

## Ruminaler Abbau des Rohproteins und der Aminosäuren sowie Verdaulichkeit des unabgebauten Futterrohproteins bei Rapsextraktionsschroten



**Herbert Steingass, Gabriele Kneer,  
Sabrina Lehnen, Gerald Wischer und  
Markus Rodehutschord**  
Institut für Tierernährung,  
Universität Hohenheim  
70593 Stuttgart

# **Ruminaler Abbau des Rohproteins und der Aminosäuren sowie Verdaulichkeit des unabgebauten Futterrohproteins bei Rapsextraktionsschroten**

Herbert Steingass, Gabriele Kneer, Sabrina Lehnen, Gerald Wischer und Markus Rodehutschord

Institut für Tierernährung, Universität Hohenheim, 70593 Stuttgart

## **Zusammenfassung**

Ziel der Untersuchungen war es, den Proteinwert von Rapsextraktionsschrot (RES) für Wiederkäuer und dessen Variation zu prüfen. Hierzu wurden zehn Proben aus zehn verschiedenen deutschen Ölmühlen untersucht. Bei diesen Proben wurde der Proteinabbau mit der *in situ*-Methode, die Gasbildung und die Gehalte an nutzbarem Rohprotein (nXP) und unabgebautem Futterrohprotein (UDP) im Hohenheimer Futterwerttest (HFT) *in vitro* ermittelt. In den Futterproben sowie in den *in situ*-Rückständen nach 8 und 16 Stunden Inkubationszeit, erfolgte zusätzlich eine Aminosäurenanalyse sowie eine Bestimmung der intestinalen Proteinverdaulichkeit mit Hilfe einer Pepsin-Pankreatinmethode *in vitro* (IPD). Der effektive Abbau des Rohproteins betrug für eine Passagerate von 8 %/h im Mittel 54 % mit einer beträchtlichen Streuung zwischen den Proben von 44 bis 63 %. Mit Hilfe einer multiplen Regressionsgleichung mit den Variablen Säure-Detergenz-unlöslicher N, Gesamt-Glucosinolate und Rohfett konnte der effektive Proteinabbau mit befriedigender Genauigkeit geschätzt werden ( $R^2 = 0,74$ ; RSD = 6,4 %). Mit dem HFT wurde aus einer mittleren Gasbildung von  $44,4 \pm 2,3$  ml/200 mg TM ein durchschnittlicher Gehalt von  $11,4 \pm 0,3$  MJ ME/kg TM geschätzt. Für das nXP ergaben sich  $224 \pm 12$  bzw.  $268 \pm 10$  g/kg TM bei angenommenen Passageraten von 5 bzw. 8 %/h. Der effektive XP-Abbau *in vitro* betrug  $51 \pm 4,3$  % (Passagerate 8 %/h) und stimmte sehr gut mit den *in situ* ermittelten Werten überein. Der ruminale Abbau der Aminosäuren unterschied sich vom Abbau des Rohproteins, insbesondere nach 8 Stunden, wobei der Abbau der essentiellen Aminosäuren überwiegend niedriger und der Abbau der nicht-essentiellen Aminosäuren vorwiegend höher war im Vergleich zum Rohprotein. Für Lysin und Methionin ergaben sich keine Unterschiede zum Rohproteinabbau. Der Abbau der einzelnen Aminosäuren konnte mit Hilfe linearer Regressionsgleichungen aus dem Rohproteinabbau mit hoher Genauigkeit geschätzt werden. Die IPD der Schrote betrug im Mittel  $80 \pm 2,6$  %. Im Vergleich dazu war die IPD in den *in situ* Inkubationsrückständen niedriger und nahm mit zunehmender

Inkubationszeit bzw. höherem ruminalem Abbau ab. Die vorliegenden Ergebnisse erlauben eine bessere Charakterisierung des Proteinwertes von RES beim Wiederkäuer und ermöglichen eine Übersicht über die aktuellen Futterqualitäten. Darüber hinaus sind die ermittelten Kennzahlen zum Proteinwert ein Anstoß für die Weiterentwicklung der derzeit gebräuchlichen Proteinbewertungssysteme.

## Summary

The aim of the study was to determine the protein value of rapeseed meals (RES) for ruminants and its variation. Ten samples of ten different oil plants in Germany were examined. Degradation of crude protein was determined with an *in situ* method. *In vitro* gas production, contents of utilizable protein (nXP) and undegradable protein (UDP) was determined with the Hohenheim Gas production test (HFT). Amino acid analysis was carried out in the samples and in the residues after 8 and 16 hours of incubation and degradation of individual amino acids was calculated for these incubation times. *In vitro* pepsin-pancreatin solubility of crude protein (IPD) was determined in the samples as well as in the 8 and 16 h residues. Effective CP degradation for a rumen outflow rate of 8 %/h averaged 54 % with a considerable variation among samples ranging from 44 to 63 %. A multiple regression equation containing acid detergent insoluble N, total glucosinolates and petrolether extract as independent variables could predict effective degradation with satisfying accuracy ( $R^2 = 0.74$ ; RSD = 6.4 %). With the HFT method, from an average gas production of  $44.4 \pm 2.3$  ml / 200 mg DM a mean content of ME of  $11.4 \pm 0.3$  MJ/kg DM was predicted. Content of nXP was  $224 \pm 12$  and  $268 \pm 10$  g/kg DM at passage rates of 5 and 8 %/h. Effective protein degradation estimated with this method was  $51 \pm 4.3$  % (passage rate 8 %/h) and agreed well with the results of the *in situ* method. Degradation of amino acids was different from that of crude protein in most cases, especially after 8 h of incubation. Compared to crude protein, degradation of essential amino acids was predominantly lower while degradation of non essential amino acids was higher in most cases. However, for lysine and methionine no difference to crude protein degradation was found. Degradation of individual amino acids could be predicted from crude protein degradation by linear regression equations with high accuracy. Average IPD of RSM was  $80 \pm 2.6$  %. IPD was lower in the incubation residues and decreased with longer incubation time and increasing rumen degradation, respectively. The present findings allow a better classification of the protein value of RES and respective protein characteristics are prerequisite for improvement of currently used protein evaluation systems.

## 1. Einleitung und Zielsetzung

In der Europäischen Union ist die Produktion von Rapsextraktionsschrot (RES) von 6,3 Millionen Tonnen im Jahr 2000 auf 12,9 Millionen Tonnen im Jahr 2010 angestiegen (FAS USDA, 2011). Die gleiche Tendenz ist für Deutschland zu erkennen, wo die Produktion von RES durch Ausweitung der Anbaufläche und Ertragssteigerungen im Jahr 2009 auf 4,4 Millionen Tonnen angestiegen ist, von denen 2,9 Millionen Tonnen im Land verbraucht worden sind (UFOP, 2011). Der hohe Gehalt an Gerüstsubstanzen und die Anwesenheit von sekundären Pflanzeninhaltsstoffen wie Glucosinolate und Sinapin begrenzen die Nutzung von RES bei Monogastriden (TRIPATHI und MISHRA, 2007) und favorisieren den Einsatz in Rationen für Wiederkäuer, insbesondere vor dem Hintergrund eines hohen Bedarfs an nicht abgebautem Futterrohprotein (UDP) bei hochleistenden Tieren (HRISTOV et al. 2005).

Der Produktionsprozess in der Ölmühle bewirkt große Veränderungen in den ernährungsphysiologischen Eigenschaften des RES. Insbesondere durch die massive Energieeinwirkung in Form von Hitze und Druck („Toasten“) geht einerseits der Gehalt an Glucosinolaten als dominierender antinutritiver Faktor in beträchtlichem Umfang zurück (SCHUMANN, 2005), was die Einsatzmöglichkeiten von RES in der Tierernährung generell erweitert. Andererseits bewirkt die Hitzebehandlung auch einen beträchtlichen Rückgang des ruminalen Rohproteinabbaus bzw. eine Erhöhung des Gehaltes an UDP (MOSHTAGI NIA und INGALLS, 1995). Durch übermäßige thermische Behandlung kann es jedoch auch zu einer Hitzeschädigung des Rohproteins kommen mit der Folge eines Rückgangs der intestinalen Verdaulichkeit des Rohproteins bzw. der Aminosäuren im UDP, wie dies von DAKOWSKI et al. (1996) für Temperaturen über 130 °C beschrieben wurde.

Die Aminosäurezusammensetzung des RES zeichnet sich im Vergleich zu Sojaextraktionsschrot durch einen höheren Gehalt an schwefelhaltigen AS aus, während der Gehalt an Lysin geringer ist (TAN et al. 2011). Obwohl der ruminale Abbau eine Veränderung der AS-Zusammensetzung des UDP nach sich zieht (WEISBJERG et al. 1996), bezeichnen LARDY et al. (1993) den Einsatz von RES als eine Möglichkeit zur Erhöhung der Versorgung mit schwefelhaltigen AS am Duodenum.

