



---

# **EFFETS DE PROBIOTIQUES DU GENRE BACILLUS SUR LE PROFIL EN ACIDES GRAS À CHAÎNE RAMIFIÉE DES MATIÈRES GRASSES DU LAIT CHEZ LA VACHE - ESSAI PRÉLIMINAIRE**

---

## **RAPPORT FINAL**

**Rédigé par:**

**Daniel Rico, Ph.D., CRSAD**

**En collaboration avec :**

**Jérôme Lamontagne, étudiant, Université Laval**

**Claudia M. Perdomo, étudiante stagiaire, CRSAD**

**Jennifer Ronholm, Ph.D., McGill University**

**Rachel Gervais, agr. Ph.D., Université Laval**

**Yvan Chouinard, agr. Ph.D, Université Laval**

**Février 2019**



Ce projet a été financé en partie par le ministère de l'Agriculture, des Pêcheries et de l'Alimentation, dans le cadre du Programme d'appui au développement de l'agriculture et de l'Agroalimentaire en région.

Québec 

# TABLE DES MATIÈRES

Pages

INTRODUCTION .....	1
2 MÉTHODOLOGIE .....	3
3 MICROBIOLOGIE .....	3
3.1 Échantillonnage du contenu ruminal.....	3
3.2 Nettoyage de séquences et analyse de données.....	4
4 RÉSULTATS .....	5
4.1 Composition en acides gras du lait.....	6
4.2 Diversité de la communauté bactérienne.....	7
4.3 Analyse du microbiote du supplement probiotique .....	7
4.4 Analyse du microbiote ruminal.....	9
CONCLUSIONS .....	13
RÉFÉRENCES .....	14
ANNEXE 1 .....	16

## LISTE DES TABLEAUX ET FIGURES

	Pages
Tableau 1. Consommation volontaire de matière sèche (CVMS), production et composition du lait .....	5
Tableau 2. Profil en acides gras du le lait.....	16
Figure 1: Effets des traitements sur le profil en acides gras du lait. AGCR = Acides gras à chaîne ramifiée. AGCI = Acides gras à chaîne impaire. ....	6
Figure 2 : Abondance relative des différents phyla identifiés dans les produits offerts aux vaches, Prolac (témoin), Bioplus (traitement). ....	7
Figure 3 : Abondance relative des différents genres identifiés dans le supplement probiotique (Bioplus B2) . ....	8
Figure 4 : Abondance relative des différents phyla identifiés dans le rumen des vaches recevant Prolac (T), Bioplus (B). ....	9
Figure 5 : Valeurs de diversité alpha au niveau du genre pour des vaches recevant Bioplus B2 (B) ou Témoin (T). $P = 0,47$ . ....	10
Figure 6 : Phylum taxonomic level, weighted Unifrac distance .....	11
Figure 7 : Genus taxonomic level, weighted Unifrac distance .....	11
Figure 8 : Le graphique à barres montre le score ADL des traitements (B) Bioplus B2 et Témoin (T), les différences significatives sont définies comme $P < 0,05$ .....	12

## INTRODUCTION

De nombreuses preuves scientifiques démontrent aujourd'hui, contrairement à la croyance populaire, que la consommation de graisses laitières est associée à un risque plus faible de maladie cardiovasculaire (Elwood et al., 2008; Yamagishi et al., 2010), de syndrome métabolique (Chen et al., 2015) et en particulier de diabète (Yakoob et al., 2016). Cependant, étant donné la grande diversité d'acides gras (AG) présents dans les matières grasses laitières (près de 400; Jensen, 2002), il est difficile d'identifier ceux qui pourraient expliquer ces résultats positifs pour la santé. Les acides gras à chaîne ramifiée (AGCR) sont des composants alimentaires bioactifs qui constituent environ 2 % des matières grasses laitières chez la vache (Kuzdzal-Savoie, 1964; Ran-Ressler et al., 2014; Vlaeminck et al., 2006). Les propriétés anticancérigènes de l'acide gras iso 15:0, un AGCR, sont similaires à celle de l'acide linoléique conjugué, un anticarcinogène très puissant trouvé dans les matières grasses du lait provenant des ruminants (Wongtangintharn et al., 2004). De plus, l'iso 15:0 a inhibé la croissance *in vitro* et *in vivo* de diverses lignées cellulaires cancéreuses en induisant l'apoptose sans effets secondaires toxiques (Yang et al., 2000). Les AGCR sont aussi impliqués dans la prévention de l'entérocolite nécrosante chez le nouveau-né prématuré (Ran-Ressler et al., 2008 et 2011).

Les AGCR sont produits par les microorganismes du rumen, pour lesquels ils constituent une part importante des membranes cellulaires. Une fois synthétisés dans le rumen, ces acides gras sont absorbés dans l'intestin, acheminés à la glande mammaire et incorporés

dans les matières grasses du lait (Fievez et al., 2012; Baumann et al., 2016). Les produits laitiers constituent ainsi la source principale des AGCR dans notre alimentation (Ran-Ressler et al., 2014). Nos travaux de recherche en collaboration avec le Département des sciences animales de l'Université Laval ont par ailleurs montré que l'alimentation de la vache influence la composition en AGCR du lait (Baumann et al., 2016). Vu les effets bénéfiques associés à ces acides gras laitiers, les efforts de recherche doivent se poursuivre afin d'identifier les stratégies d'alimentation de la vache qui maximisent les concentrations de ces acides gras aux vertus récemment mises en lumière. Il est déjà établi que l'ajout de bactéries du genre *Bacillus* dans l'alimentation de la vache améliore la digestion de la fibre. Fait intéressant, ces bactéries sont aussi réputées pour leurs hautes teneurs en AGCR (Kaneda, 1991). Néanmoins, l'effet de ces probiotiques sur le profil en AGCR du lait n'a pas encore été évalué.

