâturage	-2,1 à -3,6	+2,0 à +3,3	+0,2 à +0,3	0 à +0,1	0 à +0,1	0 à +0,1	0 à -0,1	0 à +0,1	0
Pât. ou Pât+Foin	-3,8 à -4,9	+3,3 à +4,2	+0,6 à +0,8	+0,3 à +0,4	+0,1 à +0,2	+0,1 à +0,2	0 à -0,1	+0,1 à +0,2	-0,2 à -0,3

4. UN EXEMPLE D'UTILISATION EN ELEVAGE

4.1. OUTIL DE PREVISION DE L'EVOLUTION DE LA COMPOSITION EN AG DU LAIT DE TROUPEAU

Ce modèle repose sur les paramètres estimés par les modèles décrits en partie 3 et simule l'évolution de la composition en AG du lait de tank entre deux contrôles laitiers successifs. L'architecture de l'outil est présentée dans la Figure 4. En entrée du modèle, on trouve les spectres MIR des laits individuels collectés au contrôle n qui serviront à

estimer le profil en AG de chaque vache, la description du troupeau (nombre de vaches en lactation, stade de lactation et parité de chaque vache), le type de ration et la date au contrôle n et la prévision au contrôle n+1 (date du contrôle suivant, type de ration prévu). La combinaison situation au contrôle n / situation au contrôle n+1 définit un scénario pour chaque vache qui sera à la base du modèle de prévision. Ce modèle prend en compte la race des vaches, l'évolution du type de ration, du stade physiologique des vaches et de la saison, ainsi que les mouvements d'animaux (entrées,

tarissement, réformes...) intervenus dans le troupeau en lactation entre les deux contrôles laitiers. Des coefficients obtenus à partir du modèle décrit en 3.2.1 sont appliqués, vache par vache, sur chaque résultat individuel, puis des moyennes pondérées sont calculées pour obtenir le profil attendu du lait de troupeau. Le résultat est exprimé sous forme d'un intervalle de confiance obtenu par bootstrap, méthode d'inférence statistique basée sur une succession de ré-échantillonnages.

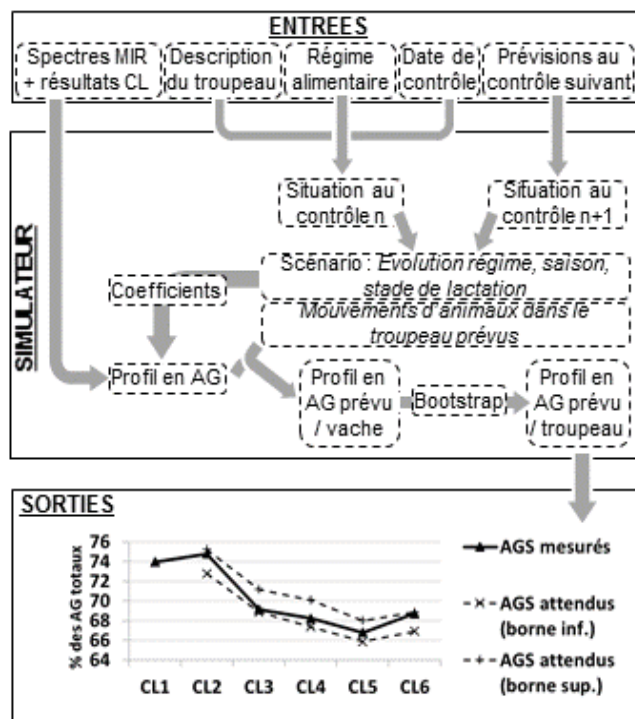


Figure 4 : Architecture de l'outil de prévision

4.2. TESTS EN ELEVAGES

L'outil a été testé dans six zones pilotes par les techniciens des entreprises de conseil en élevage pendant six mois consécutifs (janvier à juillet 2013) sur différents types de rations (ration hivernale, transition vers le pâturage, utilisation de matières premières particulières), dans des situations d'élevage variées (vêlages groupés ou non) et sur deux protocoles de contrôle laitier (21 élevages en protocole A=2 traites/jour et 3 élevages en protocole AT=alterné). Les résultats des tests réalisés sur les 124 données sont présentés dans le Tableau 4. En protocole A, la production laitière, le TP et le TB sont très bien prédits (76, 82 et 66 % de prévision correcte). Les AG dont l'évolution est la mieux prédite (35 à 42 % de prévision correcte) sont les AGS, les AGMI et l'acide oléique C18:1c9. Pour les autres AG, la prévision est correcte dans 20 à 25 % des cas. En protocole AT, le pourcentage de prévision correcte de la production laitière et du TB est logiquement plus faible qu'en protocole A (20 % de prévision correcte) mais ce n'est pas le cas pour les AG. La prévision est souvent meilleure en ration hivernale stabilisée qu'en période de transition.

