



Schätzung des standardisiert praecaecal verdaulichen Rohproteins mittels einer einfachen Labormethode für Schweinefutter

Valérie Schumacher, Saskia Kehraus
Rheinische Friedrich-Wilhelms-Universität Bonn, Institut für Tierwissenschaften

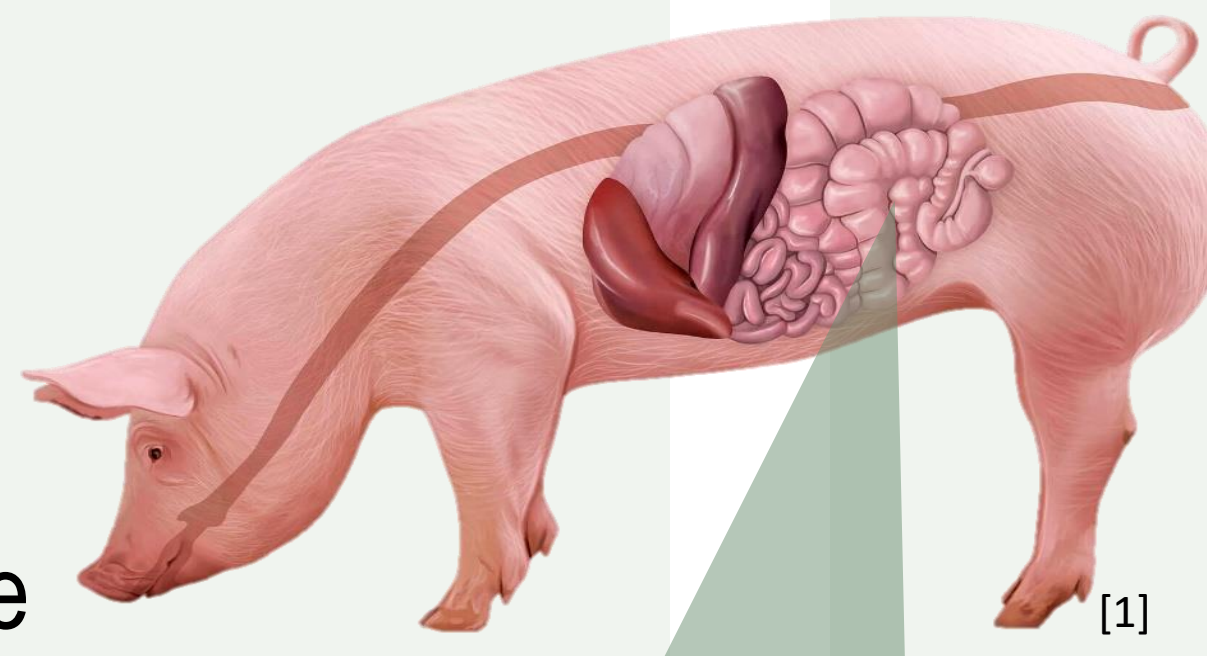
HINTERGRUND

Seit 2006: Proteinbewertung auf Basis des standardisiert praecaecal verdaulichen Rohproteins (spcvXP) (GfE, 2006)

Problem

In vivo: invasive Vorgehensweise

In vitro: nicht standardisierte, zeitaufwändige enzymatische Methode (Boisen und Fernandez 1995)

