Institut für Tierernährung und Futtermittel
Spargelfeldstraße 191

1. Zwischenbericht
DaFNE-Projekt Nr. 101351/2

Bewertung des Proteingehaltes sowie der Aminosäurezusammensetzung des österreichischen Körnermaissortiments

Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit GmbH
Spargelfeldstraße 191 l 1220 Wien l ÖSTERREICH l www.ages.at
DVR: 0014541 l Registergericht: Handelsgericht Wien l Firmenbuch: FN 223056z l UID: ATU 54088605

Inhaltsverzeichnis

Zusammenfassung 3
Summary 4
Abkürzungsverzeichnis 5
Tabellenverzeichnis 6
Abbildungsverzeichnis 6
1. Einleitung 7
2. Struktur des Projektes 8
2.2. Förderung 8
2.3. Probenauswahl 2019 8
2.4. Methoden 10
2.2.1. Feuchtigkeitsgehalt 10
2.2.2. Proteinbestimmung 10
2.2.3. Aminosäuren (außer Tryptophan) 11
2.2.4. Tryptophan 11
3. Ergebnisse 2018 12
3.1. Proteingehalt 12
3.1.1 Reifegruppe 12
3.1.2. Sorten 13
3.2. Aminosäuregehalte 17
3.2.1. Sorten 20
3.3. NIRS 21
4. Ergebnisbewertung 23
5. Ausblick für 2020 und 2021 24
6. Literatur 24
Anhang zusätzliche Ergebnisse 25

Autoren: Wilhelmer, Carmen; Reiter, Elisabeth; Mechtler, Klemens, Alber, Oliver; Dersch, Georg, Felder Hans (2019). 1. Zwischenbericht DaFNE-Projekt Nr. 101351/2 Bewertung des Proteingehaltes sowie der Aminosäurezusammensetzung des österreichischen Körnermaissortiments

Zusammenfassung

Die Analyse von 486 Körnermaisproben der Ernte 2018 zeigte, dass der in Futterwerttabellen angegebene Proteingehalt von 9 % in der Frischmasse (10,2 % TM) im Mittel nicht erreicht wird. Frühe Reifegruppen zeigten höhere Proteingehalte als späte Reifegruppen. Die Streuung des Proteins zwischen 6,9 % – 10,8 % pro kg TM verdeutlicht die Unterschiede zwischen den Sorten und Reifegruppen. Die deutlich höheren Erträge der späten Reifegruppen III und IV zeigten trotz deutlicher geringerer Proteingehalte, höhere Proteinerträge je Hektar als die Reifegruppen I und II. Einige Sorten zeigten sowohl hohe Proteingehalte als auch hohen Proteinerträge.

Der Gehalt an proteinogenen Aminosäuren wurde in 202 Maisproben bestimmt. Im Vergleich zur Literatur zeigten die Ergebnisse geringere Gehalten an den Aminosäuren, Thyrosin und Asparagin, vergleichbare Gehalte an Typtophan, Methionin und Threonin und höhere Gehalte an Lysin und Cystein.

Eine Abnahme der Aminosäuregehalte lässt sich wie auch bei den Proteingehalten mit zunehmender Reifezahl (Reifegruppe 1 höhere Gehalte als Reifegruppe III und VI) erklären. Schwankungen der Aminosäuregehalte zwischen den verschiedenen Sorten wurden ebenfalls beobachtet. Dies wurde vor allem an den Aminosäuren Isoleucin, Methionin, Valin, Cystein und Arginin offensichtlich. Zudem wurden wechselseitige Beziehungen verschiedener Aminosäuren festgestellt.

Die erste Evaluierung der NIRS Analytik zeigte gute Korrelationen des Proteingehaltes und auch einzelner Aminosäuren (z.B. Asparagin, Threonin, Prolin oder Thyrosin). Hinsichtlich Stickstoffentzug kann aufgrund der Ergebnisse 2018 davon ausgegangen werden kann, dass derzeit für die Gruppe I eine fast richtige Annahme des Stickstoffentzuges vorliegt, für die anderen Gruppen derzeit ein um 1- 2 kg zu hoher N-Entzug pro Tonne angenommen wird.

Summary

Within the analysis of 486 maize samples, harvested in 2018, the average protein content of 9 % (10.2 % in dry matter) as laid down in feed value tables was not achieved. Early maturity groups showed higher protein contents than late maturity groups. The protein contents ranging from 6.9 % to 10.8 % per kg dry matter illustrated the differences between the varieties and maturity groups. The higher yields of the late maturity groups III and IV showed higher protein yields per hectare than the maturity groups I and II despite lower protein contents. However, some varieties showed both high, protein contents and high protein yields.

The content of proteinogenic amino acids was determined in 202 maize samples. Compared to the literature the results showed lower levels of the amino acids, tyrosine and asparagine, comparable levels of tryptophan, methionine and threonine and higher levels of lysine and cysteine.

A decrease of the amino acid contents can be explained similarly to the protein contents, with increasing FAO number (maturity group I show higher contents than maturity groups III and VI). Variations of the amino acid contents between different varieties were also observed. This was particularly shown in the amino acids isoleucine, methionine, valine, cysteine and arginine. In addition, interrelations between different amino acids were also identified.