Pour cet essai préliminaire, nous émettons l'hypothèse que la croissance des bactéries du genre *Bacillus* dans le rumen, favorisée par leur ajout dans la ration sous forme d'un supplément probiotique, augmenterait la production ruminale d'AGCR et leur incorporation subséquente dans les matières grasses du lait. Si cette hypothèse s'avère, l'utilisation de probiotiques pourrait représenter une manière peu coûteuse d'enrichir les matières grasses du lait en AGCR afin d'augmenter leurs apports dans notre alimentation.

## **2 MÉTHODES**

Six vaches Holstein porteuses d'une fistule ruminale ont été utilisées dans un dispositif en carré latin 2 x 2 avec deux périodes de 14 jours séparées par une période de repos de 7 jours afin de minimiser les possibles effets résiduels. Toutes les vaches ont reçu la ration régulière du troupeau. Les probiotiques (BioPlus 2B®) leur ont été offerts au taux de 200 g/j. Le probiotique a été inséré directement dans le rumen à travers la fistule afin d'assurer que la dose exacte du produit est administrée à toutes les vaches. Des échantillons de lait (40 ml ; 2 fois par jour), de fluide ruminal (50 ml) et de digesta ruminal (200 g) ont été prélevés aux jours 0 et 14 de chaque période et 7 jours après, afin d'évaluer la composition du lait, le pH ruminal, les acides gras volatils et la composition du microbiote (analyses de séquençage). Le profil en AGCR a été déterminé par chromatographie en phase gazeuse.

## **3 Microbiologie**

### ***3.1 Échantillonnage du contenu ruminal***

Pour l'analyse microbiologique, des échantillons de contenu ruminal ont été prélevés en double à 5 reprises, aux temps 0, 1, 2, 4 et 6 h après le repas.

L'ADN microbien a été extrait à l'aide d'un kit QIAamp DNA Stool Mini adapté aux échantillons de contenu ruminal (Rico et al., 2015). La région V3-V4 du gène de l'ARN ribosomal 16S des bactéries a été amplifiée par PCR à l'aide des amorces F548 (5 '-



identifiant individuel - GTGCCAGCMGCCGCGGTAA - 3') et R806 (5'- GGACTACHVGGGTWTCTAAT - 3').

### **3.2 Nettoyage des séquences et analyse des données.**

Le programme Mothur v.1.40.5 a été utilisé pour traiter les échantillons (Schloss et al., 2009), les séquences d'extrémité appariées ont été combinées pour former des contigs et les séquences de qualité médiocre ont été éliminées (par exemple, les séquences avec des paires de base ambiguës, les homopolymères supérieurs à 8 pb, les séquences inférieures à 275 pb). La base de données d'alignement de référence du gène ARNr SILVA 16S v102 (Pruesse et al., 2007) a été utilisée pour détecter l'alignement avec la région appropriée. Un groupe précédent (difs = 2) a été réalisé pour réduire l'erreur et les chimères ont été détectées et éliminées (UCHIME; Edgar et al., 2011). La base de données (Silva.bacteria) a été utilisée pour classier les séquences avec une valeur limite de départ de 80. Les séquences classées en cyanobactéries, mitochondries, eucaryas ou archées ont été éliminées.

## 4 Résultats

**Tableau 1.** Consommation de matière sèche (DMI), la production de lait et la composition du lait

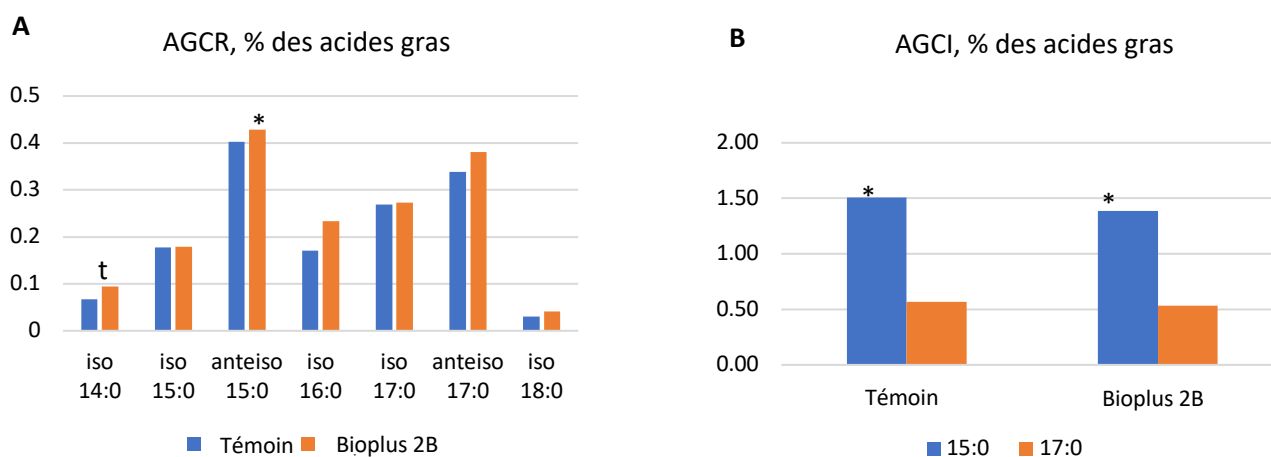
Item	Témoin	Bioplus-2B	Erreur type	Valeur-P
<b>Prise alimentaire, kg/j</b>	23.88	23.87	0.39	0.97
<b>Production de lait, kg/j</b>				
<b>Réelle</b>	30.23	29.99	0.63	0.79
<b>Corrigée à 4% de gras<sup>1</sup></b>	30.10	29.80	0.49	0.72
<b>Corrigée pour l'énergie<sup>2</sup></b>	29.90	29.67	0.57	0.82
<b>Gras latière</b>				
<b>Concentration, %</b>	3.94	3.93	0.11	0.88
<b>Production, kg/j</b>	1.19	1.18	0.03	0.83
<b>Protéine</b>				
<b>Concentration, %</b>	3.57	3.55	0.03	0.81
<b>Production, kg/j</b>	1.08	1.07	0.02	0.53
<b>Lactose</b>				
<b>Teneur, %</b>	4.61	4.57	0.03	0.20
<b>Production, kg/j</b>	1.39	1.37	0.03	0.57
<b>Urée, mg/dL</b>	11.87	14.03	0.72	0.08
<b>Céllules somatiques, '000/mL</b>	44.93	42.15	7.20	0.56