Für eine Weiterentwicklung der derzeit gebräuchlichen Proteinbewertungssysteme für Wiederkäuer in Richtung eines Konzeptes auf Basis praecaecal verdaulicher

Aminosäuren werden neben dem Beitrag der mikrobiellen AS insbesondere auch die Mengen an verdaulichen AS aus dem UDP benötigt.

Ziele der vorliegenden Untersuchung waren i) die Quantifizierung des ruminalen Rohproteinabbaus bzw. der Gehalte an UDP und dessen Variation mit Hilfe verschiedener Methoden, ii) die Ermittlung des Einflusses der Pansenfermentation auf die AS-Zusammensetzung und die Verdaulichkeit des Rohproteins, iii) die Entwicklung von Schätzgleichungen für die Ermittlung des ruminalen Protein- und Aminosäurenabbaus.

## **2. Material und Methoden**

Neun Proben der vorliegenden Untersuchungen sind identisch mit denen aus dem UFOP-Projekt „Verdaulichkeit der Aminosäuren aus Rapsextraktionsschroten bei der Legehennen“ (REZVANI et al.), eine weitere Probe ist hinzugekommen. Die geprüften Chargen stammten aus der laufenden Produktion von 10 deutschen Ölmühlen und wurden im Jahr 2008 von den Ölmühlen bereitgestellt und bis zur Untersuchung tiefgefroren gelagert.

### **2.1. *In situ* Methode**

Für die Panseninkubation *in situ* standen drei trockenstehende Kühe der Rasse Holstein mit großer Pansenfistel zur Verfügung. Die Kühe wurden zwei Mal täglich um 8 und 16 Uhr gefüttert und erhielten eine Tagesration von 8 kg Heu und 2 kg Milchleistungsfutter. 1,5 g Probe wurden in ANKOM *concentrate bags* (5 x 10 cm, ca. 50 µm Porenweite) über 0, 1, 2, 4, 8, 16, 32, und 72 h in zweifacher Wiederholung in jeder Kuh und für jeden Zeitpunkt inkubiert. Zusätzlich wurden für die Zeiten 8 und 16 Stunden größere Mengen an Rückständen für die Aminosäurenanalyse sowie für die *in vitro* Pepsin-Pankreatinverdaulichkeit gewonnen. Nach der Panseninkubation wurden die Beutel mit kaltem Wasser abgespült und bis zur Aufbereitung bei -20 °C eingefroren. Nach dem Auftauen wurden die Beutel in einer Haushaltswaschmaschine gewaschen (3 Spülzyklen à 12 min. mit kaltem Wasser, 3 Mal Wasserwechsel, kein Schleudern) und die Trockenmasse wurde durch Ofentrocknung bei 80 °C über Nacht bestimmt. Die 8 und 16 h inkubierten Beutel wurden nach dem Waschen gefriergetrocknet. Durch Filtration einer wässrigen Suspension der Proben mit einem Papierfilter und anschließender N-Bestimmung des Rückstandes wurde die Fraktion

wasserunlöslicher N ermittelt um aus der Differenz zwischen dem Waschverlust (0 h Inkubation) und der wasserlöslichen Fraktion den Verlust an kleinen Partikeln berechnen zu können. Der Abbau des Rohproteins wurde nach WEISBJERG et al. (1990) um den Verlust an kleinen Partikeln korrigiert.

## **2.2. Hohenheimer Futterwerttest (HFT)**

Die Bestimmung der Gasbildung *in vitro* (HFT) erfolgte nach der Methode 25.1 (VDLUFA 2006). Für die Schätzung der Gehalte an nXP und des XP-Abbaus wurden die Proben über 8, 24 und 48 h inkubiert und neben der Gasbildung die Konzentration an NH<sub>3</sub> im Inkubat sowie in einer Blindprobe ermittelt. Aus der Differenz zwischen der N-Menge im System (NH<sub>3</sub>-N Blindprobe plus N-Einwaage) und der Menge an NH<sub>3</sub>-N der inkubierten Probe kann der Gehalt an nXP berechnet werden (STEINGAB und LEBERL, 2008). Die so ermittelten Werte für 8, 24 und 48 Stunden werden gegen ln(t) aufgetragen und das effektive nXP für bestimmte Passageraten aus dieser Funktion berechnet. Eine separate Zulage von Kohlenhydraten erlaubt eine Quantifizierung der mikrobiellen Proteinsynthese und damit auch eine Berechnung des UDP aus dem nXP (RAAB et al. 1983).

Die Analyse der Rohnährstoffe und der Faserfraktionen erfolgte nach den Methoden des Verbands Deutscher Landwirtschaftlicher Untersuchungs- und Forschungsanstalten (VDLUFA, 2006) für Trockensubstanz (Methode 3.1), Rohasche (Methode 8.1), Rohprotein (Methode 4.1.1), Rohfett (nach HCl-Hydrolyse; Methode 5.1.1), und Rohfaser (Methode 6.1.1). Die Analyse der NDF und ADF erfolgte nach den Methoden 6.5.1 und 6.5.2 und wurde als aschefreie Substanz angegeben. Der in Neutraler Detergenz unlösliche N (NDiN) sowie der in Säuredetergenz unlösliche N (ADiN) wurde durch Analyse des Stickstoffs (Methode 4.1.1) der jeweiligen Detergenzienrückstände ermittelt. Die Aminosäuregehalte der Schrote bzw. der Inkubationsrückstände wurden in einem Aminosäureanalysator L8900 (VWR/Hitachi) bestimmt. Nach einer Oxidation mit Perameisensäure wurde das Protein mit 6 m HCl hydrolysiert. Die Aminosäuren wurden mit Hilfe der Ionenaustauschchromatografie getrennt und mittels Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrin in einen VIS-Detektor (440 nm für Prolin, 570 nm für die anderen Aminosäuren) bestimmt. Durch diese Probenaufbereitung ist die Bestimmung von Histidin, Tyrosin und Tryptophan nicht möglich.

Die intestinale Proteinverdaulichkeit *in vitro* (IPD) der Rapsschrote sowie der Inkubationsrückstände nach 8 und 16 Stunden erfolgte mit der Methode nach BOISEN und FERNÁNDEZ (1995). Die Gehalte an Glucosinolaten wurden mittels HPLC

Methode (EN ISO 9167-1) bei der Landesforschungsanstalt für Landwirtschaft und Fischerei Mecklenburg-Vorpommern, Gülzow (Proben 1 bis 9) sowie an der Thüringer Landesanstalt für Landwirtschaft, Jena (Probe 10) ermittelt.

### 2.3. Berechnungen und statistische Methoden

Für die statistischen Analysen wurde das Programm SAS 9.2 (SAS Institute, Cary, NC, USA) genutzt. Die Varianzanalysen erfolgten unter Zuhilfenahme der MIXED-Prozedur. Als feste Effekte wurden für die Kennzahlen des ruminalen Rohproteinabbaus *in situ* „Tier“ und „Probe“ berücksichtigt. Für die Pepsin-Pankreatinverdaulichkeit des Rohproteins wurde „Probe“ zum Zeitpunkt 0 bzw. „Probe“ und „Tier“ zu den Inkubationszeiten 8 und 16 Stunden in die Varianzanalyse einbezogen. Zusätzlich wurde darauf aufbauend eine Varianzanalyse für einen Vergleich der Inkubationszeiten über alle Proben hinweg durchgeführt, mit „Probe“ und „Inkubationszeit“ als feste Effekte.

LS Means wurden berechnet und deren Unterschiede wurden anschließend durch die PDIFF-Option mit dem t-Test und einer Irrtumswahrscheinlichkeit von  $\alpha = 0,05$  dargestellt.

Für den Vergleich des Abbaus einzelner Aminosäuren zum XP-Abbau wurde zuvor eine Varianzanalyse mit „Aminosäure“ und „Tier“ als feste Effekte durchgeführt. Der Vergleich des Abbaus einzelner Aminosäuren zum XP-Abbau erfolgte mit dem Dunnett-Test (PDIFF-Option `adjust=dunnett`).

Die Regressionsgleichungen zur Schätzung des XP-Abbaus sowie des Aminosäurenabbaus wurden unter Zuhilfenahme der REG-Prozedur geschätzt. Die Auswahl der Variablen zur Schätzung des XP-Abbaus erfolgte im Vorfeld durch die RSQUARE-Option, dabei sollten nicht mehr als drei Variablen berücksichtigt werden.