Tableau 4 : % de prévision correcte d'un contrôle à l'autre

	Equation AG	R ² du modèle longitudinal	% prévision correcte	
			Protoc. A	Protoc. AT
AGS	++	0,47	42 %	36 %
AGMI	++	0,45	39 %	43 %
AGPI	-	0,44	22 %	43 %
C14:0	+	0,30	22 %	50 %
C16:0	+	0,44	24 %	14 %
C18:0	--	0,29	24 %	29 %
C18:1c9	+	0,39	37 %	50 %

4.3. DISCUSSION ET PERSPECTIVES D'UTILISATION

Plusieurs éléments peuvent expliquer le faible pourcentage de prévision correcte sur la phase de test. La précision modeste de l'équation MIR explique le faible pourcentage de prévision correcte pour les AGPI et le C18:0. Les faibles coefficients de détermination du modèle longitudinal pour le C14:0 et le C18:0 peuvent être à l'origine de biais dans le calcul des coefficients. Certains AG dont le C16:0 présentent une très forte variabilité inter-individu, ce qui rend difficile la prévision. Enfin, la typologie nationale, large, ne permettait pas de distinguer des rations proches mais néanmoins différentes, et les conditions météorologiques en 2013 étaient différentes de celles des années de collecte des données ayant servi à construire le modèle. Le mauvais temps ayant perturbé la mise à l'herbe des vaches au printemps, les rations distribuées étaient instables et leurs effets, par conséquent, variables. En conclusion, le choix des AG ainsi que la finesse de description des rations sont deux éléments essentiels pour une prévision de qualité. Les résultats obtenus sont encourageants et constituent une base solide pour le développement d'un outil d'aide à la décision utilisable en élevage, à adapter aux particularités de la zone géographique d'utilisation.

CONCLUSION

Il ressort de cette étude un ensemble de connaissances et d'outils d'ores et déjà opérationnels, de l'analyse du lait à la gestion du troupeau. Des améliorations seraient à apporter aux équations concernant les protéines sériques ainsi qu'à l'outil de prévision. Néanmoins, l'ensemble de cette étude a permis d'avancer dans la connaissance et la maîtrise de la composition fine du lait.

Avec le soutien financier de l'ANR, APIS-GENE, le CNIEL, FGE, FranceAgriMer, le Ministère de l'Agriculture et l'UE. Les auteurs remercient les partenaires du consortium PhénoFinlait, les acteurs de terrain et les éleveurs. Un merci particulier à P.-E. Belot, A. Bourge, E. Doligez, N. Gaudillière, F. Leroy et Y. Martinot qui ont conduit le test de l'outil en élevages. Ce travail a été conduit dans le cadre des programmes des UMT GENEPR, 3G et RIEL.

Brochard, M., Sanchez, M.-P., Govignon-Gion, A., Ferrand, M., Gelé, M., Pourchet, D., Miranda, G., Martin, P., Boichard, D., 2013. Renc. Rech. Ruminants, 20, p158.

Chilliard, Y., Bauchart, D., Lessire, M., Schmidely, P., Moutou, J., 2008. INRA Prod. Anim., 21, p95-105.

Coulon, J.B., Hurtaud, C., Rémond, B., Vérité, R., 1998. INRA Prod. Anim., 11, p299-310.

De Marchi, M., Toffanin, V., Cassandro, M., Penasa, M., 2014. J. Dairy Sci. 97, p1171-1186

Ferrand-Calmels, M., Palhière, I., Brochard, M., Leray, O., Astruc, J. M., Aurel, M. R., Barbey, S., Bouvier, F., Brunschwig, P., Caillat, H., Douquet, M., Faucon-Lahalle, F., Gelé, M., Thomas, G., Trommschlagler, J. M., Larroque H., 2014. J. Dairy Sci. 97, p17-35.

Gelé, M., Brunschwig, P., Boichard, D., Govignon-Gion, A., Lagriffoul, G., Larroque, H., Legarto, J., Palhière, I., Rupp, R., Brochard, M., Lecomte, C., 2014. Innov. Agronomiques, 34, p189-206.

Govignon-Gion, A., Fritz, S., Larroque, H., Chantry-Darmon, C., Lahalle, F., Brochard, M., Boichard, D., 2012. Renc. Rech. Ruminants., 19, 65-72

Miranda, G et al. Manuscrit en préparation

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, 36p.

Sanchez, M.P., Gion-Govignon, A., Ferrand, M., Gelé, M., Pourchet, D., Rossignol, M.-N., Fritz, S., Miranda, G., Martin, P., Brochard, M., Boichard, D., 2013. Renc. Rech. Ruminants, 20, p149-152.