



HAL
open science

Actualisation de la prévision des apports en acides aminés digestibles dans l'intestin pour les vaches laitières

Sophie Lemosquet, Clémence Panzuti, Gonzalo Cantalapiedra-Hijar, Patrick Chapoutot, Pierre Noziere, Daniel Sauvant, Jocelyne Guinard-Flament

► To cite this version:

Sophie Lemosquet, Clémence Panzuti, Gonzalo Cantalapiedra-Hijar, Patrick Chapoutot, Pierre Noziere, et al.. Actualisation de la prévision des apports en acides aminés digestibles dans l'intestin pour les vaches laitières. 23. Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants, Dec 2016, Paris, France. Institut de l'Élevage, Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants, pp.75-78, 2016, Rencontres autour des Recherches sur les Ruminants. <hal-01455954>

HAL Id: hal-01455954

<https://hal.science/hal-01455954v1>

Submitted on 3 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



HAL Authorization

Actualisation de la prévision des apports en acides aminés digestibles dans l'intestin pour les vaches laitières

LEMOUQUET S. (1), PANZUTI C. (1), CANTALAPIEDRA-HIJAR G. (2), CHAPOUTOT P. (3), NOZIERE P. (2), SAUVANT D. (3), GUINARD-FLAMENT J. (1)

(1) PEGASE, INRA, Agrocampus Ouest, 35590, Saint-Gilles, France

(2) UMRH, INRA, Vetagro Sup, 63122, Saint-Genès-Champanelle, France

(3) MoSAR, AgroParis Tech, INRA, Université Paris -Saclay, 75005, Paris, France

RESUME - Un travail de méta-analyse a été engagé pour revoir le calcul des valeurs d'acides aminés digestibles dans l'intestin (AADI) dans le projet INRA Systali de révision des systèmes d'alimentation des ruminants. Le calcul des valeurs AADI dépend des calculs des flux de protéines digestibles dans l'intestin d'origine microbienne (PDIM) et alimentaire (PDIA), or ces valeurs ont été modifiées dans Systali. Une nouvelle base de données contenant des essais mesurant les flux d'acides aminés (AA) dans le duodénum a été constituée. La même démarche de calculs que celle choisie par Rulquin et *al.* (1998, 2001) a été appliquée. La première étape de la démarche a consisté en un calcul théorique des concentrations en AA dans le duodénum basé sur une approche factorielle des flux de PI d'origine microbienne (PIM), alimentaire (PIA) et endogène (PIendo) et de leurs compositions (%) respectives en AA. Ce calcul théorique a alors été confronté aux concentrations mesurées dans le duodénum par la méta-analyse. Des facteurs de correction ont été estimés à partir d'une analyse de covariance avec un effet essai fixe et un modèle linéaire. Les nouveaux modèles ont permis d'améliorer la prédiction des concentrations d'AA mesurées avec des erreurs de prédiction des modèles plus faibles que les modèles passés pour les 16 AA considérés dans le système AADI. De plus, les nouvelles estimations des PI appliquées à la nouvelle base de données ont permis de réduire les biais entre les concentrations calculées et mesurées et d'appliquer des facteurs de correction moins importants. Au final, 15 équations sur 16 (à l'exception de la Phe) présentaient des ordonnées à l'origine plus proche de zéro et des pentes plus proches de 1 que les modèles passés. Les 16 nouvelles équations de correction (incluant celle de la Phe) sont utilisées dans le calcul des 16 valeurs AADI de Systali.