#### Abbaukinetik des Rohproteins

Ausmaß und Rate des ruminalen Abbaus wurde mit Hilfe des Modells nach ØRSKOV und MCDONALD (1979) unter Verwendung der Gleichung  $p = a + b(1 - e)^{-ct}$  berechnet, wobei „p“ das Verschwinden zur Zeit t, „a“ die lösliche Fraktion, „b“ die potenziell abbaubare Fraktion und „c“ die Abbaurate der Fraktion „b“ darstellen. Der effektive Abbau (ED) wurde nach ØRSKOV und MCDONALD (1979) berechnet:  $ED = a + (b \times c) / (c + k)$  für „k“ als Passagerate von 2, 5 und 8 % je h.

### 3. Ergebnisse und Diskussion

#### 3.1. Chemische Zusammensetzung

Die Gehalte an Rohnährstoffen lagen in einem für dieses Futtermittel typischen Bereich (Tabelle 1).

**Tabelle 1: Chemische Zusammensetzung der Rapsextraktionsschrote**

	Rapsextraktionsschrot										MW <sup>1</sup>	SD <sup>2</sup>
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10		
[g/kg TM]												
Rohasche	76	87	80	79	85	78	80	78	85	77	<b>81</b>	<b>4</b>
Rohprotein	360	369	367	398	381	401	386	370	398	376	<b>381</b>	<b>5</b>
Rohfett	37	54	35	30	38	28	30	51	32	55	<b>39</b>	<b>10</b>
Rohfaser	165	152	167	161	175	140	158	151	137	134	<b>154</b>	<b>14</b>
NDF <sub>OM</sub>	312	266	252	214	236	248	315	281	263	339	<b>265</b>	<b>31</b>
ADF <sub>OM</sub>	224	201	228	222	244	219	242	239	223	224	<b>227</b>	<b>13</b>
NDiN <sup>3</sup>	13,4	9,9	8,8	7,3	9,9	10,0	14,8	9,9	10,8	12,0	<b>10,7</b>	<b>2,2</b>
ADiN <sup>4</sup>	5,0	3,9	4,2	4,0	4,2	3,6	4,3	4,5	4,0	4,6	<b>4,2</b>	<b>0,4</b>
[mmol/kg TM]												
GSL <sup>5</sup>	5,1	6,4	12,8	12,9	7,6	10,9	5,1	12,4	7,6	8,0	<b>8,9</b>	<b>3,1</b>
[g/16g N]												
Alanin	4,7	4,7	4,7	4,7	4,7	4,6	5,4	4,7	4,7	4,6	<b>4,7</b>	<b>0,2</b>
Arginin	5,7	6,1	6,1	6,2	6,2	6,0	6,2	6,1	6,1	6,0	<b>6,1</b>	<b>0,1</b>
Asparaginsäure	7,4	7,8	7,6	8,0	8,0	7,8	8,1	7,6	7,9	7,5	<b>7,8</b>	<b>0,2</b>
Cystein	2,4	2,3	2,4	2,3	2,3	2,3	2,4	2,4	2,3	2,3	<b>2,3</b>	<b>0,1</b>
Glutaminsäure	17,1	17,2	17,2	17,5	17,0	16,9	17,5	17,1	17,6	17,3	<b>17,2</b>	<b>0,2</b>
Glycin	5,3	5,4	5,3	5,3	5,4	5,2	5,1	5,3	5,4	5,3	<b>5,3</b>	<b>0,1</b>
Isoleucin	3,5	3,5	3,6	3,5	3,8	3,6	3,8	3,6	3,6	3,7	<b>3,6</b>	<b>0,1</b>
Leucin	7,2	7,3	7,3	7,3	7,5	7,2	7,6	7,2	7,4	7,3	<b>7,3</b>	<b>0,1</b>
Lysin	5,2	5,4	5,6	5,5	5,4	5,2	5,4	5,5	5,4	5,3	<b>5,4</b>	<b>0,1</b>
Methionin	2,1	2,0	2,1	2,0	2,0	2,0	2,1	2,0	2,0	2,0	<b>2,0</b>	<b>0,03</b>
Phenylalanin	4,0	4,1	4,1	4,2	4,2	4,1	4,2	4,0	4,1	4,0	<b>4,1</b>	<b>0,1</b>
Prolin	6,1	6,1	6,2	6,0	5,9	5,9	5,8	6,1	6,1	5,9	<b>6,0</b>	<b>0,05</b>
Serin	4,7	4,7	4,7	4,7	4,7	4,6	4,7	4,7	4,7	4,6	<b>4,7</b>	<b>0,05</b>
Threonin	4,7	4,7	4,8	4,7	4,7	4,7	4,8	4,7	4,7	4,7	<b>4,7</b>	<b>0,05</b>
Valin	4,7	4,7	4,8	4,6	5,0	4,8	4,9	4,7	4,7	4,8	<b>4,8</b>	<b>0,1</b>

<sup>1</sup> Mittelwert    <sup>2</sup> Standardabweichung    <sup>3</sup> Neutraldetergenz unlöslicher N

<sup>4</sup> Säuredetergenz unlöslicher N,

<sup>5</sup> Gesamtglucosinolate

Im Mittel enthielten die Proben (pro kg Trockenmasse) 381 g Rohprotein, 39 g Rohfett, 265 g NDF<sub>OM</sub> sowie 8,9 mmol Gesamt-Glucosinolate. Der Variationsbereich

war sehr ähnlich wie der des UFOP-Monitorings. Die verwendeten Schrote können daher als repräsentativ für die in diesem Zeitraum in Deutschland produzierte Ware betrachtet werden. Während für Rohfett, NDF<sub>OM</sub> und GSL eine große Variationsbreite zwischen den Schroten vorlag, waren bei den Gehalten an Aminosäuren die Unterschiede zwischen den Proben sehr gering, wenn die Werte auf XP bezogen werden (g/16 g N). NDF<sub>OM</sub> ist mit NDiN und GSL korreliert (R = 0,89, p<0,01 bzw. R = -0,64, p<0,05) und NDiN wiederum mit GSL (R = 0,80, p<0,01). Diese Beziehungen spiegeln wahrscheinlich Effekte variierender Intensität der Toastung wieder, denn die Fraktion des fasergebundenen Stickstoffs steigt mit zunehmender Erhitzungsintensität (LICITRA et al. 1996) während die Gehalte an GSL andererseits abnehmen (SCHUMANN, 2005).

### 3.2. Gasbildung und Gehalte an Umsetzbarer Energie und NEL im HFT

In Tabelle 2 sind die im HFT *in vitro* ermittelten Futterwertkennzahlen dargestellt. Die Gasbildung betrug im Mittel 44,4 ml/200 mg TM. Daraus errechnen sich pro kg TM durchschnittlich 11,4 MJ ME bzw. 6,9 MJ NEL. Dies ist etwas weniger als in den Futterwerttabellen dokumentiert ist (DLG, 1997; CVB, 2000). Die Ursache liegt aber wohl eher an den verwendeten Gleichungen, die an Versuchen kalibriert wurden, bei denen die ME aus den verdaulichen Nährstoffen nach einer Formel berechnet wurde (SCHIEMANN et al. 1971), nach der Eiweißfuttermittel niedriger bewertet sind. Derzeit gibt es keine offizielle Formel für Einzelkomponenten zur Ermittlung der ME mit Hilfe des HFT.

**Tabelle 2: Gasbildung und Gehalte an Umsetzbarer Energie und NEL im HFT**

	Rapsextraktionsschrot										MW <sup>1</sup>	SD <sup>2</sup>
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10		
Gasbildung [ml/200 mg TM]	43,5	42,0	46,5	45,5	41,8	47,4	45,3	43,3	44,0	44,2	<b>44,4</b>	<b>2,3</b>
ME <sup>3</sup> [MJ/kg TM]	11,1	11,2	11,6	11,6	11,0	11,9	11,4	11,5	11,3	11,7	<b>11,4</b>	<b>0,3</b>
NEL <sup>3</sup> [MJ/kg TM]	6,7	6,7	7,0	7,0	6,6	7,2	6,9	6,9	6,8	7,1	<b>6,9</b>	<b>0,2</b>
dOM <sup>4</sup> [%]	75,3	74,5	78,7	79,6	75,0	81,6	78,7	75,7	78,2	76,9	<b>77,4</b>	<b>2,3</b>

<sup>1</sup> Mittelwert    <sup>2</sup> Standardabweichung    <sup>3</sup> Gleichung 14b (MENKE und STEINGAB, 1987)

<sup>4</sup> Gleichung 43b (MENKE und STEINGAB, 1987)

### 3.3. Schätzung von nXP und UDP mittels HFT

Die mittleren Gehalte an nXP lagen bei 224 (203 bis 244) bzw. 268 (256 bis 283) g/kg TM bei Annahme von 5 bzw. 8 % Passage pro Stunde (Tabelle 3). Eine Einordnung dieser Werte ist schwierig, da keine alternativen Methoden zur Verfügung stehen. Die Gehalte an UDP betragen entsprechend 133 (116 bis 155) bzw. 185 (172 bis 207) g/kg TM, was einem XP-Abbau von 65 (57 bis 71) bzw. 51 (43 bis 57) % entspricht.

