

Dossier

***PhénoFinlait* : Phénotypage et génotypage pour la compréhension et la maîtrise de la composition fine du lait**

Avant-propos

Le lait est un produit animal complexe à l'origine de multiples valorisations en alimentation humaine : laits de consommation incluant les laits infantiles, fromages, beurres, crèmes, yaourts, desserts et boissons lactées, ingrédient dans une grande diversité de pâtisseries et de plats cuisinés, etc. Il s'agit donc d'un pilier de l'alimentation humaine y compris à l'âge adulte et ce depuis des milliers d'années.

Toutefois, les demandes des consommateurs et de la société ont évolué rapidement ces dernières années et les exigences en matière de qualité des produits se sont complexifiées (Le Bihan-Duval *et al* 2014). Tout d'abord du point de vue du consommateur, en particulier occidental, l'alimentation doit désormais répondre à une diversité d'attentes. A la demande en « quantité » d'après-guerre, se sont en particulier ajoutées des exigences sanitaires, des exigences organoleptiques, de traçabilité du produit, des exigences nutritionnelles, et après une période « nutrition - santé » (Cniel 2011), une exigence croissante de « naturalité ». De plus, du point de vue du citoyen, la qualité intègre l'environnement, le bien-être animal, les conditions de production. Une partie des consommateurs a d'ailleurs évolué vers une stratégie d'achat « responsable » (Cniel 2011). Simultanément, le lait, bien que bénéficiant d'une image traditionnellement et majoritairement favorable à plusieurs titres, est confronté ces dernières années à des remises en causes parfois virulentes (allergies, intolérances, rejet des matières grasses saturées et trans...) qui s'installent probablement durablement dans les rapports des consommateurs avec le lait (Cniel 2011).

Malgré ce contexte exigeant et changeant, jusqu'à aujourd'hui, au-delà des quantités totales en matières grasses et protéiques, peu de dispositifs sont disponibles et mis en œuvre pour suivre, qualifier, voire piloter la composition fine du lait « en sortie de ferme ». Le lait a suivi, avec le développement du secteur laitier, un processus de standardisation conformément au principe du « lait apte à toute transformation », devenant une matière première à laquelle l'application de procédés de fabrication variés donne de la valeur. Ce constat est à moduler pour les filières AOP fromagères. La composition fine du lait, en particulier la variabilité des profils en acides gras et en protéines, n'est pas ou peu valorisée, ni au niveau de la production, ni au niveau de la transformation. Dans le contexte actuel, traiter le lait de manière indifférenciée peut être contre-productif, en particulier si l'on reconsidère la richesse intrinsèque de la matière première « lait » et le fait que la composition du produit final reflète largement la composition du lait d'origine (Lucas *et al* 2006). Le lait « en sortie de ferme » se situe à la charnière entre l'amont et l'aval des filières laitières et, à ce titre, est idéalement placé pour être une source importante de compétitivité et d'adaptabilité des filières laitières dans leur globalité.

Le sujet de la composition fine du lait a bien entendu fait l'objet de travaux bien avant que le programme *PhénoFinlait* ne soit imaginé et mis en œuvre. Ainsi, les liens entre alimentation et profil en acides gras (Chilliard *et al* 2007, Couvreur *et al* 2007, Hurtaud *et al* 2007) ou encore les variants génétiques des lactoprotéines majeures (Grosclaude *et al* 1987, Grosclaude 1988) ont été étudiés généralement à partir de dispositifs expérimentaux. Ces connaissances ont servi de point de départ et d'assurance sur la faisabilité et l'intérêt d'engager un programme à grande échelle. L'ambition de *PhénoFinlait* était alors de transposer ces connaissances et hypothèses en élevages privés avec une grande diversité de systèmes d'alimentation et de coupler cela à une analyse conjointe du déterminisme génétique afin d'apporter aux éleveurs et à leurs filières des outils et des

réponses globales. De nombreuses nouvelles références étaient bien évidemment à établir, mais l'un des enjeux majeurs portait et porte toujours sur les possibilités de transfert aux filières.