Updating of INRA digestible amino acid supplies in the intestine of dairy cows

LEMOUQUET S. (1), PANZUTI C. (1), CANTALAPIEDRA-HIJAR G. (2), CHAPOUTOT P. (3), NOZIERE P. (2), SAUVANT D. (3), GUINARD-FLAMENT J. (1)

(1) PEGASE, INRA, Agrocampus Ouest, 35590, Saint-Gilles, France

SUMMARY - The metabolisable protein (PDI) supplies were revised in the new INRA feeding system. Consequently, the digestible amino acid (AA) supply in the intestine (AADI, in % of PDI) for cattle needed to be revised for the first time since it was developed in 1998. A meta-analysis was performed to estimate the AADI using an approach similar to the previous method. The new database is larger than the past one (30 publications and 133 diets from 1967 to 1992) since it includes 64 publications (from 1967 to 2013) on cattle and 243 dietary treatments mainly focused on nitrogen supply (amount or quality). Each dietary AA supply in the duodenum (g/kg DM) was calculated using a linear combination of the undegraded rumen protein (RUP), the microbial and endogenous protein flows in the intestine (PI) with the individual feed AA profiles and the two fixed microbial and endogenous profiles, respectively. It was then expressed in % of total AA (i.e. 16 AA). Each relationship between the measured and the calculated AA supply was analyzed using a linear model of covariance with a fixed publication effect. The new INRA PI estimations led to lower biases between the measured and calculated AA supplies compared to the past models since lower root mean squares of errors were observed for 16 AA models in addition to slopes closer to one and intercepts closer to zero for 15 AA models. The AADI calculations were improved using these new models.

INTRODUCTION

Mieux équilibrer l'apport en acides aminés (AA) indispensables, en particulier en lysine (Lys) et méthionine (Met) digestibles dans l'intestin (LysDI, MetDI), permet d'augmenter la production de protéines du lait sur une gamme large d'apports en protéines digestibles dans l'intestin (PDI) et d'accroître l'efficacité d'utilisation des PDI chez les vaches laitières (Lemosquet et *al.*, 2014). Le premier modèle de prédiction des apports en AA digestibles dans l'intestin (AADI, en % des PDI) a été développé pour les bovins par Rulquin et *al.* (1998). Il est basé sur une approche factorielle des flux de protéines intestinales (PI) d'origine microbienne (PIM) et alimentaire (PIA) et de leurs compositions (%) respectives en AA. A partir de ces flux, les concentrations théoriques de chaque AA dans le duodénum sont calculées. Pour valider cette approche factorielle, les calculs théoriques des concentrations en AA ont été comparés aux

concentrations mesurées dans le duodénum par méta-analyse (Rulquin et *al.*, 1998). Pour réaliser cette comparaison, il était nécessaire d'introduire dans le calcul les flux de PI endogènes (PIendo) transitant au duodénum et leurs concentrations en AA car cette fraction endogène est mesurée dans le flux duodénil. Ce travail de comparaison a montré que les modèles de calcul basés sur l'approche factorielle pouvaient être améliorés puisque des biais étaient observés entre les concentrations mesurées et théoriques calculées. Une équation de correction par AA a alors été générée pour corriger chacune des concentrations théoriques de son biais. L'utilisation de ces équations de correction constitue la seconde étape du calcul d'une valeur AADI. Depuis 2013, le nouveau système INRA d'alimentation des ruminants, issu du programme Systali, a conduit à des changements dans l'estimation des trois fractions de PI (Sauvant et Nozière, 2013). Une meilleure prédiction de la matière organique fermentescible et de l'efficacité de

synthèse microbienne ont conduit à modifier le calcul des PIM dans les rations. Le calcul des PIA a également été modifié pour tenir compte de la vitesse de transit. De plus, le flux de Plendo varie maintenant avec l'ingestion. Ces nouveaux calculs ont modifié les proportions entre les 3 flux, en particulier l'équilibre entre les PIM et les PIA. Par conséquent, pour assurer la cohérence des systèmes AADI et PDI, il était nécessaire de revoir le modèle des apports AADI des aliments et des rations. Pour cela, un travail de méta-analyse a été engagé qui suivait une démarche très proche de celle de Rulquin et al. (1998). Une base de données incluant de nouveaux essais mesurant des flux duodénaux d'AA a été construite. Il s'agissait d'abord de savoir si l'amélioration des estimations des PI dans Systali appliquée à la nouvelle base de données permettait que le calcul théorique des concentrations en AA représente parfaitement les concentrations d'AA mesurées dans le duodénum. Si des biais étaient encore constatés, il s'agissait alors de savoir si les équations de correction passées pouvaient être utilisées ou s'il était nécessaire de générer de nouvelles équations améliorant l'estimation des concentrations des 16 AA dans le duodénum (% 16 AA).