**Tabelle 3: Gehalte an nXP und UDP *in vitro* (HFT)**

	Rapsextraktionsschrot										MW <sup>1</sup>	SD <sup>2</sup>	
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10			
[g/kg TM]													
Effekt. nXP5#	244	217	212	203	222	220	230	223	223	241	<b>224</b>	<b>12</b>	
Effekt. nXP8#	283	259	256	256	266	269	281	268	264	274	<b>268</b>	<b>10</b>	
Effekt. UDP5#	155	128	124	122	137	118	160	134	135	116	<b>133</b>	<b>15</b>	
Effekt. UDP8#	206	181	174	172	185	177	207	188	181	176	<b>185</b>	<b>12</b>	
[% des XP]													
Effektiver XP-Abbau5#	57	65	66	69	64	71	59	64	66	69	<b>65</b>	<b>4,5</b>	
Effektiver XP-Abbau8#	43	51	53	57	51	56	46	49	55	53	<b>51</b>	<b>4,3</b>	

<sup>1</sup> Mittelwert    <sup>2</sup> Standardabweichung    # für Passageraten von 5 bzw. 8 %/h

### 3.4. Rohproteinabbau *in situ*

Der *in situ* Abbau des Rohproteins der Rapsschrote zeichnet sich aus durch eine geringe lösliche Fraktion (a) im Mittel von 8 %, eine beträchtliche potenziell abbaubare Fraktion b ( $88 \pm 2,6$  %) und eine relative geringe Abbaurate (c) von  $9,3 \pm 2,2$  %/h (Tabelle 4). Der effektive Rohproteinabbau ist im Mittel mit  $79 \pm 3,5$ ,  $64 \pm 5,1$  und  $54 \pm 5,5$  für die Passageraten von 2, 5 und 8 %/h (ED 2, 5, 8) relativ niedrig und weist eine erhebliche Variation zwischen den Schroten auf (44 bis 63 % für ED 8).

**Tabelle 4: Kennzahlen des ruminalen Rohproteinabbaus *in situ***

	Rapsextraktionsschrot										MW <sup>1</sup>	SD <sup>2</sup>
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10		
a	3 <sup>a</sup>	9 <sup>cd</sup>	3 <sup>a</sup>	10 <sup>de</sup>	9 <sup>cd</sup>	10 <sup>de</sup>	7 <sup>b</sup>	8 <sup>bc</sup>	11 <sup>e</sup>	8 <sup>bc</sup>	<b>8</b>	<b>2,6</b>
b	92 <sup>bc</sup>	87 <sup>a</sup>	93 <sup>c</sup>	86 <sup>a</sup>	87 <sup>a</sup>	86 <sup>a</sup>	89 <sup>ac</sup>	86 <sup>a</sup>	85 <sup>a</sup>	87 <sup>ab</sup>	<b>88</b>	<b>2,6</b>
c	6,8 <sup>a</sup>	8,5 <sup>cd</sup>	14,4 <sup>g</sup>	11,6 <sup>f</sup>	8,2 <sup>bd</sup>	10,0 <sup>e</sup>	8,8 <sup>d</sup>	7,6 <sup>b</sup>	9,5 <sup>e</sup>	7,9 <sup>bc</sup>	<b>9,3</b>	<b>2,2</b>
ED 2	73 <sup>a</sup>	79 <sup>de</sup>	85 <sup>g</sup>	83 <sup>fg</sup>	79 <sup>cd</sup>	82 <sup>f</sup>	79 <sup>cd</sup>	75 <sup>b</sup>	81 <sup>ef</sup>	77 <sup>bc</sup>	<b>79</b>	<b>3,5</b>
ED 5	55 <sup>a</sup>	64 <sup>c</sup>	72 <sup>f</sup>	70 <sup>e</sup>	63 <sup>c</sup>	67 <sup>d</sup>	63 <sup>c</sup>	59 <sup>b</sup>	67 <sup>d</sup>	61 <sup>b</sup>	<b>64</b>	<b>5,1</b>
ED 8	44 <sup>a</sup>	54 <sup>c</sup>	63 <sup>f</sup>	61 <sup>e</sup>	53 <sup>c</sup>	58 <sup>d</sup>	53 <sup>c</sup>	49 <sup>b</sup>	57 <sup>d</sup>	51 <sup>b</sup>	<b>54</b>	<b>5,5</b>

<sup>1</sup> Mittelwert    <sup>2</sup> Standardabweichung

Verschiedene Hochbuchstaben kennzeichnen signifikante Unterschiede zwischen Proben ( $p < 0.05$ )

a = lösliche Fraktion (% des XP); b = potenziell abbaubare Fraktion (% des XP);

c Abbaurrate von b (%/h); ED 2, 5, 8 = Effektiver Rohproteinabbau für Passageraten von 2, 5, 8 %/h

Wegen der intensiven Hitzeeinwirkung beim Toastungsprozess wird der XP-Abbau bei RES im Vergleich zu Rapssaat bzw. Rapskuchen beträchtlich reduziert (HOMOLKA et al. 2007). In der vorliegenden Untersuchung betrug der effektive XP-Abbau im Mittel  $54 \pm 5,5$  bzw.  $64 \pm 5,1$  % für Passageraten von 8 bzw. 5 %. Diese Werte stimmen gut überein mit Ergebnissen von WOODS et al. (2003), ZEBROWSKA et al. (1997), KENDALL et al. (1991) und SPIEKERS et al.. Im letzteren Bericht auf Basis von 10 RES Proben von deutschen Ölmühlen aus dem Jahr 1999 konnten fast identische Werte ermittelt werden (11 %, 81 %, 11,6 %/h für die Fraktionen a, b und c sowie 78 %, 65 %, 56 % für den effektiven XP-Abbau bei Passageraten von 2, 5 und 8 %/h). Somit kann für RES aus deutschen Ölmühlen ein hoher Gehalt an UDP nach wie vor bestätigt werden.

Offensichtlich ist die Prozessführung bei der Toastung in den Ölmühlen unterschiedlich, was zu der beträchtlichen Variation im XP-Abbau bei den Proben führt. Da keine Angaben zur Prozessführung hinsichtlich Zeit, Temperatur und Druck vorliegen, können die Ergebnisse des XP-Abbaus nicht mit diesen Parametern verglichen werden. Da in der praktischen Rationsberechnung für RES normalerweise mit konstanten Werten für den XP-Abbau bzw. die nXP- und UDP-Gehalte gerechnet wird, führt dies angesichts der vorliegenden Variation in diesen Kennzahlen zu entsprechenden Fehleinschätzungen der Proteinversorgung. Daher wurden multiple Regressionsgleichungen für die Schätzung des XP-Abbaus aus leicht zu ermittelnden analytischen Kennzahlen berechnet (Tabelle 5).

**Tabelle 5: Regressionsgleichungen zur Schätzung des XP-Abbaus bei Rapsextraktionsschroten**

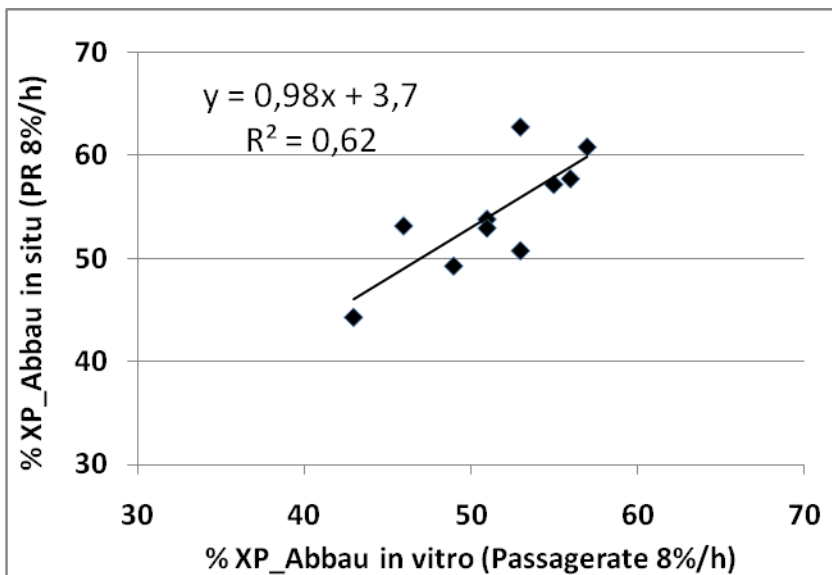
Gleichung	R <sup>2</sup>	RSD
[1] $y = 97,2 - 1,62 \text{ ADiN}$	0,55	7,26
[2] $y = 83,1 - 1,32 \text{ ADiN} + 0,70 \text{ GSL}$	0,68	6,48
[3] $y = 83,0 - 1,13 \text{ ADiN} + 0,71 \text{ GSL} - 0,129 \text{ XL}$	0,74	6,40

y effektiver XP-Abbau (Passagerate 8 %/h) [%]  
ADiN Säuredetergenz-unlöslicher N [g/kg TM]  
GSL Gesamt-Glucosinolate [mmol/kg TM]  
XL Rohfett [g/kg TM]