Les développements à la fois de la spectrométrie dans l'infra-rouge et de la sélection génomique ont ouvert de nouvelles portes en matière d'accès à la composition fine du lait à coûts réduits et d'analyses de ses déterminants génétiques.

Les travaux pionniers de la Faculté Universitaire des Sciences Agronomiques de Gembloux (Soyeurt *et al* 2006) ont ainsi ouvert la voie à l'estimation de nombreux composants fins du lait à partir d'une exploitation plus fine des données d'absorbance de la lumière dans le Moyen Infra-Rouge (MIR) principalement. Le principe est simple : la spectrométrie MIR, utilisée pour estimer les taux de matière grasse et protéique en routine dans les laboratoires d'analyse du lait, peut aussi être utilisée pour quantifier individuellement certains composants fins. Des modèles de prédiction sont développés à partir d'un jeu d'échantillons caractérisés à la fois à l'aide d'une méthode d'ancrage et par un spectre MIR. Ces modèles sont ensuite appliqués aux données spectrales telles que celles produites dans le cadre des analyses laitières habituelles de paiement du lait à la qualité et de contrôle laitier. Plusieurs dizaines d'acides gras et protéines peuvent ainsi être estimés avec une précision satisfaisante et à un coût additionnel modeste par rapport aux analyses déjà réalisées en routine.

Parallèlement, les avancées dans le domaine de la génomique permettent d'analyser et d'exploiter plus rapidement et plus finement le déterminisme génétique des caractères. Là encore, le principe est relativement simple : des équations d'estimation du potentiel génétique des animaux pour les différents caractères sont établies à partir d'une population de référence (animaux génotypés et caractérisés d'un point de vue phénotypique). Cette population peut être de taille beaucoup plus restreinte que celle nécessaire pour mettre en œuvre une évaluation génétique « classique ». Par ailleurs, les équations produites permettent de déterminer le potentiel génétique d'un animal sans pour autant qu'il dispose lui-même (ou ses descendants) de phénotype mesuré (Robert-Granié *et al* 2011). L'un des enjeux en sélection est alors de concevoir et de mettre en œuvre des programmes de caractérisation phénotypique de populations de référence, ce que l'on a appelé des programmes de « phénotypage » à plus ou moins grande échelle. Le programme *PhénoFinlait* est l'un des premiers grands programmes de phénotypage à haut débit (Hocquette *et al* 2011) avec ses caractéristiques : phénotypage fin sur la composition du lait, dans des systèmes d'élevage caractérisés, en particulier, par l'alimentation, préalable à un génotypage à haut débit des animaux suivis.

Face à ces enjeux pour la filière laitière et ces nouvelles potentialités techniques et scientifiques, les filières laitières bovine, caprine et ovine, les acteurs de l'élevage (conseil en élevage et laboratoires d'analyse du lait) et de la génétique (entreprises de sélection et de mise en place d'insémination), les instituts de recherche et de développement (Inra, Institut de l'Élevage, Actalia) et APIS-GENE ont décidé de se constituer en consortium afin d'unifier leurs efforts et de partager leurs compétences et réseaux. Le consortium, avec le soutien financier d'APIS-GENE, de l'ANR, du Cniel, du Ministère de l'Agriculture (fond dédié CASDAR et Action Innovante), de France AgriMer, de France Génétique Elevage, du fond IBSA et de l'Union Européenne, a initié début 2008 un programme pour :

- analyser la composition fine du lait en acides gras et en protéines par des méthodes de routine et des méthodes d'ancrage ultra-résolutives (protéines) ;
- appliquer ces méthodes à grande échelle sur une diversité de systèmes et de races représentatives de la diversité de la ferme France afin d'identifier des facteurs influençant la composition fine du lait ;
- optimiser la valorisation des ressources alimentaires et génétiques par le conseil en élevage ;
- initier une sélection génomique.