1. MATERIEL ET METHODES

1.1. BASE DE DONNEES

Nous avons d'abord recherché les publications, parues entre 1977 et 2013, rapportant des mesures de flux individuels d'AA dans l'intestin (duodénum ou caillette) chez les bovins. Le premier critère de sélection des publications (155) était de rapporter les flux des 16 AA considérés dans le système AADI (la Lys, la Met, l'histidine : His, la leucine : Leu, l'arginine : Arg, l'isoleucine : Ile, la phénylalanine : Phe, la thréonine : Thr, la valine : Val, l'alanine : Ala, l'acide aspartique : Asp, la glycine : Gly, l'acide glutamique : Glu, la proline : Pro, la sérine : Ser, et la tyrosine : Tyr). Les valeurs de chaque ration ont été recalculées en utilisant les valeurs des aliments des tables INRA et les nouvelles équations INRA issues du projet Systali. Le deuxième critère de sélection des données portait sur le recalcul de la composition chimique des rations (MAT, MO, NDF). Ainsi, la MAT d'une ration, recalculée, ne devait pas différer de plus de 10 g/kg de MS de celle rapportée dans la publication. La nouvelle base de données rassemble actuellement 64 publications et 243 rations dont 42 publications (156 rations) sur des vaches laitières, 16 publications (66 rations) sur des bovins à l'engrais et 6 publications (21 rations) sur des génisses. A titre de comparaison, la base de Rulquin et al. (1998) comprenait 133 rations de 30 essais publiés entre 1977 et 1992. La nouvelle base de données ne comprend actuellement que 57 rations de la base passée car il n'a pas été possible de caractériser correctement les autres rations. Dans la nouvelle base, les animaux pesaient en moyenne 508 ± 162 kg et ingéraient $14,5 \pm 6,9$ kg de MS/j avec des rations à $161 \pm 23,8$ g MAT/kg de MS. Par rapport à Rulquin et al. (1998), l'ingestion et la MAT des rations étaient plus élevées de 3 kg/j de MS et de 8 g de MAT/kg de MS. En moyenne, la proportion de concentré (PCO) dans les rations proposées était de 0,5. Cependant, cette proportion pouvait être plus élevée en particulier chez les bovins en croissance où la ration pouvait parfois être entièrement composée de concentrés. Les vaches laitières pesaient en moyenne 613 ± 43 kg et ingéraient $19 \pm 3,8$ kg de MS. Elles étaient en moyenne à 105 ± 62 jours de lactation et produisaient $27,9 \pm 7,1$ kg/j de lait avec un TP de $31,7 \pm 2,3$ g/kg. Enfin, les plages de variations des concentrations mesurées dans le duodénum de chacun des 16 AA (% de 16 AA) étaient plus étendues dans la nouvelle base que dans la base passée (ex : pour la Met de 1,02 % à 3,33 % vs. de 1,27 % à 2,99 % dans Rulquin et al., 1998 et pour la Lys de 4,13 % à 9,91 % vs. de 4,82 % à 8,42 % dans Rulquin et al., 1998).

1.2. CALCUL D'UNE CONCENTRATION THEORIQUE

Le calcul théorique des concentrations en AA dans le duodénum à partir de l'approche factorielle comprend deux étapes. La première étape consiste à calculer pour chaque ration, le flux théorique dans le duodénum (thAA_{n_duo}) de chacun des AA (AA_n, n = 1 à 16) :

$$thAA_{n_duo} = \sum_{i=1}^A MSI_i \times ([AA_{ni}] \times PIA_i + [AA_n Mic] \times PIM_i + [AA_n endo_duo] \times MAendo_duo_i \times 0.5)$$