<sup>1</sup>= [0.4 × prod. lait (kg/j)] + [15 × prod. gras (kg/j)].

<sup>2</sup>= [0.327 × prod. lait (kg/j)] + [12.95 × prod. gras (kg/j)] + [7.2 × prod. protéine (kg/j)].

La prise alimentaire et la production laitière étaient similaires entre les traitements ( $P > 0,79$ ). La concentration d'urée du lait avait tendance à être plus élevée dans le lait des vaches ayant reçu le supplément probiotique (+18%;  $P = 0,08$ ). Le lait corrigé par gras à 4 % et le lait corrigé par teneur en énergie n'ont pas varié entre les traitements.

#### 4.1 Composition des lipides du lait



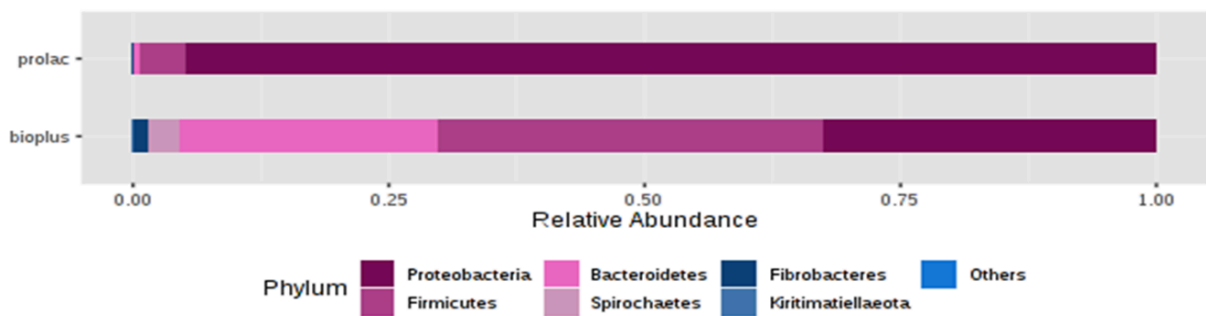
**Figure 1:** Effets des traitements sur le profil en acides gras du lait. AGCR = Acides gras à chaîne ramifiée. AGCI = Acides gras à chaîne impaire. \* = différence statistiquement significative ( $P < 0,05$ ), t = tendance ( $P < 0,10$ ).

Des différences ont été observées pour les acides gras à chaîne ramifiée (AGCR) suite au traitement Bioplus (Figure 1-A), anteiso: 15:0 (augmentation de 6 %;  $P = 0,04$ ), iso 14:0 (augmentation de 41 %;  $P = 0,08$ ) étant plus élevés pour le groupe Bioplus que pour le groupe témoin (Tableau 1; Annexe 1). Par contre, 15:0 a été diminué par le traitement Bioplus par rapport au témoin (Figure 1-B).

