

# Schätzung des standardisiert praecaecal verdaulichen Rohproteins und der Aminosäuren beim Schwein mittels einer chemischen Labormethode

Valérie Schumacher, Saskia Kehraus, Karl-Heinz Südekum

Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn

## Einleitung

Gesamtziel der hier vorgestellten Labormethode zur Schätzung des standardisiert praecaecal verdaulichen Rohproteins (spcvXP) und der Aminosäuren (spcvAS) ist es, einen Beitrag zu einer adäquaten AS-versorgung von Schweinen zu leisten und damit auch Leistung und Tiergesundheit zu unterstützen, sowie Stickstoffüberschüsse zu vermeiden. Dies lässt sich durch eine präzise Proteinbewertung des Futters erreichen. Die Proteinbewertung erfolgt nach GfE seit 2006 auf Basis des spcvXP. *In vivo* wird diese Kenngröße bisher mit einer invasiven Methode bestimmt und *in vitro* häufig mit einer aufwändigen und bisher wenig etablierten enzymatischen Methode (Boisen und Fernandez 1995). Daher sollte eine Labormethode auf Basis chemischer Analysen zur Schätzung des spcvXP beim Schwein entwickelt werden. Analog zur XP-Fraktionierung beim Wiederkäuer nach Licitra et al. (1996) wird anhand des Neutral-Detergenzien- (NDUXP) oder Säure-Detergenzien-unlöslichen Rohproteins (ADUXP) das spcvXP geschätzt. Die Labormethode basiert auf dem Wissen, dass Schweine zu den Dickdarmfermentierern gehören, entsprechend sind NDUXP bzw. ADUXP im Dünndarm weitgehend unverdaulich. Hingegen steht dem Tier das ND-lösliche (NDLXP) bzw. das AD-lösliche Rohprotein (ADLXP) am Dünndarm zur Verfügung, welches wie folgt berechnet werden kann:

$$\text{NDLXP} = \text{XP}_{\text{Futter}} - \text{NDUXP}$$

Gleiches gilt auch für ADLXP und entsprechende AS. Die hier beschriebene Vorgehensweise ähnelt derjenigen für die Proteinbewertung beim Pferd (GfE 2014).

## Material und Methoden

Ein umfangreicher Probenpool von über 80 Einzelfuttermitteln wurde uns von der Universität Hohenheim zur Verfügung gestellt, deren spcvXP und spcvAS bereits *in vivo* am Schwein bestimmt wurde. Der Probenpool setzte sich zusammen aus 32 Getreiden (unterschiedlicher Art und Genetik), Rapsfuttermitteln (Rapskuchen, unbehandelte und thermisch behandelte Rapsextraktionsschrote), Sojaprodukten (Sojaextraktionsschrote, Sojakuchen, unbehandelte, extrudierte und thermisch behandelte Vollfettojabohnen), Ackerbohnen (unterschiedliche Trypsininhibitoraktivitäten (TA) und Tanningehalte), Erbsen (unterschiedliche TA), Lupinen und speziellen Proben (Weizenkleber, Fischmehle, Sojaproteinkonzentrate, Erbsen- und Sojaproteinisolat). Diesen Proben wurden nach bestimmten N-haltigen Verbindungen kategorisiert, wie z. B. Maillard-Reaktionsprodukte oder/und Tannin-Proteinkomplexe, die im ADUXP erfasst werden. Daher wurde für Proteinquellen das ADUXP und für Getreide, welche z. B. nicht thermisch behandelt wurden, bei denen keine Maillardprodukte und auch keine Tannine zu erwarten sind, das NDUXP bestimmt. Die Isolierung des NDUXP bzw. ADUXP erfolgte nach Licitra et al. (1996) und die N-Bestimmung im Rückstand nach Kjeldahl (VO (EG) 152/2009, Anhang III, C). Eine Schätzgleichung für spcvXP wurde anhand der kalkulierten NDLXP-Gehalte und des *in vivo* spcvXP abgeleitet. Eine ähnliche Vorgehensweise gilt auch für ADLXP bzw. AS. Die Bestimmung der AS-Gehalte in den ND- bzw. AD-Rückständen erfolgte mit HPLC (VO (EG) 152/2009, Anh. III, F, G). Die statistische Auswertung erfolgte mit R Studio (Version 2022). Zunächst wurde eine Rohdatenanalyse vorgenommen und daraufhin die Entscheidung für das lineare Modell getroffen. Das lineare Modell für die Regressionsanalyse lautet:

$$y = a x + b \quad \text{mit } y = \text{spcvXP}, x = \text{NDLXP}$$

Eine Schätzgleichung für das spcvXP wurde aus dem linearen Modell abgeleitet. Die beschriebene Regressionsanalyse und die daraus abgeleitete Schätzgleichung wurden für die Validierung verwendet. Gleiches gilt auch für ADLXP und AS. Um das geschätzte spcvXP für die Validierung zu erhalten, wurde

aus den NDUXP-Gehalten aus der Referenz (Ref.) das NDLXP berechnet und in die Schätzgleichung eingesetzt. Das auf diese Weise geschätzte spcvXP und die in der Ref. angegebene Werte der *in vivo* spcvXP für die identischen Proben wurden dann zur Validierung in das lineare Modell eingesetzt.