Où n représente l'un des 16 AA considérés dans le système AADI, thAA_{n_duo} est le flux théorique du n^{ème} AA (AA_n, n = 1 à 16) dans le duodénum (g/j) pour une ration constituée de A aliments (i = 1 to A), MSI est la matière sèche ingérée pour l'aliment i, [AA_{ni}] est la concentration de l'AA_n (% des 16 AA) pour l'aliment i associée à la valeur PIA, [AA_nMic] est la concentration pour l'AA_n (% 16 AA) dans les PIM en considérant qu'il y a 80% d'AA dans la MAT microbienne au duodénum. La concentration en AA microbienne [AA_nMic] est unique quels que soient l'aliment et la ration (Tableau 1 ; Rulquin et al., 2001 à partir de la méta-analyse de Le Henaff, 1991) ; [AA_nendo_duo] est la concentration de l'AA_n (% 16 AA) des protéines endogènes dans le duodénum (Tableau 1) proposée par Ørskov et al. (1986). Le flux total d'AA endogène est calculé en utilisant le nouveau calcul de la Matière Azotée Endogène au duodénum (MAendo_duo_i = 14,2 g/ kg de MSI ; Sauvart et Nozière, 2013) et en considérant que cette fraction contient une proportion de 50 % d'AA (Rulquin et al., 1998). La seconde étape consiste à calculer la concentration théorique (% des 16 AA) du n^{ème} AA (n = 1 à 16) dans le duodénum ([thAA_{n_duo}], % 16 AA) en divisant le flux de cet AA_n par la somme des flux des 16 AA selon l'équation ci-dessous :

$$[thAA_{n_duo}] = \frac{thAA_{n_duo}}{\sum_{n=1}^{16} thAA_{n_duo}} \times 100$$

1.3. ANALYSES STATISTIQUES

Pour chaque ration (n= 243) des 64 publications sur bovins, les concentrations d'AA mesurées dans l'intestin ont été comparées aux concentrations d'AA calculées ([thAA_{n_duo}]) selon une analyse de covariance réalisée sous Epsilow :

$$[AA_{nmes}]_{ijk} = \text{Essai}_i + a + b \times [thAA_{n_duo}]_j + \varepsilon_{ijk}$$

où [AA_{nmes}] est la concentration de l'AA_n mesurée (% 16 AA) dans le duodénum. L'effet Essai est pris comme un facteur fixe. Par le passé, le facteur fixe considéré était un effet équipe de recherche (Rulquin et al., 1998). L'analyse des biais et des résidus réduits a conduit à retravailler les premières équations obtenues pour Met, His, Gly, Arg et Phe.

2. RESULTATS ET DISCUSSION

2.1. DES EQUATIONS DE CORRECTION NECESSAIRES

La figure 1 représente les relations entre les concentrations mesurées et calculées pour les 4 AA Indispensables (AAI ; Lys, Met, His et Leu) sur lesquels ont été proposées des recommandations INRA en 2007. Les données individuelles de Lys, His et Leu sont proches de l'axe y = x montrant que le calcul factoriel théorique ([thAA_{n_duo}]) avec les nouveaux PI de Systali est peu biaisé. Cependant, des équations de correction sont encore nécessaires pour prédire les concentrations d'AA mesurées dans le duodénum à partir du calcul théorique car les données ne sont pas parfaitement centrées sur l'axe y = x, en particulier pour la Met.

Sur la figure 2 les valeurs des ordonnées à l'origine et des pentes des équations passées et issues du premier travail pour établir les nouvelles équations sont présentées pour tous les AAI. Si aucun biais n'avait été constaté les valeurs des ordonnées à l'origine auraient été toutes à zéro et les valeurs des pentes toutes à un. L'ordonnée à l'origine pour l'Ile n'est pas significativement différente de zéro et les pentes observées pour l'Ile et la Ser (Tableau 1) ne sont pas

significativement différentes de un. De plus, pour 6 AAI sur 9 (Figure 2 : Lys, His, Leu, Ile, Thr, Val), les ordonnées à l'origine des nouveaux modèles présentaient des valeurs plus proches de zéro que celles des modèles de Rulquin (1998) et les valeurs des pentes plus proches de un. Il en est de même pour 6 AANI sur 7 (Gly exceptée). Ce résultat montre que si des facteurs de corrections sont encore nécessaires au calcul théorique factoriel ([thAA_n-duo]), ces facteurs sont cependant moins importants que par le passé.