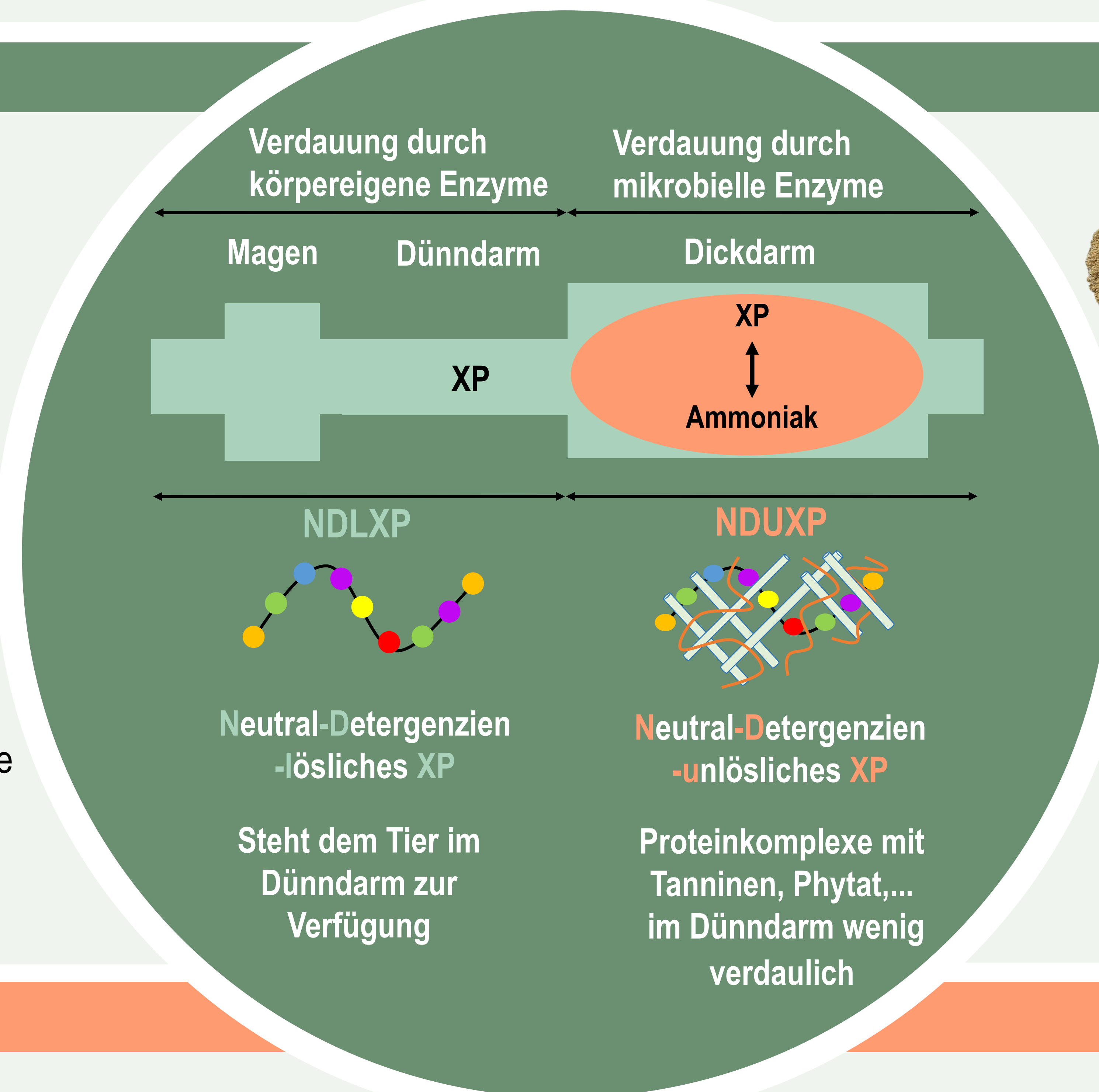


Adäquate Proteinversorgung von Schweinen

- ✓ Sicherstellung von Leistung und Tiergesundheit
- ✓ Vermeidung von N-Überschüssen
- ✓ Präzise Bewertung: bedarfsangepasste Futtermittel
- ✓ Schnelle, standardisierte und entsprechend gut vergleichbare Labormethode zur Schätzung des praecaecal verdaulichen Rohproteins (XP)