Die x-Variable mit der höchsten Signifikanz war die Fraktion ADiN, gefolgt von GSL und XL. Mit Gleichung [3] kann der XP-Abbau mit zufriedenstellender Genauigkeit berechnet werden und eine Einstufung unter Praxisbedingungen erfolgen. Eine höhere Toastungsintensität reduziert nach DAKOWSKI et al. (1996) den XP-Abbau. KRISHNAMOORTHY et al. (1982) beobachteten einen Anstieg der Fraktionen ADiN und NDiN in thermisch behandelten Futtermitteln wie getrockneten Biertrebern und Maiskleberfutter. LICITRA et al. (1996) stellten fest, dass durch Temperatureinwirkung die Proteinfraction B2 des CNCPS-Systems abnimmt und sich in den Fraktionen B3 (NDiN - ADiN) und C (ADiN) wiederfindet, was die negative Beziehung des ADiN zum Proteinabbau in den vorliegenden Gleichungen erklärt. Da GSL durch Erhitzung teilweise zerstört werden (SCHÖNE et al. 1997), können deren Gehalte ebenfalls als Maßstab für die Erhitzungsintensität herangezogen werden, vorausgesetzt der native GSL Gehalt der in den Ölmühlen verarbeiteten Rapschargen liegt auf einem vergleichbaren Niveau.

### 3.5. Vergleich des Proteinabbaus *in situ* und *in vitro*

In der vorliegenden Untersuchung wurde der XP-Abbau in den RES-Proben sowohl *in situ* wie auch mit dem HFT *in vitro* untersucht. Wie aus Abbildung 1 ersichtlich ist, zeigen die Methoden eine recht gute Übereinstimmung im XP-Abbau was die Mittelwerte (*in situ* 54 %, *in vitro* 51 %) und die Streubreite betrifft (Achsenabschnitt nahe 0; Steigung nahe 1). Somit stehen für die Ermittlung des Proteinabbaus bei RES grundsätzlich zwei Methoden zur Verfügung, die zu vergleichbaren Ergebnissen führen.



**Abbildung 1: Beziehung zwischen dem Rohproteinabbau *in situ* und *in vitro***

### 3.6. Abbau einzelner Aminosäuren im Vergleich zum XP-Abbau *in situ*

In Tabelle 6 ist der Abbau der einzelnen AS nach 8 und 16 h Inkubationszeit *in situ* im Vergleich zum Abbau des XP dargestellt. Der Abbau steigt von 8 nach 16 Stunden bei allen AS und beim XP. Die Variation zwischen den Proben ist bei diesen Inkubationszeiten noch größer als beim effektiven XP-Abbau (Tabelle 4). Der Abbau des Cysteins ist nach 8 und 16 h ausnahmslos höher als der des XP. Ähnliches gilt für Glutaminsäure sowie eine Reihe weiterer nicht essentieller AS. Bei den essentiellen AS ist der Abbau des Threonins und Valins nach 8 h durchweg niedriger im Vergleich zum XP-Abbau. Ebenso ist der Abbau von Isoleucin und Phenylalanin in den meisten Fällen signifikant niedriger als der des XP. Generell sind signifikante Unterschiede zum XP-Abbau nach 8 Stunden in größerer Häufigkeit festzustellen als nach 16 Stunden. Bei Lysin und Methionin als den bedeutendsten AS in RES ist deren Abbau nur in Einzelfällen vom XP-Abbau verschieden, d.h. die Gehalte dieser AS in den Inkubationsrückständen entsprechen weitgehend denen im RES.

Dieser Befund deckt sich mit Ergebnissen von WEISBJERG et al. (1996), die 15 verschiedene Konzentratfuttermittel einschließlich Rapsprodukten untersucht haben. Diese Autoren fanden im Vergleich zum XP-Abbau einen höheren effektiven Abbau bei Arginin, Cystein und Glutaminsäure, während der Abbau von Isoleucin, Threonin und Valin niedriger war.

**Tabelle 6: *In situ* Abbau des Rohproteins und der Aminosäuren nach 8 und 16 h Inkubation (%)**

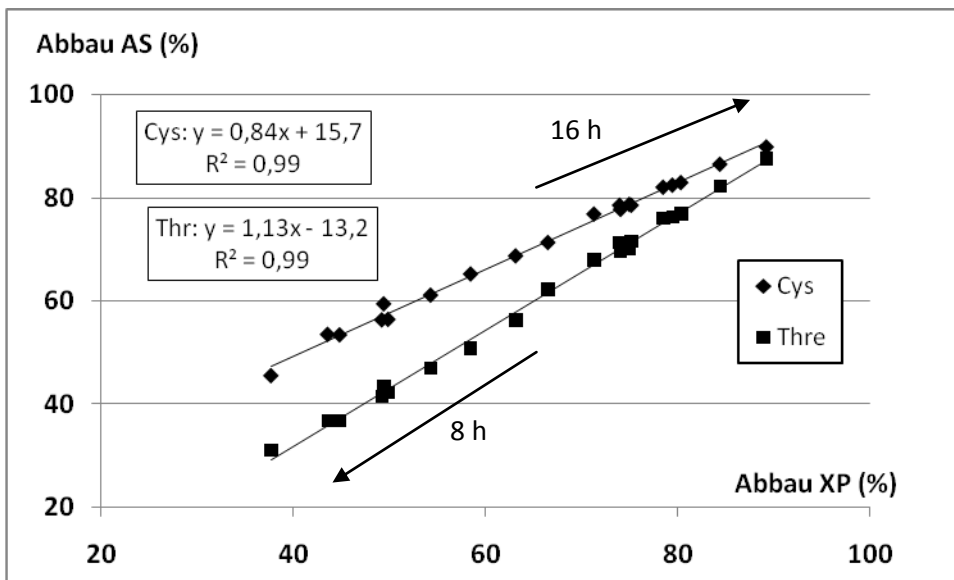
	Rapsextraktionsschrot									
	1		2		3		4		5	
	8h	16h	8h	16h	8h	16h	8h	16h	8h	16h
<b>XP</b>	<b>37,7</b>	<b>66,5</b>	<b>49,9</b>	<b>75,2</b>	<b>75,0</b>	<b>89,2</b>	<b>63,1</b>	<b>84,4</b>	<b>49,2</b>	<b>74,0</b>
Alanin	33,6*	64,4*	45,6*	73,8*	74,7	90,2*	59,8*	84,7	44,7*	73,0
Arginin	38,6	68,1	52,2*	78,0*	78,4*	92,4*	66,1*	87,7*	53,1*	78,1*
Asparaginsäure	32,1*	62,1*	46,8*	73,1*	73,4	89,2	60,2*	84,0	46,4*	72,9
Cystein	45,6*	71,4*	56,5*	78,6*	78,8*	89,9*	68,8*	86,6*	56,4*	78,6*
Glutaminsäure	44,2*	71,9*	57,7*	81,1*	80,7*	93,4*	71,0*	89,3*	56,8*	80,3*
Glycin	37,7	66,6	50,3	75,8	76,4	90,6*	63,4	85,4*	49,7	75,2
Isoleucin	30,4*	59,3*	42,0*	70,6*	71,6*	88,5*	57,2*	83,3*	45,4*	74,1
Leucin	32,7*	63,4*	46,5*	74,0*	75,0	91,0*	60,9	85,2	46,2*	74,1
Lysin	42,3*	66,9	50,7	74,7	75,2	90,1*	62,8	85,2	49,9	74,5
Methionin	35,9	66,1	47,7*	75,2	76,4	91,7*	62,5	86,1*	47,5	75,3
Phenylalanin	29,7*	60,4*	43,7*	71,3*	72,7	89,3	59,3*	83,9	43,1*	71,6*
Prolin	36,1	66,3	50,4	75,7	72,2*	87,8*	62,0	83,8	47,6	74,8
Serin	33,1*	62,7*	44,5*	72,0*	71,9*	88,1*	58,6*	82,5*	42,8*	70,8*
Threonin	31,0*	62,2*	42,2*	71,6*	70,2*	87,6*	56,3*	82,2*	41,5*	71,3*
Valin	30,7*	60,4*	40,4*	71,2*	71,3*	88,2*	56,5*	83,0*	45,9*	74,4
	Rapsextraktionsschrot									
	6		7		8		9		10	
	8h	16h	8h	16h	8h	8h	16h	8h	16h	8h
<b>XP</b>	<b>58,5</b>	<b>79,5</b>	<b>49,4</b>	<b>78,5</b>	<b>43,6</b>	<b>58,5</b>	<b>79,5</b>	<b>49,4</b>	<b>78,5</b>	<b>43,6</b>
Alanin	54,4*	78,5	53,9*	81,1*	39,7*	54,4*	78,5	53,9*	81,1*	39,7*
Arginin	59,5	82,1*	53,1*	82,3*	46,4*	59,5	82,1*	53,1*	82,3*	46,4*
Asparaginsäure	53,7*	77,7	47,4	77,9	38,3*	53,7*	77,7	47,4	77,9	38,3*
Cystein	65,3*	82,5*	59,5*	82,1*	53,6*	65,3*	82,5*	59,5*	82,1*	53,6*
Glutaminsäure	64,9*	84,3*	57,8*	83,7*	51,6*	64,9*	84,3*	57,8*	83,7*	51,6*
Glycin	57,6	79,4	47,7	78,4	43,9	57,6	79,4	47,7	78,4	43,9
Isoleucin	51,4*	78,0	44,0*	78,8	36,9*	51,4*	78,0	44,0*	78,8	36,9*
Leucin	54,6*	79,1	47,4	79,3	39,2*	54,6*	79,1	47,4	79,3	39,2*
Lysin	57,7	79,9	52,4*	80,1*	47,4*	57,7	79,9	52,4*	80,1*	47,4*
Methionin	57,2	80,5	48,9	80,4*	41,7	57,2	80,5	48,9	80,4*	41,7
Phenylalanin	51,5*	77,0*	44,7*	77,3	34,9*	51,5*	77,0*	44,7*	77,3	34,9*
Prolin	55,9	78,8	44,0*	77,0*	43,2	55,9	78,8	44,0*	77,0*	43,2
Serin	52,7*	76,3*	45,2*	75,9*	38,9*	52,7*	76,3*	45,2*	75,9*	38,9*
Threonin	50,8*	76,3*	43,4*	76,0*	36,8*	50,8*	76,3*	43,4*	76,0*	36,8*
Valin	52,5*	76,9*	42,7*	76,6*	36,1*	52,5*	76,9*	42,7*	76,6*	36,1*