### Ergebnisse und Diskussion

Für alle Proben wurde das *in vivo* spcvXP aus der Ref. gegen die Werte für das NDLXP für Getreide und ADLXP für Proteinquellen aufgetragen (Abb. 1). Daraus ergibt sich die Schätzgleichung für alle Proben:

$$y = 0,8640 x - 13,372 \quad R^2 = 0,962 \quad [1]$$

mit  $y$  = geschätztes spcvXP (g/kg Trockenmasse [TM]),  $x$  = NDLXP bzw. ADLXP (g/kg TM)

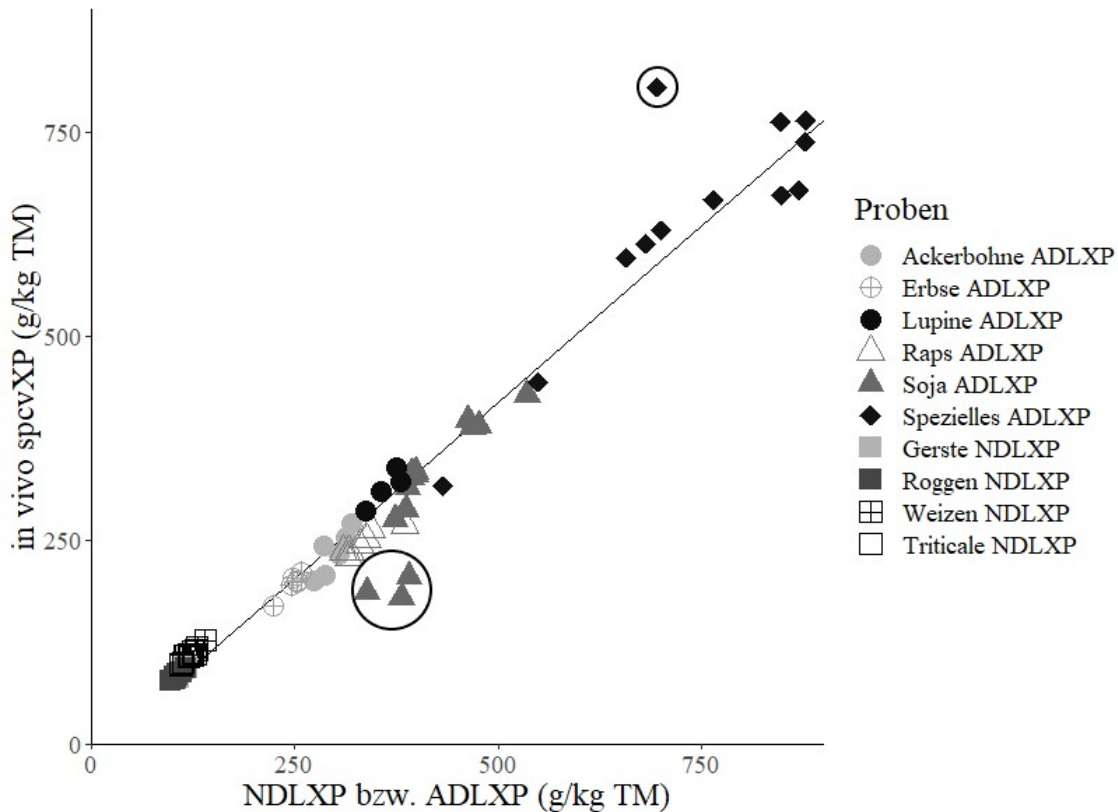


Abb. 1: Regression des *in vivo* spcvXP gegen Detergenzien-unlösliches XP von Getreide und Proteinquellen

Die Getreidevarianten befinden sich im unteren Bereich und die Proteinquellen im oberen Bereich der Abb. 1, wobei drei Werte besonders auffallen. Hierbei handelt es sich um nicht ausreichend oder sehr wenig thermisch behandelte Vollfettsojabohnen ( $TA > 7$  g/kg TM), die aufgrund der hohen TA so üblicherweise nicht in der Schweinefütterung eingesetzt werden. Ein weiterer auffälliger Wert ist bei einem von drei Weizenklebern zu erkennen. Dabei handelt es sich um einen hydrolysierten Weizenkleber, für den es zur Art oder Intensität der Behandlung keine weiteren Angaben gab. Da ADUXP sehr niedrig war, also nach der Isolierung kaum Rückstand zur Analyse vorhanden war, ist der ADLXP Wert hoch. Die vier auffälligen Proben sind in der beschriebenen Regressionsanalyse mit aufgeführt und markiert. Nach Entfernung der vier auffälligen Proben erhöhte sich das Bestimmtheitsmaß auf  $R^2 = 0,976$ . Für die Getreideproben wurde das *in vivo* spcvXP aus der Referenz gegen NDLXP aufgetragen, wobei eine Gruppierung in Weizen/Triticale und Roggen/Gerste zu sehen war. Daraus ergeben sich die Schätzgleichungen für Weizen/Triticale bzw. Roggen/Gerste:

$$\text{Weizen/Triticale: } y = 0,8979 x + 0,438 \quad R^2 = 0,908 \quad [2]$$

$$\text{Roggen/Gerste: } y = 0,9076 x - 11,826 \quad R^2 = 0,896 \quad [3]$$

y = geschätztes spcvXP (g/kg TM), x = NDLXP (g/kg TM)