## 4.2 Diversité de la communauté bactérienne.

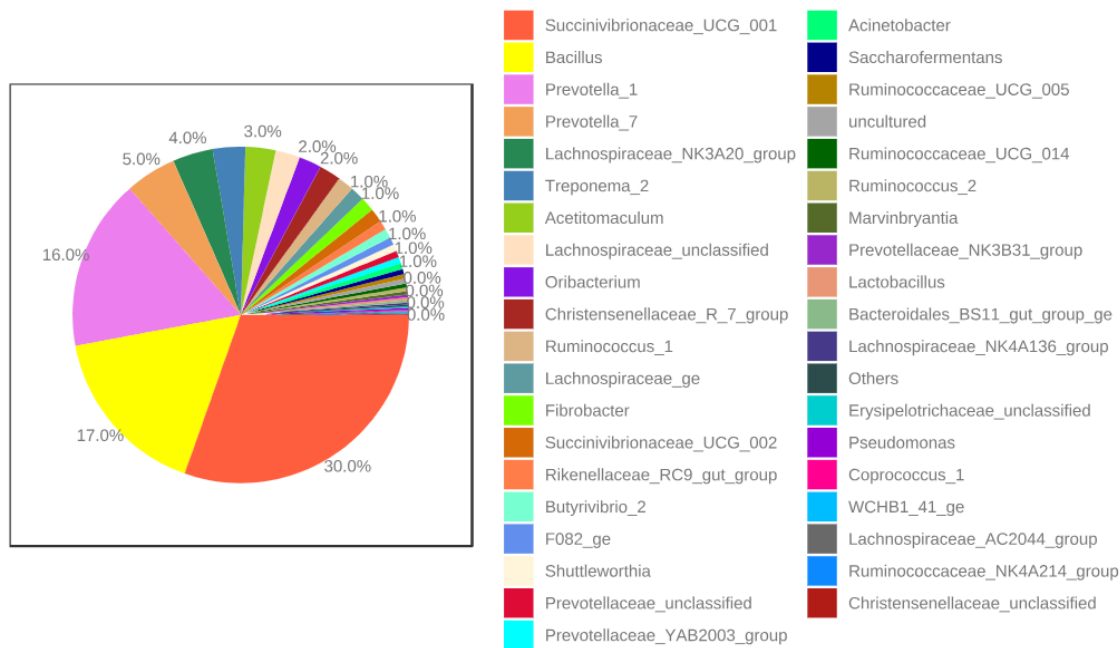
Dans cette étude, l'analyse de la séquence du gène de l'ARNr 16S à partir des échantillons ruminants des 6 vaches échantillonnées a généré un total de 8582781 séquences de qualité avec une moyenne de 87579 séquences par échantillon. Le nombre total d'UTO (unités taxonomiques opérationnelles; équivalent de l'espèce) détectées par l'analyse était de 25067. Pour évaluer si notre effort d'échantillonnage fournissait une couverture suffisante en UTO pour décrire avec précision la composition bactérienne de chaque région, des courbes de raréfaction ont été générées.

## 4.3 Analyse de composition du microbiote du probiotique



**Figure 2 :** Abondance relative des différents phyla identifiés dans les produits donnés aux vaches, Prolac (témoin), Bioplus (traitement).

Les phyla dominants dans Bioplus B2 étaient *Firmicutes* (37 %), *Protéobacteria* (32 %), et *Bacteroidetes* (25 % ; Figure 2). Les phyla dominants dans le produit témoin (Prolac) étaient *Proteobacteria* (94%) et *Firmicutes* (4 %). Ces résultats indiquent que le Bioplus B2 était effectivement une source plus importante de *Firmicutes* par rapport au témoin.



**Figure 3** : Abondance relative des différents genres identifiés dans le probiotique (Bioplus B2) donné aux vaches.

Il est important de noter que les bactéries du genre *Bacillus* appartiennent au groupe des *Firmicutes*. Nous avons pu constater que les bactéries du genre *Bacillus* représentaient 17 % des genres détectés dans le produit Bioplus 2B (Figure 3). Par contre, tel que prévu, le genre *Bacillus* n'a pas été détecté dans le produit témoin.

#### 4.4 Analyse du microbiote ruminal

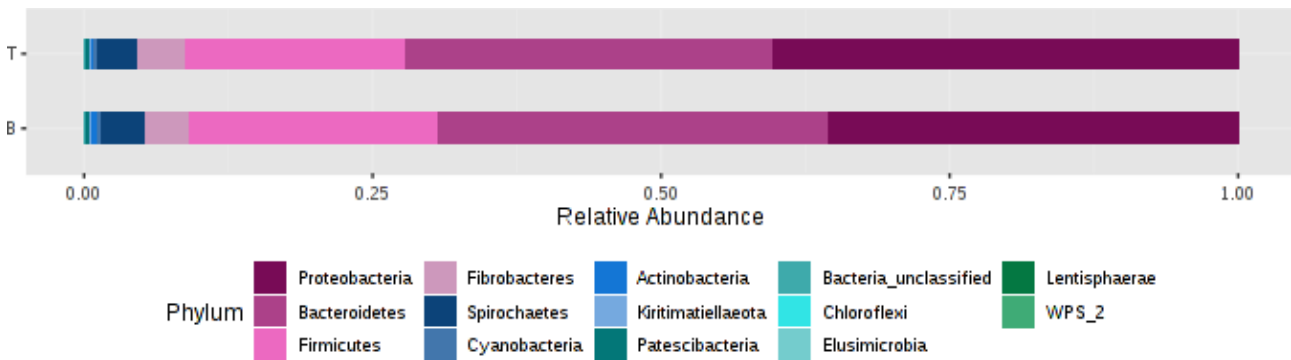
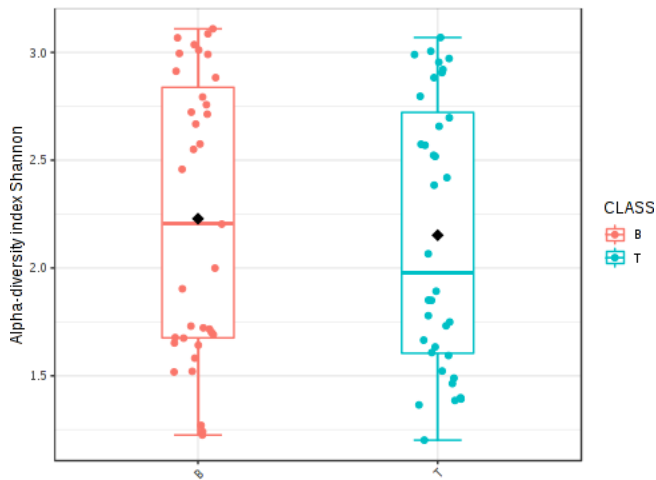


Figure 4 : Abondance relative des différents phyla identifiés dans le rumen des vaches recevant Prolac (T), Bioplus (B).