Au-delà de ces objectifs, le programme *PhénoFinlait* a été envisagé comme un investissement majeur et collectif pour les filières laitières françaises afin de leur permettre de conserver ou de développer des avantages compétitifs par la possibilité de mieux valoriser la composition fine et demain ultrafine (grâce à des méthodes plus fines encore que la spectrométrie MIR) du lait. Les bases de données et d'échantillons ont ainsi vocation à être exploitées et ré-exploitées pendant plusieurs années au fur et à mesure des demandes des filières et de l'avancée des connaissances et des technologies d'analyse du lait. D'autres pays se mobilisent également sur cette problématique : Pays-Bas, Nouvelle-Zélande, Danemark et Suède, Italie, Belgique, etc.

Ce dossier de la revue *Inra Productions Animales* fait état des principales productions issues à ce jour du programme *PhénoFinlait*. Il n'a pas vocation à couvrir exhaustivement les résultats produits. En particulier, nous ne présenterons pas systématiquement l'ensemble des résultats pour l'ensemble des espèces, races et composants. Néanmoins, nous nous sommes attachés à présenter à travers trois articles de synthèse et un article conclusif les principales avancées permises par ce programme à partir d'exemples pris dans les différentes filières.

Gelé *et al.*, débutent ce dossier par une présentation du programme dans ses différents volets, depuis la détermination des élevages et animaux à suivre jusqu'à la collecte et la conservation d'échantillons (de lait et de sang), en passant par l'enregistrement en routine des spectres MIR, des conditions d'alimentation, le prélèvement d'échantillons de sang puis, plus tard, le génotypage sur des puces pangénomiques. Cet article développe plus particulièrement la méthodologie mise en place pour déterminer la composition du lait en acides gras et protéines à partir de spectres MIR. Enfin, il dresse un bilan des données collectées, permettant d'actualiser les références sur la caractérisation des troupeaux, des femelles laitières, des régimes alimentaires, et du profil des laits produits dans les trois filières laitières françaises.

Legarto *et al.*, présentent ensuite les résultats relatifs à l'influence des facteurs physiologiques (stade de lactation...), alimentaires (à travers des typologies de systèmes d'alimentation), raciaux et saisonniers, sur les profils en acides gras. Ces résultats mettent en évidence de nombreuses sources de variation de la composition du lait qui pourront être exploitées à différentes échelles : animal, troupeau et bassin de collecte.

Enfin, Boichard *et al.*, présentent une synthèse de l'analyse du déterminisme génétique des acides gras d'une part et des protéines d'autre part. Cette synthèse aborde les estimations de paramètres génétiques tels que l'héritabilité et les corrélations génétiques entre caractères de composition fine entre eux, et avec les caractères de production. Ces résultats permettent en particulier de définir les potentialités de sélection ainsi que les liaisons génétiques à considérer. Ces analyses ont aussi permis de mesurer l'importance du choix de l'unité d'expression des teneurs (en pourcentage de la matière grasse ou protéique, ou en pourcentage dans le lait). Dans une dernière partie, cet article présente les analyses de détection de QTL avec une analyse des co-localisations entre races, entre composants et avec des gènes majeurs connus.

Mickaël Brochard
Institut de l'Elevage
Chef du service Gestion
et Sélection des Populations

Koenraad Duhem
Institut de l'Elevage
Directeur Scientifique et des Affaires
Européennes, Chef du département
Qualité des Elevages et des Produits

Didier Boichard
Inra, UMR Génétique Animale
et Biologie Intégrative
Directeur de Recherche
Responsable de l'équipe
Génétique et génomique bovine

Références

Boichard D., Govignon-Gion A., Larroque H., Maroteau C., Palhière I., Tosser-Klopp G., Rupp R., Sanchez M.P., Brochard M., 2014. Déterminisme génétique de la composition en acides gras et protéines du lait des ruminants. In : *PhénoFinlait* : Phénotypage et génotypage pour la compréhension et la maîtrise de la composition fine du lait. Brochard M., Boichard D., Brunschwig P., Peyraud J.L. (Eds). Dossier, INRA Prod. Anim., 27, 283-298.