Mesurée dans le duodénum (% 16 AA)

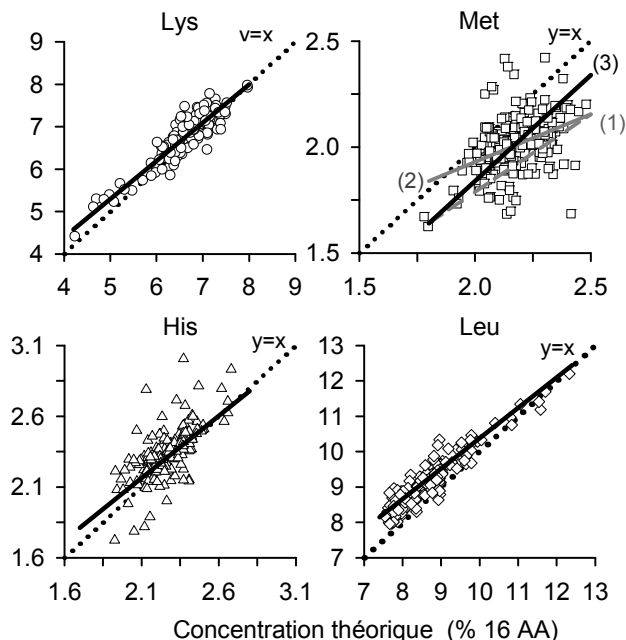


Figure 1 : Comparaison des concentrations calculées selon le modèle théorique et mesurées dans le duodénum (après correction de l'effet essai) pour la Lys, la Met, l'His et la Leu. Les traits en pointillés représentent l'axe $x = y$, le trait continu noir l'équation de correction retenue dont les paramètres sont présentés dans le tableau 1. Pour la Met, la régression (1) en pointillés gris représente l'équation passée de Rulquin et al. (1998), (2) la première équation de correction obtenue dans ce travail et (3) l'équation finale retenue pour corriger la Met.

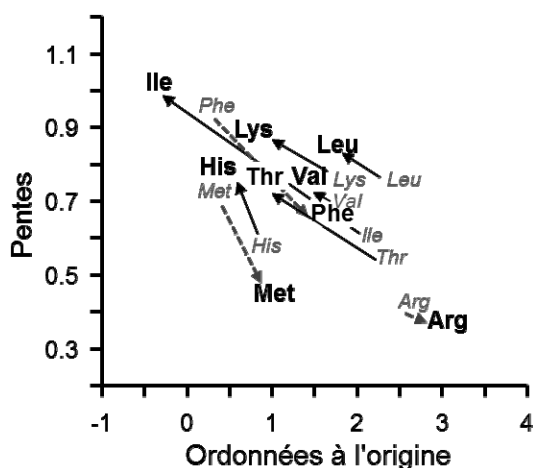


Figure 2 : Comparaison des pentes et des ordonnées à l'origine obtenues dans nos premiers travaux (en noir et gras) à celles obtenues dans le modèle de Rulquin et al. (1998) [en gris foncé et italique]. Ces coefficients ont été revus pour Met, Phe et Arg (Le tableau 1 présente les valeurs définitives).

De plus, pour l'ensemble des 16 AA, les nouveaux modèles de régression (une fois corrigés de l'effet essai) présentent des erreurs (Tableau 1) et des biais plus faibles que les modèles passés de Rulquin et al. (1998) ainsi que des

coefficients de corrélation ajustés plus élevés. Il semblait donc intéressant d'utiliser les facteurs de correction (ordonnées à l'origine et pentes) issus des nouvelles équations pour calculer les valeurs AADI de la Lys, la Leu, l'Ile, la Val, la Thr, l'Ala, l'Asp, la Glu, la Pro, la Ser et la Tyr (Tableau 1 : équations retenues).