Pour tous les échantillons, 14 phyla ont été détectés au total (Figure 4). Parmi ceux-ci figuraient *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, et *Proteobacteria*, en tant que phyla dominants, leur proportions étant similaires entre les deux groupes.

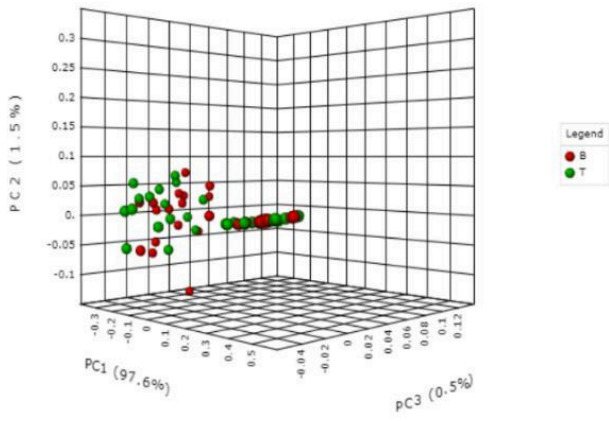
Cent-deux (102) taxons ont été identifiés au niveau du genre, *Prevotella* et *Succinivibrionaceae* L'UCG 001 constituant entre 24 et 25 % et entre 33 et 38 % des séquences totales, respectivement. Le test de Kruskal-Wallis a été utilisé pour effectuer une analyse non paramétrique de l'abondance des taxons. Un taux de fausse découverte (TFD) a été utilisé pour corriger l'effet de comparaisons multiples simultanées. Aucune différence significative entre les traitements n'a été trouvée, ni au niveau du phylum, des classes, ou des familles. Aucune présence de *Bacillus* n'a été détectée.

L'analyse de la diversité alpha par la mesure de l'indice de Shannon, a permis d'établir que les traitements n'ont pas affecté de façon significative la diversité au niveau du genre dans le rumen (Figure 5 ;  $P = 0,47$  test de Mann-Whitney).

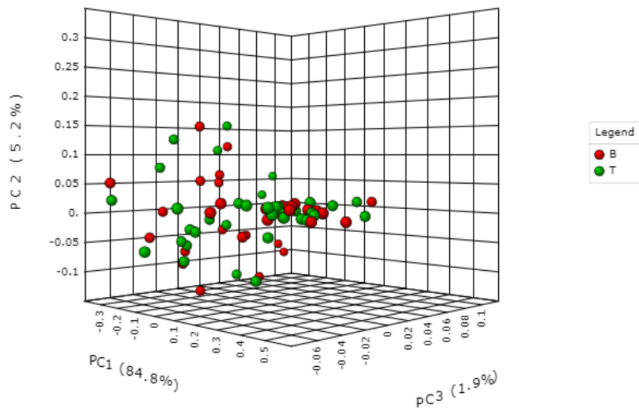


**Figure 5** : Valeurs de diversité alpha au niveau du genre pour des vaches recevant Bioplus B2 (B) ou Témoin (T).  $P = 0,47$ .

Afin de visualiser les différences globales de diversité bêta entre les profils de microbiote ruminal des deux groupes de traitements, nous avons effectué l'analyse des coordonnées principales (PCoA) des distances UniFrac pondérées (Figure 6). Chaque point représente la communauté bactérienne totale dans un échantillon et chaque couleur représente un traitement différent. Un groupement plus étroit entre les points indique une similarité relative plus grande en ce qui concerne la communauté bactérienne (plus de taxons bactériens en commun). Par contre, les distances plus grandes entre les points indiquent une similarité relative plus faible entre les taxons bactériens. Dans cette étude, la métrique de distance pondérée générée par UniFrac n'a montré aucune différence significative en termes de diversité bêta entre le Bioplus 2B et le témoin au niveau de Phylum (Figure 6 ;  $P < 0,41$ ) et genre (Figure 7 ;  $P < 0,471$  par analyse Permanova).