\* signifikanter Unterschied ( $p < 0,05$ ) zwischen dem Abbau des Rohproteins und der einzelnen Aminosäuren (innerhalb derselben Spalte)

Die AS-Gehalte der *in situ* Inkubationsrückstände und folglich der daraus berechnete AS-Abbau können durch mikrobielle Kontamination verfälscht werden, da fest an das Substrat anhaftende Bakterien auch durch den Waschgang in der Waschmaschine nicht vollständig entfernt sein können. Um eine mögliche mikrobielle Kontamination abzuschätzen, wurde bei den vorliegenden Inkubationsrückständen nach 16 h der Gehalt an Diaminopimelinsäure (DAP) ermittelt. Unterstellt man einen Gehalt von 1,45 % DAP-N im Gesamt-N von Bakterien (SADIK et al. 1990), beträgt der Anteil des bakteriellen N am Gesamt-N im Mittel  $3,4 \pm 0,3$  % (n=10). Aufgrund dieser geringen Werte wurde bei den vorliegenden Proben keine Korrektur der AS-Gehalte der Inkubationsrückstände infolge mikrobieller Kontamination vorgenommen. Eine Korrektur wäre auch dadurch erschwert, dass die AS-Zusammensetzung der Bakterienfraktion nicht konstant ist (HILDEBRAND et al. 2011).

In Proteinbewertungssystemen auf Basis intestinal verdaulicher AS wie z. B. in Frankreich (RULQUIN et al. 2001) und Skandinavien (MADSEN et al. 1995) ist der quantitative Beitrag der AS aus dem UDP erforderlich. Aufgrund der aufwändigen Analyse der AS im UDP zusätzlich zum Futter wird bei diesen Systemen der XP-Abbau für den AS-Abbau übernommen, d.h. die AS-Zusammensetzung des Futters wird für die des UDP gleichgesetzt (TUORI et al. 1998). Da sich aus den vorliegenden Ergebnissen beim Abbau bei einer Reihe von AS Abweichungen vom XP-Abbau ergaben, würde die Annahme der gleichen AS-Zusammensetzung im Futter und im UDP zu einer fehlerhaften Beurteilung der AS-Versorgung des Wiederkäuers führen. In Tabelle 7 sind daher lineare Regressionsgleichungen für die Berechnung des AS-Abbaus aus dem XP-Abbau zusammengestellt. Diese wurden berechnet aus allen 10 Proben unter Verwendung beider Inkubationszeiten (8 und 16 h). Alle Gleichungen besitzen ein hohes Bestimmtheitsmaß und eine geringe Reststreuung. Auf diese Weise ist eine spezifische und genaue Berechnung des Abbaus einzelner AS aus dem XP-Abbau möglich. Dieses Ergebnis deckt sich mit Befunden von BOILA und INGALLS (1995), die ebenfalls spezifische Formeln zur Schätzung des ruminalen AS-Abbaus aus dem *in situ*-Abbau der TM oder des N berechnet haben. Die vorliegenden Gleichungen (Tabelle 7) haben natürlich nur für RES Gültigkeit. Jedoch bietet diese Vorgehensweise die Möglichkeit, zukünftig für andere wichtige Eiweißfuttermittel entsprechende Gleichungen abzuleiten, um auf diese Weise eine Datengrundlage zu schaffen, die Voraussetzung für die Einführung verbesserter Proteinbewertungssysteme auf der Basis duodenal verfügbarer AS ist.

Die Vorgehensweise ist in Abbildung 2 anhand der Aminosäuren Cystein und Threonin beispielhaft verdeutlicht.



**Abbildung 2: Beziehung zwischen dem XP-Abbau und dem Abbau von Cystein und Threonin**

Die AS Cystein und Threonin wurden in Abbildung 2 ausgewählt, da deren Abbau vom XP-Abbau signifikant verschieden war (Tabelle 6). Es ist aber ersichtlich, dass der Abbau der beiden AS zuverlässig aus dem XP-Abbau geschätzt werden kann und das unterschiedliche Abbauverhalten der AS im Vergleich zum XP in Steigung und Achsenabschnitt der Gleichungen zum Ausdruck kommt.

**Tabelle 7: Lineare Regressionsgleichungen für die Schätzung des Aminosäurenabbaus aus dem Abbau des Rohproteins (x und y jeweils in %)**

Aminosäure	Gleichung	$R^2$	RSD
Alanin	$y = 1,091 x - 7,66$	0,985	2,15
Arginin	$y = 1,020 x + 1,48$	0,997	0,91
Asparaginsäure	$y = 1,079 x - 7,66$	0,994	1,32
Cystein	$y = 0,841 x + 15,72$	0,995	0,91
Glutaminsäure	$y = 0,926 x + 11,22$	0,997	0,86
Glycin	$y = 1,022 x - 1,12$	0,998	0,71
Isoleucin	$y = 1,129 x - 12,40$	0,991	1,70
Leucin	$y = 1,113 x - 9,09$	0,998	0,87
Lysin	$y = 0,945 x + 4,59$	0,993	1,26
Methionin	$y = 1,090 x - 5,97$	0,998	0,62
Phenylalanin	$y = 1,145 x - 13,82$	0,995	1,22
Prolin	$y = 1,023 x - 2,80$	0,992	1,48
Serin	$y = 1,083 x - 9,43$	0,997	0,88
Threonin	$y = 1,126 x - 13,19$	0,997	0,99
Valin	$y = 1,125 x - 12,72$	0,991	1,67

### 3.7. *In vitro* Proteinverdaulichkeit der Rapsschrote und der Inkubationsrückstände

Die Ergebnisse der Pepsin-Pankreatinverdaulichkeit des XP (IPD) der Schrote und der Inkubationsrückstände sind in Tabelle 8 zusammengestellt. Für die Schrote betrug die mittlere IPD  $80 \pm 2,6$  %. Im Vergleich dazu war die Proteinverdaulichkeit in den Inkubationsrückständen niedriger und ging mit längerer Inkubationsdauer zurück ( $58 \pm 4,3$  und  $44 \pm 10,2$  nach 8 und 16 h Inkubation). Die IPD der Schrote lag zwischen 75 und 84 % und war nicht mit dem effektiven XP-Abbau *in situ* korreliert ( $R = 0,19$  für ED 8). Korrelationen mit anderen Inhaltsstoffen, die für die Schätzung des ruminalen Proteinabbaus relevant waren (siehe Tabelle 5), waren nicht signifikant ( $R = -0,53$  für ADiN,  $R = 0,10$  für GSL).