Chilliard Y., Glasser F., Ferlay A., Bernard L., Rouel J., Doreau M., 2007. Diet, rumen biohydrogenation, cow and goat milk fat nutritional quality: a review. *Eur. J. Lipid Sci. Technol.*, 109, 828-855.

Cniel, 2011. Lait, produits laitiers et société : France 2025 – Prospective collective. Note de synthèse sur les évolutions probables, juillet 2011.

Couvreur S., Hurtaud C., Marnet P.G., Faverdin P., Peyraud J.L., 2007. Composition of milk fat from cows selected for milk fat globule size and offered either fresh pasture or a corn silage-based diet. *J. Dairy Sci.*, 90, 392-403.

Gelé M., Minery S., Astruc J.M., Brunshwig P., Ferrand M., Lagriffoul G., Larroque H., Legarto J., Martin P., Miranda G., Palhière I., Trossat P., Brochard M., 2014. Phénotypage et génotypage à grande échelle de la composition fine des laits dans les filières bovine, ovine et caprine. In : *PhénoFinlait* : Phénotypage et génotypage pour la compréhension et la maîtrise de la composition fine du lait. Brochard M., Boichard D., Brunshwig P., Peyraud J.L. (Eds). Dossier, INRA Prod. Anim., 27, 255-268.

Grosclaude F., Mahé M.F., Brignon G., Di Stasio L., Jeunet R., 1987. A Mendelian polymorphism underlying quantitative variations of goat α S1-casein. Génét. Sel. Evol., 19, 399-412.

Grosclaude F., 1988. Le polymorphisme génétique des principales lactoprotéines bovines. Relations avec la quantité, la composition et les aptitudes fromagères du lait. INRA Prod. Anim., 1, 5-17.

Hocquette J.F., Capel C., David V., Guemene D., Bidanel J., Barbezant M., Gastinel P.L., Le Bail P.Y., Monget P., Mormede P., Peyraud J.L., Ponsart C., Guillou F., 2011. Les objectifs et les applications d'un réseau organisé de phénotypage pour les animaux d'élevage. Renc. Rech. Rum., 18, 327-334.

Hurtaud C., Peyraud J.L., 2007. Effects of feeding camelina (seeds or meal) on milk fatty acid composition and butter spreadability. J. Dairy Sci., 90, 5134-5145.

Le Bihan-Duval E., Talon R., Brochard M., Gautron J., Lefevre F., Larzul C., Baeza E., Hocquette J.F., 2014. Le phénotypage de la qualité des produits : enjeux de société, scientifiques et techniques. In : Phénotypage des animaux d'élevage. Phocas F. (Ed). Dossier, INRA Prod. Anim., 27, 223-234.

Legarto L., 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. In : *PhénoFinlait* : Phénotypage et génotypage pour la compréhension et la maîtrise de la composition fine du lait. Brochard M., Boichard D., Brunshwig P., Peyraud J.L. (Eds). Dossier, INRA Prod. Anim., 27, 269-282.

Lucas A., Rock E., Chamba J.F., Verdier-Metz I., Brachet P., Coulon J.B., 2006. Respective effects of milk composition and the cheese-making process on cheese compositional variability in components of nutritional interest. Lait, 86, 21-41.

Robert-Granié C., Legarra A., Ducrocq V., 2011. Principes de base de la sélection génomique. In : Numéro spécial, Amélioration génétique. Mulsant P., Bodin L., Coudurier B., Deretz S., Le Roy P., Quillet E., Perez J.M. (Eds). INRA Prod. Anim., 24, 331-340.

Soyeurt H., Dardenne P., Dehareng F., Lognay G., Veselko G., Marlier M., Bertozzi C., Mayeres P., Gengler N., 2006. Estimating fatty acid content in cow milk using mid-infrared spectrometry. J. Dairy Sci., 89, 3690-3695.