**Figure 6 :** Phylum taxonomic level, weighted Unifrac distance



**Figure 7 :** Genus taxonomic level, weighted Unifrac distance



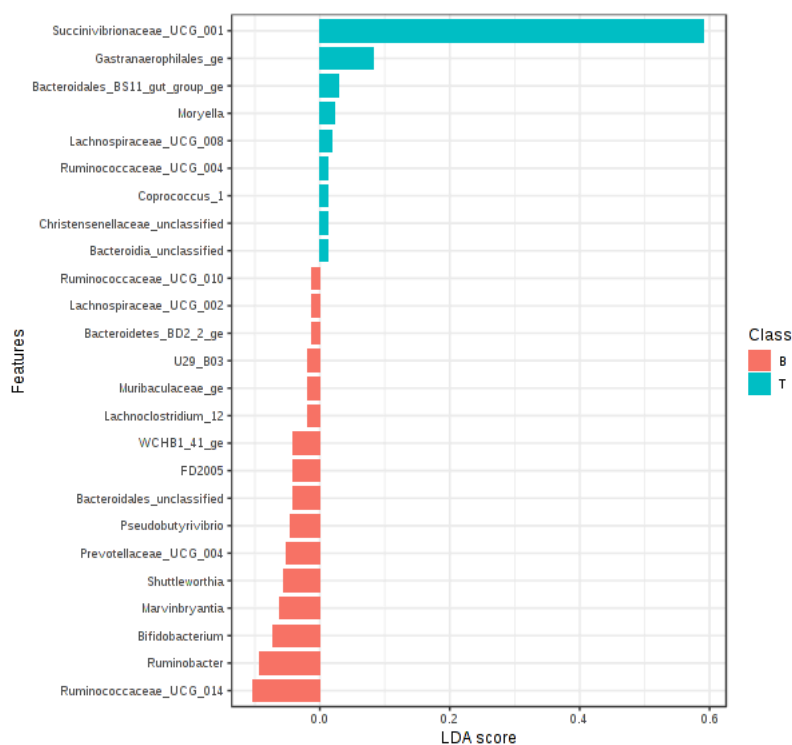


Figure 8 : Le graphique à barres montre le score ADL des traitements (B) Bioplus B2 et Témoin (T), les différences significatives sont définies comme  $P < 0,05$

D'après le test non paramétrique de Kruskal-Wallis, trois taxons ont été significativement plus abondants pour le traitement Bioplus 2B, soit *Lachnospiraceae* ( $P = 0,01$ ), *Ruminococcaceae* UCG 014 ( $P = 0,04$ ) et *Marvinbryantia* ( $P = 0,047$ ). Afin d'identifier des biomarqueurs de chaque traitement, l'analyse discriminante linéaire [ADL] a été utilisée (Figure 8). Les différences significatives ont été considérées d'après un seuil de valeur ( $P < 0,05$ ). Les résultats ont montré que certains genres aident à différencier les deux groupes, mais la magnitude de la différence dans l'échelle logarithmique est inférieure à 1.0 pour tous les taxons identifiés, ce qui suggère que les différences ont une faible importance en tant que marqueurs.

## CONCLUSIONS

L'ajout du supplément probiotique n'a eu aucun effet sur la prise alimentaire ni sur les performances de production des vaches laitières en lactation. Malgré la présence de bactéries appartenant au genre *Bacillus* dans le produit probiotique administré aux vaches, aucun bacille n'a été détecté dans le contenu du rumen de vaches laitières recevant un tel supplément. Cependant, certains changements dans le profil des acides gras du lait ont été détectés, car le traitement probiotique augmentait le nombre d'acides gras à chaîne ramifiée par rapport au contrôle. L'ampleur des changements relatifs au témoin variait entre 6 et 41 %. À la lumière de ces résultats, il est possible de conclure que le probiotique utilisé dans cette expérience a le potentiel de modifier le profil en acides gras du lait, résultant en une concentration accrue en acides gras qui ont des effets potentiels bénéfiques sur la santé humaine. Couplé à d'autres stratégies, l'ajout de probiotiques de *Bacillus* à la ration permettrait de produire un lait enrichi en AGCR.

## RÉFÉRENCES

Baumann E., Chouinard P.Y., Lebeuf Y., Rico D.E., Gervais R. 2016. Effect of lipid supplementation on milk odd- and branched-chain fatty acids in dairy cows. *J. Dairy Sci.*, 99: 6311-6323.

Chen, G. C., Szeto, I. M., Chen, L. H., Han, S. F., Li, Y. J., Van Hekezen, R., et Qin, L. Q. 2015. Dairy products consumption and metabolic syndrome in adults: systematic review and meta-analysis of observational studies. *Scientific reports*, 5, 14606.

Edgar, R. C., Haas, B. J., Clemente, J. C., Quince, C., & Knight, R. 2011. UCHIME improves sensitivity and speed of chimera detection. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 27(16), 2194-200.

Elwood, P. C., Givens, D. I., Beswick, A. D., Fehily, A. M., Pickering, J. E., & Gallacher, J. 2008. The survival advantage of milk and dairy consumption: an overview of evidence from cohort studies of vascular diseases, diabetes and cancer. *Journal of the American College of Nutrition*, 27(6), 723S-734S.

Fievez, V., E. Colman, J. M. Castro-Montoya, I. Stefanov, and B. Vlaeminck. 2012. Milk odd- and branched-chain fatty acids as biomarkers of rumen function? An update. *Anim. Feed Sci. Technol.* 172:51-65.

Jensen, R. G. 2002. The composition of bovine milk lipids: January 1995 to December 2000. *Journal of dairy science*, 85(2), 295-350.

Kaneda T. 1991. Iso- and anteiso-fatty acids in bacteria: biosynthesis, function, and taxonomic significance. *Microbiological Reviews*.55:288-302.

Kuzdzal-Savoie, S. 1964. Étude comparée des acides gras ramifiés des aliments et du lait, chez la vache. In *Annales de Biologie Animale Biochimie Biophysique*(Vol. 4, No. 3, pp. 287-295). EDP Sciences.

Pruesse, E., Quast, C., Knittel, K., Fuchs, B. M., Ludwig, W., Peplies, J., & Glöckner, F. O. 2007. SILVA: a comprehensive online resource for quality checked and aligned ribosomal RNA sequence data compatible with ARB. *Nucleic acids research*, 35(21), 7188-96.