Par contre, le premier jeu de nouvelles équations de correction présentait des pentes plus faibles pour la Met, l'Arg, la Phe et la Gly (Figure 2) et des ordonnées à l'origine plus élevées que dans les modèles de Rulquin et al. (1998). Nous avons donc cherché à améliorer ces équations de prédictions pour ces 4 AA, en particulier pour la Met, l'un des deux premiers AA avec la Lys sur lesquels ont été proposées des recommandations. Enfin, nous avons cherché à continuer d'améliorer l'équation de l'His un des 4 autres AAI recommandés dans INRA (2007) qui présente comme la Met de faibles variations de concentrations mesurées (comparativement à Lys et Leu, Figure 1).

Tableau 1 : Profil d'AA microbien, endogène et équations de correction retenues pour calculer les AADI dans Systali

AA	n ¹	Microb. ²	Endog. ³	Ord.	Pente	ETR ⁶
		(% 16 AA)		(a) ⁴	(b) ⁵	
Lys	243	8,0	7,67	0,798	0,899	0,237
Met	243	2,5	1,53	-0,160	1,000	0,151
His	210	1,8	3,77	0,318	0,879	0,144
Leu	243	7,7	5,02	1,784	0,856	0,268
Arg	210	4,9	5,16	2,432	0,482	0,172
Thr	243	5,8	6,83	1,268	0,746	0,135
Val	243	6,2	6,42	1,350	0,736	0,142
Ile	243	5,9	4,88	-0,326	1,026	0,196
Phe	225	5,3	4,88	0,829	0,836	0,106
Asp	243	12,1	9,62	4,048	0,591	0,310
Ser	243	4,6	6,83	0,305	0,954	0,131
Glu	243	13,3	13,11	3,025	0,786	0,481
Pro	243	3,7	6,56	0,594	0,865	0,402
Gly	210	5,7	6,69	1,270	1,000	0,480
Ala	243	7,8	5,86	3,951	0,407	0,209
Tyr	234	4,7	5,16	3,110	0,251	0,144

¹Nombre de rations sélectionnées dans les 243 rations de la base pour établir l'équation (la Tyr n'était pas mesurée dans 2 essais correspondant à 9 Rations). ²Profils microbien et ³endogène de Rulquin et al. (1998) ²utilisant la méta-analyse de Le Henaff (1991) et ³l'essai d'Orskov et al. (1986). ⁴(a) ordonnées à l'origine et ⁵(b) pentes des équations de corrections retenues pour Systali. ⁶Ecart-type résiduel du modèle.

2.2. LES NOUVELLES EQUATIONS DE CORRECTION POUR CALCULER METDI

Concernant la Met, l'utilisation de l'équation de correction passée ne permettait pas de résoudre le problème. En effet, les concentrations de Met mesurées [représentée par (1) dans la Figure 1] n'étaient pas correctement prédites avec cette équation. La Met était l'un des deux AA qui avec la Gly présentaient les différences les plus importantes entre les concentrations calculées et mesurées (en moyenne + 7 % pour la Met et - 20 % pour la Gly). L'analyse de la nouvelle équation [notée (2) sur la figure 1] a montré un biais systématique (- 0,16) sur la moyenne expliquant 57 % du biais total. En effet, la Met calculée surestime la plupart des points de Met mesurée (Figure 1). Nous avons donc décidé de corriger les données calculées de ce biais systématique en appliquant une ordonnée à l'origine $a = - 0,16$ et une pente de $b = 1$ (Tableau 1 : équation définitive et équation notée (3) sur la figure 1). L'écart type du nouveau modèle