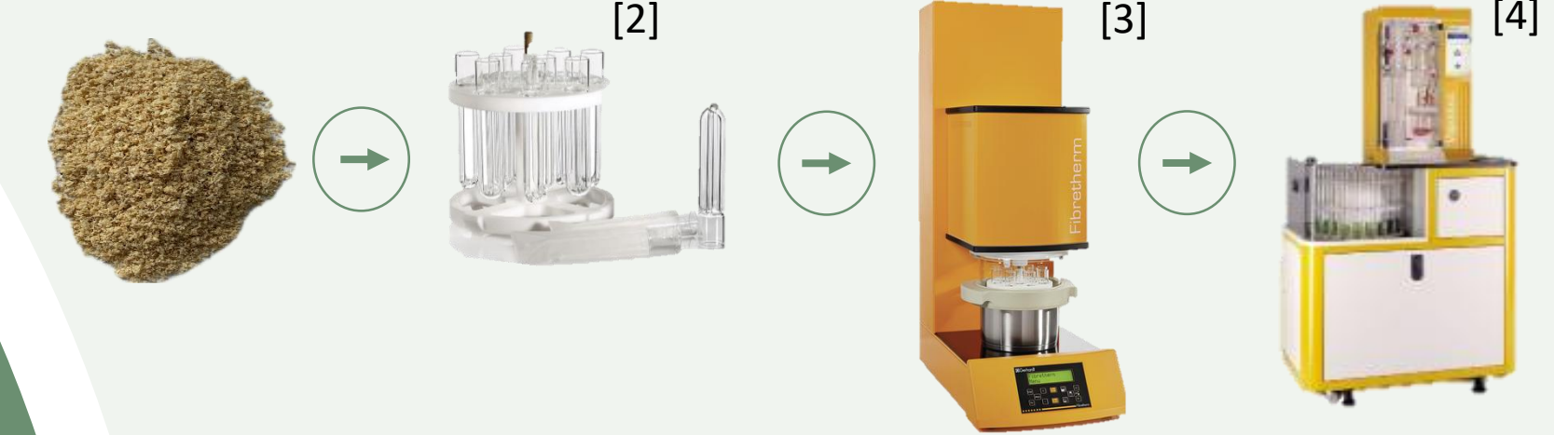
MATERIAL

- Einzigartig großer Probenpool von über 80 Einzelfuttermitteln aus Grain Up Projekt der Universität Hohenheim
- spcvXP bereits *in vivo* am Schwein bestimmt
- Probenpool bestand aus: Getreideproben, Rapsfuttermitteln, Sojaprodukten, Ackerbohnen, Erbsen, Lupinen und deren versch. Verarbeitungsprodukte
- Kategorisierung nach N-haltigen Verbindungen z.B. Maillardprodukte oder Tannin-Proteinkomplexe
- Für Proteinquellen: ADUXP
- Für Getreide: NDUXP