Ran-Ressler, R. R., Bae, S., Lawrence, P., Wang, D. H., & Brenna, J. T. 2014. Branched-chain fatty acid content of foods and estimated intake in the USA. *British Journal of Nutrition*, 112(4), 565-572.

Ran-Ressler, R. R., Khailova, L., Arganbright, K. M., Adkins-Rieck, C. K., Jouni, Z. E., Koren, O., et Dvorak, B. 2011. Branched chain fatty acids reduce the incidence of

necrotizing enterocolitis and alter gastrointestinal microbial ecology in a neonatal rat model. *PloS one*, 6(12), e29032.

Ran-Ressler, R. R., Devapatla, S., Lawrence, P., & Brenna, J. T. 2008. Branched chain fatty acids are constituents of the normal healthy newborn gastrointestinal tract. *Pediatric research*, 64(6), 605.

Rico, D., Preston, S., Risser, J., & Harvatine, K. (2015). Rapid changes in key ruminal microbial populations during the induction of and recovery from diet-induced milk fat depression in dairy cows. *British Journal of Nutrition*, 114(03), 358-367. doi: 10.1017/s0007114515001865.

Schloss PD, Westcott SL, Ryabin T, Hall JR, Hartmann M, Hollister EB, Lesniewski RA, Oakley BB, Parks DH, Robinson CJ, Sahl JW, Stres B, Thallinger GG, Van Horn DJ, Weber CF. 2009. Introducing mothur: opensource, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities. *Appl Environ Microbiol* 75:7537–7541. <https://doi.org/10.1128/AEM.01541-09>

Vlaeminck, B., Fievez, V., Cabrita, A.R.J., Fonseca, A.J.M., Dewhurst, R.J., 2006a. Factors affecting odd- and branched-chain fatty acids in milk: a review. *Anim. Feed Sci. Technol.* 131, 389-417.

Wongtangtintharn, S., Oku, H., Iwasaki, H., et TODA, T. 2004. Effect of branched-chain fatty acids on fatty acid biosynthesis of human breast cancer cells. *Journal of Nutritional Science and Vitaminology*, 50(2), 137-143.

Yakoob, M. Y., Shi, P., Willett, W. C., Rexrode, K. M., Campos, H., Orav, E. J., et Mozafarian, D. 2016. Circulating biomarkers of dairy fat and risk of incident diabetes mellitus among US men and women in two large prospective cohorts. *Circulation*. 133:1645-1654

Yang, Z., Liu, S., Chen, X., Chen, H., Huang, M., et Zheng, J. 2000. Induction of apoptotic cell death and in vivo growth inhibition of human cancer cells by a saturated branched-chain fatty acid, 13-methyltetradecanoic acid. *Cancer research*, 60(3), 505-509.

Yamagishi K. et al., 2010. Dietary intake of saturated fatty acids and mortality from cardiovascular disease in Japanese: the Japan Collaborative Cohort Study for Evaluation of Cancer Risk (JACC) Study?. *The American journal of clinical nutrition*, 92(4), 759-765.

Yu Z & Morrison M (2004) Improved extraction of PCR quality community DNA from digesta and fecal samples. *Biotechniques* 36, 808812.

## ANNEXE 1.

**Tableau 2.** Profil des acides gras dans le lait des vaches recevant une dose de probiotique de BioPlus 2B

Item, %	Control	Bioplus 2B	SEM	P-Value
4:0	1.950	2.034	0.071	0.42
6:0	1.283	1.343	0.045	0.40
8:0	0.836	0.874	0.030	0.40
10:0	2.286	2.402	0.070	0.26
10:1	0.247	0.258	0.007	0.34
11:0	0.098	0.091	0.007	0.27
12:0	3.116	3.236	0.069	0.11
<i>iso</i> 13:0	0.027	0.027	0.002	0.96
<i>anteiso</i> 13:0	0.011	0.014	0.001	0.01
12:1	0.112	0.114	0.002	0.49
13:0				
<i>iso</i> 14:0	0.067	0.095	0.010	0.08
14:0	10.373	10.448	0.123	0.55
<i>cis</i> -9 14:1	1.180	1.170	0.019	0.25
<i>cis</i> -11 14:1	0.067	0.068	0.002	0.75
<i>iso</i> 15:0	0.177	0.179	0.007	0.78
<i>anteiso</i> 15:0	0.403	0.429	0.008	0.04
15:0	1.505	1.388	0.081	0.14

<i>iso 16:0</i>	0.171	0.234	0.030	0.14
<b>16:0</b>	27.719	27.754	0.228	0.92
<i>trans-9 16:1</i>	0.025	0.026	0.001	0.54
<i>cis-9 16:1</i>	1.521	1.478	0.031	0.20
<i>cis-11 16:1</i>	0.035	0.035	0.001	0.99
<i>cis-13 16:1</i>	0.240	0.240	0.003	1.00
<i>iso 17:0<sup>1</sup></i>	0.269	0.273	0.007	0.68
<i>anteiso 17:0</i>	0.339	0.381	0.023	0.25
<b>17:0</b>	0.568	0.535	0.020	0.20
<i>cis-7 17:0</i>	0.038	0.037	0.003	0.80
<i>cis-8 17:1</i>	0.022	0.015	0.003	0.14
<i>cis-9 17:1</i>	0.226	0.214	0.008	0.30
<i>iso 18:0</i>	0.030	0.041	0.004	0.17
<b>18:0</b>	4.894	4.824	0.113	0.74
<i>trans-4 18:1</i>	0.012	0.011	0.001	0.56
<i>trans-5 18:1</i>	0.012	0.011	0.001	0.70
<i>trans-6-8 18:1</i>	0.150	0.145	0.006	0.48
<i>trans-9 18:1</i>	0.126	0.129	0.011	0.66
<i>trans-10 18:1</i>	0.185	0.223	0.023	0.40
<i>trans-11 18:1</i>	0.345	0.283	0.035	0.26
<i>trans-12 18:1</i>	0.154	0.168	0.020	0.50
<i>trans-13-14 18:1</i>	0.267	0.286	0.022	0.58
<i>trans-15 18:1</i>	0.175	0.170	0.003	0.34