(0,151), lorsque l'on utilise cette équation de correction est plus faible que celui (0,257) de Rulquin et *al.* (1998). La difficulté à prédire la Met avec notre premier modèle pourrait venir du facteur fixe « essai ». Dans notre base de données, la Met calculée varie peu en intra-essai (en moyenne de 0,25 % des 16 AA) par rapport à la Lys (en moyenne de 0,63 % des 16 AA). Le principal facteur alimentaire permettant de faire varier en intra-essai les concentrations en Met est le rapport entre PIM et PIA. Dans le modèle passé, le facteur fixe introduit était un effet équipe de recherche. Sur notre base de données, les erreurs des modèles étaient plus élevées si un effet équipe de recherche était introduit à la place d'un effet essai pour la plupart des AA à l'exception de la Met. De plus, avec un effet équipe la pente du modèle était alors de 1 avec une ordonnée à l'origine de - 0,26 un peu plus faible que celle retenue (- 0,16). Le biais sur la moyenne pourrait provenir d'un problème de technique d'analyse de la Met (Guinard - Flament, communication personnelle). La Met est un AA qui est détruit lors de l'hydrolyse : c'est un dérivé, la méthionine sulfone, qui est analysé. Dans le travail de Rulquin et *al.* (1998) seulement 93 données sur 133 avaient été retenues pour estimer les équations de correction pour la Met. Le critère de sélection n'a pas été rapporté dans la publication. Il sera important dans le futur de prendre ce critère comme facteur interférent. Cependant, la méthode de dosage précise n'est pas renseignée dans toutes les publications de la base.

2.3. LES NOUVELLES EQUATIONS DE CORRECTIONS POUR CALCULER GLYDI, HISDI, ARGDI ET PHEDI

Le biais systématique sur la moyenne pour la Gly expliquait 95% du biais observé (1,92). Il a également été corrigé en appliquant une pente de 1 et une ordonnée à l'origine de 1,27 (Tableau 1). Il reste à comprendre l'origine de ce biais qui pourrait être liée à une mauvaise estimation des concentrations en Gly des profils d'AA des 3 fractions.

Concernant, l'His, l'écart relatif entre les valeurs calculées et mesurées était moins important (4 % en moyenne) que pour la Gly et la Met. La contribution de ce biais systématique au biais total a été réduite de 25 % à 9 % en sélectionnant les essais sur les résidus réduits. En effet, pour His (n = 210), 9 essais présentant des résidus réduits supérieurs à 3 ou proches de 3 influençaient beaucoup la prédiction (le tableau 1 présente les coefficients de l'équation définitive).

La sélection sur les résidus réduits a également permis d'améliorer la prédiction des pentes et des ordonnées à l'origine de l'Arg (n = 210). Il s'agissait des mêmes 9 essais que pour l'His. Il a alors été vérifié que réduire la base à 210 données n'améliorait pas la prédiction de l'ensemble des 16 AA (ce n'était pas le cas, par exemple, pour la Lys et la Met). Enfin, pour la Phe, il a été possible de conserver 5 essais de plus que pour l'Arg (Tableau 1 : n = 225). La nouvelle équation ainsi retenue présente une pente plus proche de 1 (0,829 vs. 0,670) ainsi qu'une ordonnée à l'origine plus faible (0,829 vs. 1,780) que la première équation basée sur les 243 données. Elle présente un ETR plus faible (0,106 vs. 0,297) que celle de Rulquin et *al.* (1998) avec néanmoins une ordonnée à l'origine (a) plus élevée et une pente (b) un peu plus faible (a : 0,200 et b : 0,930 dans Rulquin et *al.*, 1998).

2.4. LES CHANGEMENTS DE VALEURS AADI

Le calcul d'une valeur AADI reprend la même démarche que le calcul présenté en matériel et méthodes. Une valeur AADI théorique (Rulquin et *al.*, 2001) est calculée comme la combinaison linéaire des flux PDIM et PDIA et de leurs concentrations respectives en AA (% 16 AA). On notera que, comme pour les PDI, ce calcul ne tient pas compte des Plendo mais tient compte de la digestibilité réelle des protéines. Ce calcul théorique est alors corrigé en utilisant les équations de correction (Tableau 1). Un deuxième facteur de correction est, par la suite, introduit afin que la somme des AADI plus une estimation des concentrations de cystéine et de tryptophane, soit égale à 100 % des PDI. L'utilisation des