**Tabelle 8: Pepsin-Pankreatinverdaulichkeit des XP *in vitro* (IPD) der Rapsschrote und deren Inkubationsrückstände (%)**

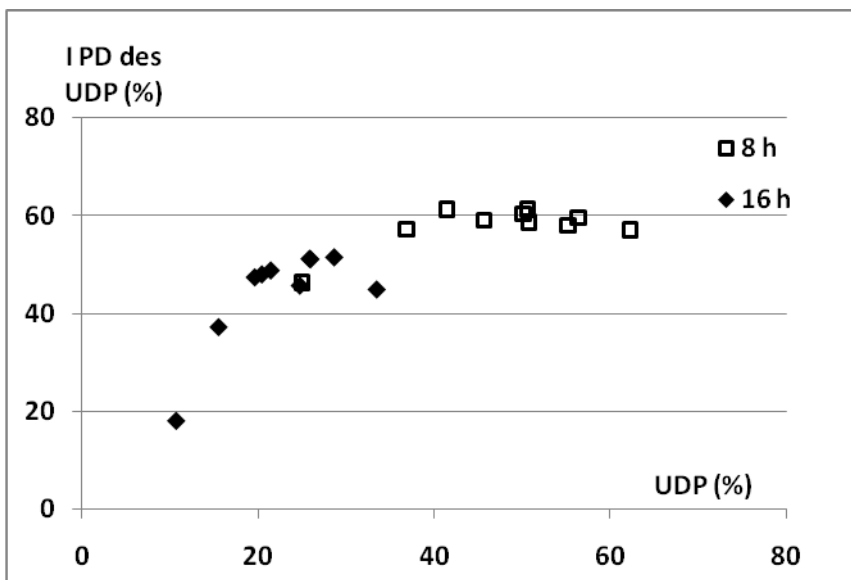
Rapsextraktionsschrot	Inkubationszeit (h)		
	0 (Schrot)	8	16
1	75 <sup>a</sup>	57 <sup>bc</sup>	45 <sup>c</sup>
2	78 <sup>abc</sup>	60 <sup>c</sup>	46 <sup>cd</sup>
3	77 <sup>ab</sup>	46 <sup>a</sup>	18 <sup>b</sup>
4	79 <sup>bd</sup>	57 <sup>bc</sup>	37 <sup>c</sup>
5	81 <sup>cde</sup>	59 <sup>bc</sup>	51 <sup>e</sup>
6	83 <sup>ef</sup>	61 <sup>c</sup>	48 <sup>ce</sup>
7	81 <sup>df</sup>	50 <sup>ab</sup>	49 <sup>de</sup>
8	82 <sup>df</sup>	60 <sup>c</sup>	52 <sup>e</sup>
9	84 <sup>f</sup>	59 <sup>c</sup>	47 <sup>cd</sup>
10	79 <sup>cd</sup>	59 <sup>c</sup>	51 <sup>e</sup>
<b>Mittelwert</b>	<b>80<sup>A</sup></b>	<b>57<sup>B</sup></b>	<b>44<sup>C</sup></b>
<b>Standardabweichung</b>	<b>2,6</b>	<b>4,3</b>	<b>10,2</b>

Verschiedene Hochbuchstaben kennzeichnen signifikante Unterschiede ( $p < 0,05$ ) a,b: zwischen den Proben innerhalb der Spalten, A,B: zwischen den Inkubationszeiten

In Abbildung 3 ist die Beziehung zwischen dem Gehalt an UDP und IPD grafisch dargestellt. Während IPD der 8 h Rückstände in keiner Beziehung zum UDP steht, ist offensichtlich, dass bei der 16 stündigen Inkubation IPD mit geringeren UDP-Anteilen abnimmt. Aufgrund dieses Zusammenhangs kann gefolgert werden, dass die Proteinfractionen, die beständig gegenüber dem ruminalen Abbau sind, auch

schlechter intestinal verdaut werden oder mit anderen Worten, dass die Proteasen mikrobiellen und tierischen Ursprungs ähnliche Proteinfractionen abbauen.

Dieser Befund ist auch für die Proteinbewertung beim Wiederkäuer von hoher Relevanz. Im derzeit gültigen nXP-System (GfE, 2001) wird die wahre Verdaulichkeit der AS des UDP nicht von dem des mikrobiellen Proteins differenziert und einheitlich für alle Futtermittel mit 85 % angenommen. In der vorliegenden Studie wurden jedoch weit geringere Werte gefunden. Die *in vitro* Befunde müssen zwar mit Vorsicht interpretiert werden, geben aber einen Hinweis darauf, dass es zu einer Überschätzung des Beitrages des UDP an der nXP-Versorgung kommt. Es ist jedoch anzunehmen, dass eine solche mögliche Überschätzung nicht spezifisch bei Rapsschroten besteht sondern in entsprechender Weise auch für andere Eiweißfuttermittel gilt.



**Abbildung 3: Beziehung zwischen UDP und IPD des UDP**

#### **4. Schlussfolgerungen**

Die vorliegenden Untersuchungen haben gezeigt, dass RES aus deutschen Ölmühlen im Mittel einen hohen UDP-Anteil von ca. 36 bzw. 46 % des XP bei Passageraten von 5 bzw. 8 %/h enthält. Dadurch werden frühere Untersuchungen bestätigt, bei denen vergleichbare Resultate gefunden wurden. Es liegt daher nahe, den mittleren UDP-Gehalt von RES in den Tabellenwerken von derzeit 30 % auf 35 % anzuheben, wie dies auch von SPIEKERS et al. (2011) dargelegt worden ist. Allerdings wurde auch eine deutliche Variation in den UDP-Gehalten festgestellt, was in der Rationskalkulation bei Anwendung von Mittelwerten zu Fehlbeurteilungen führen

kann. Spezifische RES-Chargen können daher mit Hilfe der chemischen Analyse näher charakterisiert und der XP-Abbau mit den hier vorgestellten Gleichungen geschätzt werden. Durch den ruminalen Abbau verändert sich die Aminosäurezusammensetzung des UDP und dessen intestinale Verdaulichkeit wird herabgesetzt. Dies ist beim derzeit gebräuchlichen Proteinbewertungssystem nach nXP zwar nicht relevant, wird aber in zu entwickelnden Systemen eine Rolle spielen. Es ist jedoch als wahrscheinlich anzunehmen, dass diese Veränderungen auch bei anderen Eiweißfuttermitteln auftreten und nicht spezifisch für RES sind.

## 5. Literatur

- BOILA, R.J., INGALLS, J.R., 1995: Prediction of rumen undegradable amino acids that are digested post-rationally. *Can. J. Anim. Sci.* 75, 583-592.
- BOISEN, S., FERNÁNDEZ, J.A., 1995: Prediction of the apparent ileal digestibility of protein and amino acids in feedstuffs and feed mixtures for pigs by in vitro analyses. *Anim. Feed Sci. Technol.* 51, 29-43.
- CVB (Centraal veevoederbureau), 2000: Veevoedertabel 2000. Gegevens over chemische samenstelling, verteerbaarheid, en voederwaarde van voedermiddelen. Centraal veevoederbureau, Lelystad, NL.
- DAKOWSKI, P., WEISBJERG, M.R., HVELPLUND, T., 1996: The effect of temperature during processing of rape seed meal on amino acid degradation in the rumen and digestion in the intestine. *Anim. Feed Sci. Technol.* 58, 213-226.
- DLG-Futterwerttabellen Wiederkäuer 7. Auflage, 1997. DLG-Verlag Frankfurt.
- FAS/USDA (Foreign Agricultural Service/United States Department of Agriculture): Oilseeds: World Market and Trade. <http://www.fas.usda.gov/cots/oilseeds.asp>. Zugriff 28.01.2011.
- GfE (Gesellschaft für Ernährungsphysiologie), 2001: Empfehlungen zur Energie- und Nährstoffversorgung der Milchkühe und Aufzuchtrinder. DLG-Verlag Frankfurt.
- HILDEBRAND, B., BOGUHN, J., RODEHUTSCORD, M., 2011: Effect of maize silage to grass silage ratio and feed particle size on protein synthesis and amino acid profile in different microbial fractions in a semi-continuous rumen simulation. *Animal* 5, 537-546.
- HOMOLKA, P., HARAZIM, J., TRINÁCTÝ, J., 2007: Nitrogen degradability and intestinal digestibility of rumen undegraded protein in rapeseed, rapeseed meal and extracted rapeseed meal. *Czech J. Anim. Sci.* 52, 378-386.
- HRISTOV, A.N., PRICE, W.J., SHAFII, B., 2005: A meta-analysis on the relationship between intake of nutrients and body weight with milk volume and milk protein yield in dairy cows. *J. Dairy Sci.* 88, 2860-2869.