<i>trans</i> -16 18:1	0.179	0.172	0.006	0.56
<i>cis</i> -6-8 18:1	0.139	0.124	0.021	0.55
<i>cis</i> -9-10 18:1	12.810	12.427	0.369	0.54
<i>cis</i> -11 18:1	0.605	0.506	0.049	0.18
<i>cis</i> -12 18:1	0.198	0.196	0.006	0.82
<i>cis</i> -13 18:1	0.048	0.042	0.002	0.04
<i>cis</i> -14 18:1	0.029	0.027	0.001	0.53
<i>cis</i> -15 18:1	0.028	0.029	0.002	0.70
<i>cis</i> -9, <i>trans</i> -12 18:2	0.046	0.042	0.002	0.31
<i>trans</i> -9, <i>trans</i> -12 18:2	0.009	0.007	0.001	0.22
<i>cis</i> -9, <i>trans</i> -13 18:2	0.305	0.283	0.021	0.32
<i>trans</i> -8, <i>cis</i> -13 18:2	0.079	0.075	0.005	0.71
<i>trans</i> -9, <i>cis</i> -12 18:2	0.022	0.021	0.002	0.83
<i>trans</i> -11, <i>cis</i> -15 18:2	0.032	0.030	0.002	0.53
<i>cis</i> -9, 12 18:2	1.136	1.088	0.040	0.50
<i>cis</i> -9, <i>trans</i> -11 18:2	0.193	0.189	0.007	0.69
<i>trans</i> -10, <i>cis</i> -12 18:2	0.024	0.022	0.001	0.44
<i>cis</i> -9, 12, 15 18:3	0.355	0.345	0.015	0.65
<i>cis</i> -6, 9, 12 18:3	0.032	0.031	0.001	0.86
<i>cis</i> -9, <i>trans</i> -11, <i>cis</i> -15 18:3	0.016	0.019	0.001	0.12
<i>cis</i> -6, 9, 12, 15 18:4	0.028	0.025	0.003	0.40
19:0	0.091	0.087	0.007	0.74

<b>20:0</b>	0.091	0.086	0.002	0.24
<b><i>cis</i>-9 20:1</b>	0.084	0.081	0.002	0.24
<b><i>cis</i>-11 20:1</b>	0.019	0.020	0.001	0.17
<b><i>cis</i>-11, 14 20:2</b>	0.027	0.028	0.002	0.57
<b><i>cis</i>-11, 14, 17 20:3</b>	0.009	0.009	0.001	0.86
<b><i>cis</i>-8, 11, 14 20:3</b>	0.082	0.086	0.003	0.40
<b><i>cis</i>-8, 11, 14, 17 20:4</b>	0.008	0.009	0.000	0.15
<b><i>cis</i>-5, 8, 11, 14 20:4</b>	0.135	0.139	0.003	0.49
<b><i>cis</i>-5, 8, 11, 14, 17 20:5</b>	0.043	0.042	0.001	0.47
<b>22:0</b>	0.032	0.031	0.001	0.45
<b><i>cis</i>-13 22:1</b>	0.008	0.007	0.001	0.67
<b><i>cis</i>-13, 16 22:2</b>	0.014	0.013	0.001	0.66
<b><i>cis</i>-13, 16, 19 22:3</b>	0.008	0.009	0.001	0.80
<b><i>cis</i>-7, 10, 13, 16 22:4</b>	0.026	0.025	0.002	0.59
<b><i>cis</i>-7, 10, 13, 16, 19 22:5</b>	0.048	0.051	0.002	0.11
<b><i>cis</i>-4, 7, 10, 13, 16, 19</b>	0.009	0.008	0.001	0.74
<b>22:6</b>				
<b>24:0</b>	0.035	0.034	0.001	0.71
<b>24:1</b>	0.011	0.011	0.001	0.85
<b>Glycérol</b>	12.777	12.814	0.054	0.70
<b>Autres</b>	4.429	4.360	0.209	0.80
<b>Sommes</b>				
<b>AGCR<sup>1</sup></b>	1.485	1.683	0.073	0.07



<b>Iso</b>	0.740	0.479	0.045	0.07
<b>Iso- pair</b>	0.268	0.372	0.041	0.11
<b>iso-impair</b>	0.473	0.479	0.015	0.79
<b>Antéiso</b>	0.751	0.825	0.027	0.11
<b>AGCI<sup>2</sup></b>	1.716	1.544	0.094	0.16
<b>AGCRI<sup>3</sup></b>	3.203	3.225	0.050	0.62

<sup>1</sup>Acides gras à chaîne ramifiée

<sup>2</sup>Acides gras à chaîne impaire

<sup>3</sup>Acides gras à chaîne ramifiée et impaire