Für Getreide wurde eine Validierung durchgeführt. Dazu wurden Literaturdaten aus Jondreville et al. (2000), Jondreville et al. (2001) und Leterme et al. (2000) verwendet und die berechneten NDLPX-Gehalte für alle Proben in die Schätzgleichung [1] eingesetzt. Obwohl das Probenmaterial aus der Literatur so unterschiedlich war, zeigt sich ein hohes Bestimmtheitsmaß von  $R^2 = 0,955$ .

Für die Aminosäuren wurden die *in vivo* spcvAS der Proben aus Hohenheim gegen die Werte für die NDLPX und ADLPX aufgetragen. Daraus ergaben sich am Beispiel Methionin die folgenden Schätzgleichungen für alle Proben und für die Getreidegruppen Weizen/Triticale bzw. Roggen/Gerste:

$$\text{Alle Proben: } y = 0,948 x + 0,150 \quad R^2 = 0,957 \quad [4]$$

$$\text{Weizen/Triticale: } y = 0,886 x + 0,095 \quad R^2 = 0,963 \quad [5]$$

$$\text{Roggen/Gerste: } y = 0,755 x + 0,151 \quad R^2 = 0,975 \quad [6]$$

y = geschätztes spcvMet (g/kg TM), x = NDLMet (g/kg TM)

Für den gesamten Probensatz lagen die Bestimmtheitsmaße für alle Aminosäuren im Bereich zwischen  $R^2=0,982$  (Arginin) und  $R^2=0,773$  (Prolin). Für Weizen/Triticale lag das Bestimmtheitsmaß zwischen  $R^2=0,817$  (Glycin) und  $R^2=0,999$  (Tryptophan). Für Roggen/Gerste eher zwischen  $R^2=0,687$  (Glycin) und  $R^2=0,986$  (Valin) mit einem Ausreißer bei Prolin mit  $R^2=0,402$ .

## Schlussfolgerung

Die Bestimmung von NDLPX und ADLPX bzw. NDLPX und ADLPX ist eine Routineanalyse, die auch für die Proteinbewertung beim Wiederkäuer genutzt wird. Somit stellt die hier beschriebene schnelle Labormethode eine sehr gute Alternative zur *in vitro*-Enzym-Methode zur Schätzung des spcvXP bzw. der spcvAS dar. Ringversuche im VDLUFA (unveröffentlichte Daten) zeigen eine sehr gute Vergleichbarkeit der NDLPX-Werte zwischen den Laboren (relative Vergleichsstandardabweichung: 3 %). Ein weiteres Projekt für Geflügel ist vor kurzem gestartet.

## Literatur

Boisen, S., Fernandez, 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. *Animal Feed Science Technology* 51, 29-43.

GfE [Gesellschaft für Ernährungsphysiologie] (2006) Empfehlung zur Energie- und Nährstoffversorgung bei Schweinen. DLG-Verlag, Frankfurt am Main.

GfE [Gesellschaft für Ernährungsphysiologie] (2014) Empfehlungen zur Energie- und Nährstoffversorgung von Pferden. DLG-Verlag, Frankfurt am Main.

Jondreville, C., van den Broecke, J., Grosjean, F., Van Cauwenberghe, S., Gâtel, F. (2000) Ileal true digestibility of amino acids in wheat milling by-products for pigs. *Annales de Zootechnie* 49, 55-65.

Jondreville, C., van den Broecke, J., Gâtel, F., Grosjean, F., Van Cauwenberghe, S., Sève, B. (2001) Ileal digestibility of amino acids and estimates of endogenous amino acid losses in pig fed wheat, triticale, rye, barley, maize and sorghum. *Animal Research* 50, 119-134.

Leterme, P., Souffrant, W.-B., Théwis, A. (2000) Effect of barley fibres and barley intake on the ileal endogenous nitrogen losses in piglets. *Journal of Cereal Science* 31, 229-239.

Licitra, G., Hernandez, T.M., Van Soest, P.J. (1996) Standardization of procedures for nitrogen fraction of ruminant feeds. *Animal Feed Science and Technology* 57, 347-358.

Verordnung (EG) Nr. 152/2009 der Kommission vom 27. Januar 2009 zur Festlegung der Probenahmeverfahren und Analysemethoden für die amtliche Untersuchung von Futtermitteln (ABl. L 54 S. 1). Zuletzt geändert durch Art. 1 VO (EU) 2022/893 vom 7.6.2022.