- KENDALL, E.M., INGALLS, J.R., BOILA, R.J., 1991: Variability in the rumen degradability and postruminal digestion of the dry matter, nitrogen and amino acids of canola meal. *Can. J. Anim. Sci.* 71, 739-754.
- KRISHNAMOORTHY, U., MUSCATO, T.V., SNIFFEN, C.J., VAN SOEST, P.J., 1982: Nitrogen fractions in selected feedstuffs. *J. Dairy Sci.* 65, 217-225.
- LARDY, G.P., CATLETT, G.E., KERLEY, M.S., PATERSON, J.A., 1993: Determination of the ruminal escape value and duodenal amino acid flow of rapeseed meal. *J. Anim. Sci.* 71, 3096-3104.
- LICITRA, G., HERNANDEZ, T.M., VAN SOEST, P.J., 1996: Standardization of procedures for nitrogen fractionation of ruminant feeds. *Anim. Feed Sci. Technol.* 57, 347-358.
- MADSEN, J., HVELPLUND, T., WEISBJERG, M.R., BERTILSSON, J., OLSSON, I., SPÖRNDLY, R., HARSTAD, O.M., VOLDEN, H., TUORI, M., VARVIKKO, T., HUHTANEN, P., OLAFSSON, B.L., 1995: The AAT/PBV protein evaluation system for ruminants. A revision. *Norwegian J. Agric. Sci. Suppl.* 19, 1-37.
- MENKE, K.H., STEINGAB, H., 1987: Schätzung des energetischen Futterwerts aus der *in vitro* mit Pansensaft bestimmten Gasbildung und der chemischen Analyse. II. Regressionsgleichungen. *Übers. Tierernährg.* 15, 59-94.
- MOSHTAGI NIA, S.A., INGALLS, J.R., 1995: Evaluation of moist heat treatment of canola meal on digestion in the rumen, small intestine, large intestine and total tract of steers. *Can. J. Anim. Sci.* 75, 279-283.
- ØRSKOV, E.R., MCDONALD, I., 1979: The estimation of protein disappearance in the rumen from incubation measurements weighted according to rate of passage. *J. Agric. Sci. Camb.* 92, 499-503.
- RAAB, L., CAFANTARIS, B., JILG, T., MENKE, K.H., 1983: Rumen protein degradation and biosynthesis. 1. A new method for determination of protein degradation in rumen fluid *in vitro*. *Br. J. Nutr.* 50, 569-582.
- REZVANI, M.R., KLUTH, H., BULANG, M., RODEHUTSCORD, M.: Verdaulichkeit der Aminosäuren aus Rapsextraktionsschroten bei der Legehennen. [http://www.ufop.de/downloads/UFOP\\_Bericht\\_RES\\_Henne.pdf](http://www.ufop.de/downloads/UFOP_Bericht_RES_Henne.pdf). Zugriff 05.07.2011
- RULQUIN, H., VÉRITÉ, R., GUINARD-FLAMENT, J., 2001: Acides aminés digestible dans l'intestin. Le système AADI et les recommandations d'apport pour la vache laitière. *INRA Prod. Anim.* 14, 265-274.
- SADIK, M.S., HUBER, J.T., KING, K., WANDERLEY, R., DEYOUNG, D., AL-DEHNEH, A., DUDAS, C., 1990: Comparison of nitrogen-15 and diaminopimelic acid for estimating bacterial protein synthesis of lactating cows fed diets of varying protein degradability. *J. Dairy Sci.* 73, 694-702.
- SCHIEMANN, R., NEHRING, K., HOFFMANN, L., JENTSCH, W., CHUDY, A., 1971: Energetische Futterbewertung und Energienormen. VEB Dt. Landwirtschaftsverlag Berlin.

- SCHÖNE, F., RUDOLPH, B., KIRCHHEIM, U., KNAPP, G., 1997: Counteracting the negative effects of rapeseed and rapeseed press cake in pig diets. *Br. J. Nutr.* 78, 947-962.
- SCHUMANN, W., 2005: Untersuchungen zum Glucosinolatgehalt von in Deutschland erzeugten und verarbeiteten Rapssaaten und Rapsfuttermitteln. *UFOP-Schriften*, Heft 27. [http://www.ufop.de/publikationen\\_schriften.php](http://www.ufop.de/publikationen_schriften.php). Zugriff 28.01.2011.
- SPIEKERS, H., SÜDEKUM, K.-H., STEINGAB, H., LEBZIEN, P.: Protein- und Energiewert von Raps- und Sojaextraktionsschrot beim Wiederkäuer. [http://www.ufop.de/downloads/Abschlussber\\_Spiekers.pdf](http://www.ufop.de/downloads/Abschlussber_Spiekers.pdf). Zugriff 05.07.2011
- SPIEKERS, H., LEBZIEN, P., SÜDEKUM, K.-H., KIRCHHOF, S., POTTHAST, V., GRUBER, L., STEINGAB, H., 2011: Proteinwert der Rapsprodukte neu gefasst. *FeedMagazine* 94 (9-10), 20-22.
- STEINGAB, H., LEBERL, P., 2008: *In vitro* Verfahren: Eine notwendige Ergänzung zur Nährstoffanalytik bei Futtermitteln. *Übers. Tierernährg.* 36, 31-46.
- TAN, S.H., MAILER, R.J., BLANCHARD, C.L., AGBOOLA, S.O., 2011: Canola proteins for human consumption: extraction, profile, and functional properties. *J. Food Sci.* 76, 16-28.
- TRIPATHI, M.K., MISHRA, A.S., 2007: Glucosinolates in animal nutrition: A review. *Anim. Feed Sci. Technol.* 132, 1-27.
- TUORI, M., KAUSTELL, K.V., HUHTANEN, P., 1998: Comparison of protein evaluation systems of feeds for dairy cows. *Livest. Prod. Sci.* 55, 33-46.
- UFOP (Union zur Förderung von Öl- und Proteinpflanzen): Produktion, Einfuhr und Ausfuhr von Ölschroten in 1.000 t. <http://www.ufop.de/3805.php>. Zugriff 28.06.2011
- VDLUFA (Verband Deutscher Landwirtschaftlicher Untersuchungs- und Forschungsanstalten), 2006: Handbuch der Landwirtschaftlichen Versuchs- und Untersuchungsmethodik (VDLUFA Methodenbuch), Bd. III: Die chemische Untersuchung von Futtermitteln. VDLUFA-Verlag, Darmstadt.
- WEISBJERG, M.R., BHARGAVA, P.K., HVELPLUND, T., MADSEN, J., 1990: Anvendelse af nedbrydningsprofiler i fodermiddelvurderingen. Report No. 679, National Institute of Animal Science, Foulum, Denmark.
- WEISBJERG, M.R., HVELPLUND, T., HELLBERG, S., OLSSON, S., SANNE, S., 1996: Effective rumen degradability and intestinal digestibility of individual amino acids in different concentrates determined in situ. *Anim. Feed Sci. Technol.* 62, 179-188.
- WOODS, V.B., MOLONEY, A.P., O'MARA, F.P., 2003: The nutritive value of concentrate feedstuffs for ruminant animals. Part II. In situ ruminal degradability of crude protein. *Anim. Feed Sci. Technol.* 110, 131-143.
- ZEBROWSKA, T., DŁUGOŁĘCKA, Z., PAJAK, J.J., KORCZYŃSKI, W., 1997: Rumen degradability of concentrate protein, amino acids and starch, and their digestibility in the small intestine of cows. *J. Anim. Feed Sci.* 6, 451-470.



**UNION ZUR FÖRDERUNG  
VON OEL- UND PROTEINPFLANZEN E. V.  
Claire-Waldoff-Straße 7 • 10117 Berlin  
[info@ufop.de](mailto:info@ufop.de) • [www.ufop.de](http://www.ufop.de)**