nouvelles équations de correction (Tableau 1) modifie un peu les valeurs AADI (Figure 3). Ainsi, pour les aliments qui présentaient les plus faibles teneurs en LysDI (5 % des PDIE) dans INRA (2007), les nouvelles teneurs ont encore diminué (4,5 % des PDI) dans Systali, à l'inverse les valeurs de LysDI proche de 7 % des PDI n'ont pas varié. Les teneurs en MetDI (au maximum de ± 0,25 % des PDI) et HisDI ont moins varié que celles de LysDI et celles de Leu sont quasiment identiques aux valeurs d'INRA (2007).

AADI Systali (% PDI)

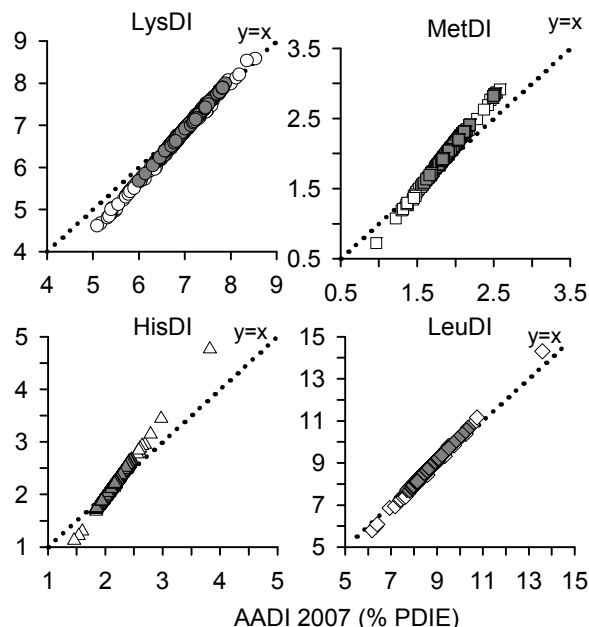


Figure 3 : Comparaison des valeurs de LysDI, MetDI, HisDI et LeuDI des concentrés (en blanc) et des fourrages (en gris) calculées selon Systali aux valeurs des tables INRA (2007).

CONCLUSION

Ce travail a permis d'améliorer les équations de correction à appliquer pour le calcul des AADI en les mettant en cohérence avec les nouveaux calculs des PDIM et PDIA. La nouvelle base de données et l'amélioration des estimations des 3 fractions de PI ont en effet permis d'améliorer l'estimation des concentrations d'AA dans le duodénum puisque des corrections moins importantes que par le passé sont appliquées au calcul factoriel théorique. De plus, les nouveaux modèles de prédictions des 16 AA présentent des erreurs plus faibles que les modèles passés. Les valeurs AADI des aliments et des rations sont donc modifiées par rapport à INRA (2007), en particulier les teneurs les plus faibles en LysDI sont diminuées. Les recommandations en LysDI et MetDI seront ajustées en conséquence.

Nous remercions ADISSEO, en particulier Y. Mercier et L. Bahloul, pour leur contribution à ce travail par le financement du stage de Master 2 en statistique de C. Panzuti.

INRA 2007. Alimentation des bovins, ovins et caprins. Edition Quae, France. 1-307.

Le Henaff, L. 1991. Thèse de l'Université de Rennes 1. 1-126.

Lemosquet, S., Haque, M.N., Faverdin, P., Peyraud, J.L., Delaby, L. 2014. Renc. Rech. Ruminants, 2014, 21, 139-142

Orskov, E.R., McLeod, N.A., Kyle, D.J. 1986. Br. J. Nutr., 56, 241-248

Rulquin, H., Guinard, J., Vérité, R. 1998. Livest. Prod. Sci., 53, 1-13

Rulquin, H., Vérité, R., Guinard-Flament, J., Pisulewski, P.M. 2001. INRA Prod. Anim., 14, 265-274

Savant, D., Nozière, P. 2013. INRA Prod. Anim., 26, 327-346