METHODE

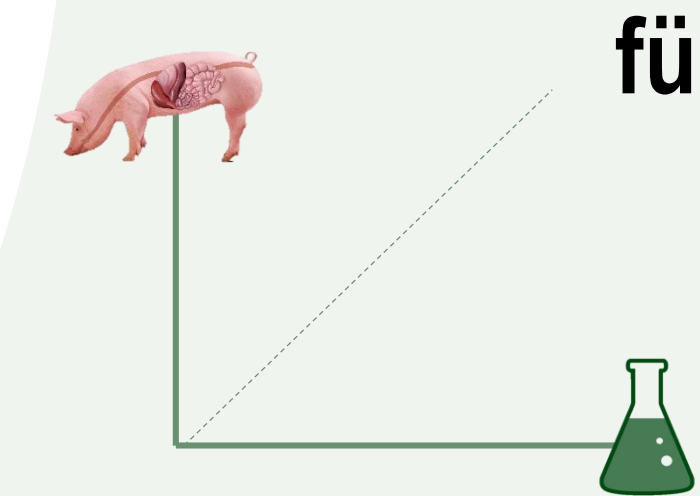
1. NDUXP bzw. ADUXP Analyse



2. NDUXP /ADLXP Berechnung

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

3. Erstellung einer Regression für spcvXP mit *in vivo* und Labordaten

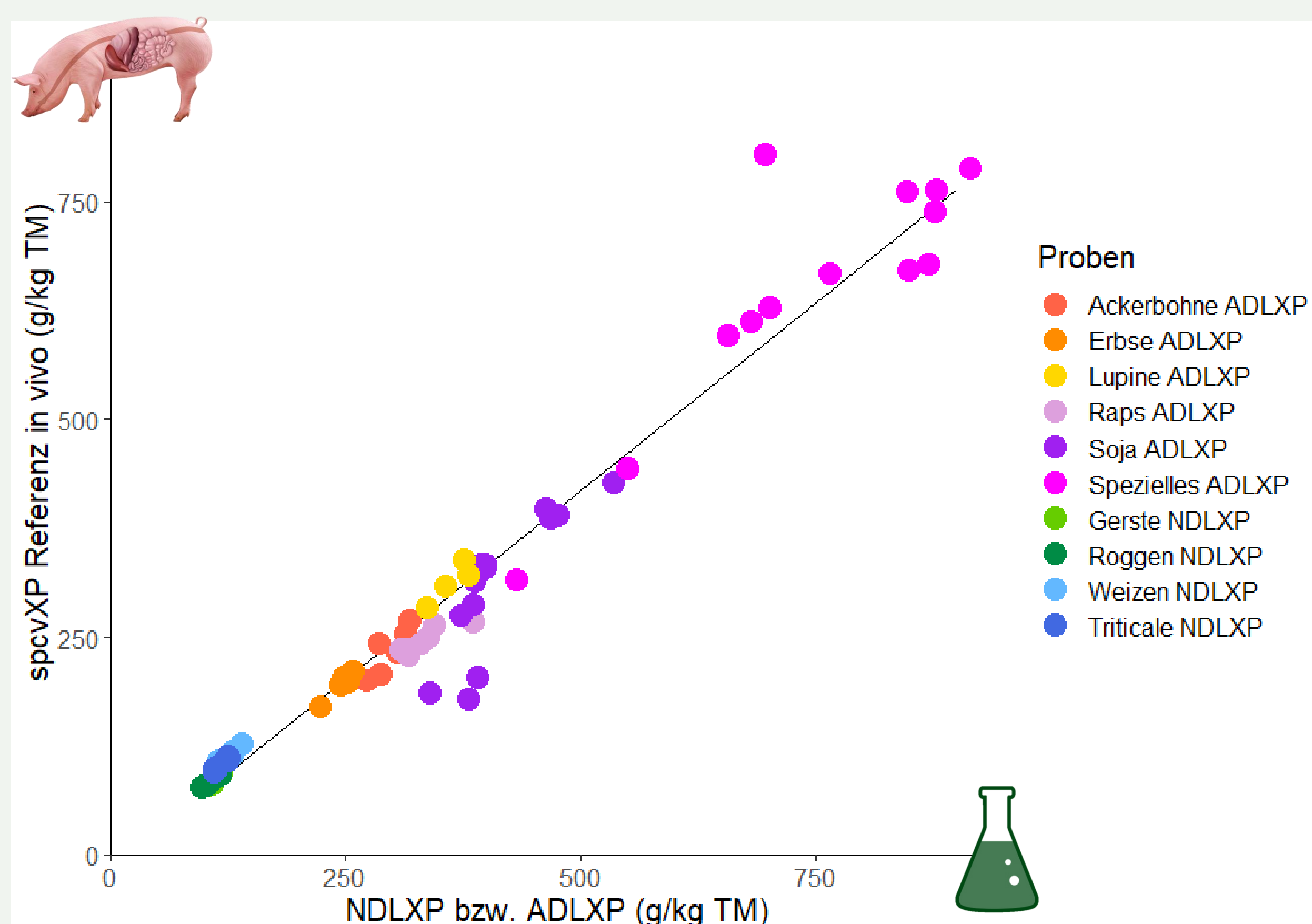


4. Erstellung einer Schätzgleichung

$$y = a \cdot x + b$$

ERGEBNISSE

Alle Proben



$$y^* = 0,8640 \text{ (SE 0,019)} \cdot x - 13,372 \text{ (SE 7,479)}, R^2 = 0,962, \text{ RMSE} = 38,61$$

Getreide

Einzelbetrachtung für Getreideproben mit Gruppierung: Triticale+Weizen

$$y^* = 0,963 \text{ (SE 0,078)} \cdot x - 7,405 \text{ (SE 9,435)}, R^2 = 0,916, \text{ RMSE} = 2,231$$

Gerste+Roggen

$$y^* = 0,908 \text{ (SE 0,083)} \cdot x - 11,826 \text{ (SE 8,938)}, R^2 = 0,896, \text{ RMSE} = 1,767$$

* $y = \text{spcvXP}$ Referenz *in vivo* (g/kg TM), $x = \text{NDLXP}$ bzw. ADLXP (g/kg TM)
 $R^2 =$ Bestimmtheitsmaß, SE = Standard Error, RMSE = Root Mean Square Error

SCHLUSSFOLGERUNG

- Bestimmung von NDUXP und ADUXP standardisierte Methode (VDLUFA 2023)
→ Einfache Etablierung im Labor
- Gute und schnelle Alternative zur *in vitro*-Methode (Boisen und Fernandez 1995)
- Steigerung von Tierwohl (Reduzierung *in vivo*-Versuchen) und Tiergesundheit (Reduzierung Ammoniak-Emissionen im Stall)
- Bessere und schnellere Einschätzung von Futtermitteln aus neuen Züchtungen bzw. verschiedener Verarbeitungsverfahren
- Einfache Anwendung mittels einer Formel für alle Futtermittel
- Zusätzlich Schätzung speziell für Getreide möglich
- Gleiche Methode zeigte auch für Aminosäuren gute Ergebnisse
- Übertragbarkeit auf Hühnergeflügel wird im Folgeprojekt getestet

DANKSAGUNG

Ein besonderer Dank gilt der Universität Hohenheim für die Bereitstellung des Probenmaterials.

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. Anim. Feed Sci. Technol. 51, 29-43.

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

VDLUFA-Verband Deutscher Landwirtschaftlicher Untersuchungs- und Forschungsanstalten, 2023. Methode 4.13.2, Rohproteinfraktionierung. In: Verband Deutscher Landwirtschaftlicher Untersuchungs- und Forschungsanstalten, Handbuch der Landwirtschaftlichen Versuchs- und Untersuchungsmethodik (VDLUFA-Methodenbuch). Bd. III Die chemische Untersuchung von Futtermitteln. VDLUFA-Verlag, Darmstadt, Germany.