The first evaluation of the NIRS analysis showed high correlations between protein content and individual amino acids (e.g. asparagine, threonine, proline or tyrosine). Regarding nitrogen output, the results from 2018 show that an almost correct assumption of nitrogen output exists for group I, for the other groups nitrogen output is currently assumed 1 - 2 kg per ton to high.

Abkürzungsverzeichnis

ALA .....Alanin
ARG.....Arginin
ASP .....Asparagin
BSL .....Beschreibende Sortenliste
CYS .....Cystein
DLG.....Deutsche Landwirtschafts-Gesellschaft
Dt.....Dezitonnen
GLU .....Glutamin
GLY .....Glysin
HIS.....Histitin
ICC.....International Association for Cereal Science and Technology
ILE .....Isoleucin
LEU .....Leucin
LYS .....Lysin
MET .....Methionin
N.....Stickstoff
PHE .....Phenylalanin
PRO.....Prolin
RPRT .....Rohprotein (% TM)
RPSQ.....Proteinertrag (dt)
SER .....Serin
THR.....Threonin
TM .....Trockenmasse
TRY .....Tryptophan
TS .....Trockensubstanz
TYR .....Thyrosin
VAL .....Valin
WP .....Sortenwertprüfung

Tabellenverzeichnis

Tabelle 1: Probenanzahl für die Rohprotein-Untersuchungen nach Reifgruppe und Standort 9
Tabelle 2: Probenanzahl für die Aminosäure-Untersuchungen nach Reifgruppe und Standort 9
Tabelle 3: Ergebnisse der Proteinuntersuchung 12
Tabelle 4: Durchschnittliche Aminosäuregehalte des Österreichischen Körnermaissortimentes..... 17
Tabelle 5: Durchschnittliche Aminosäuregehalte (mass% in TS) des Österreichischen Körnermaissortimentes über alle Reifegruppen 19
Tabelle 6: Aminosäuregehalte g je 100 g Protein des Österreichischen Körnermaissortimentes 20
Tabelle 7: Übersicht Stickstoffentzug und Rohproteingehalt für N-Bilanz 23
Tabelle 8: Aminosäurengehalte über die einzelnen Reifegruppen. 29

Abbildungsverzeichnis

Abbildung 1: WP2-Standorte der Mais-Proben 2018 10
Abbildung 2 Überblick über die Rohproteingehalte (RPRT) sowie dem Proteinertrag 13
Abbildung 3: Rohproteingehalt (% TM) und Proteinertrag der Reifegruppen I, Reifegruppe II, Reifegruppe III und Reifegruppe IV 14
Abbildung 4 Proteingehalt versus Proteinertrag über alle Sorten und Reifegruppen 16
Abbildung 5: Durschnittliche Aminosäuregehalte (g/100 g Protein über die Reifegruppen und Zusammensetzung des Maisproteins gemäß Literatur (Kirchgeßner, Roth et al. 2011) 18
Abbildung 6: Korrelationen einzelner Aminosäuren zueinander Lysin-Arginin, Methionin-Cystein, Thyrosin-Phenylalanin und Valin-Isoleucin 19
Abbildung 7:Gehalte ausgewählter Aminosäuren in Sorten der RG 1 20
Abbildung 8: Balkendiagramm Sorten mit niedrigen AS-Gehalten und Sorten mit hohen AS-Gehalten je Reifegruppe 21
Abbildung 9: Beispiel einer Validierung für die NIRS-Analytik 22
Abbildung 10: Reifegruppe I Proteingehalt und Proteinertrag über alle Standorte 25
Abbildung 11: Reifegruppe II Proteingehalt und Proteinertrag über alle Standorte 26
Abbildung 12: Reifegruppe III Proteingehalt und Proteinertrag über alle Standorte 26
Abbildung 13: Reifegruppe IV Proteingehalt und Proteinertrag über alle Standorte 27
Abbildung 14: Zusammensetzung ausgewählter Aminosäuren in den Sorten der Wertprüfung 32
Abbildung 15: Ertrag in dt/ha und Rohproteingehalt 33

1. Einleitung

Hintergrund des Projektes „Bewertung des Proteingehalts sowie der Aminosäurezusammensetzung des österreichischen Körnermaissortiments" ist die Beobachtung einer merklichen Verdünnung des Eiweißgehaltes bei einem gleichzeitig zunehmenden Ertrag in den letzten Jahren. Analysen der Landwirtschaftskammern Steiermark (2005, 2007 und 2008) und Oberösterreich (2017) zeigten Rohproteingehalte von durchschnittlich 8 % in der Frischmasse. Die Proteingehalte der Futterwerttabellen des Landes Oberösterreich mit 9% in der Frischmasse (10,2 % in Trockenmasse) wurden jedoch nicht erreicht (LK Oberösterreich 2016).

Maisreiche Rationen sind in Österreich besonders in der Schweine- und Geflügelproduktion bewährte Praxis. Die Quantität und Qualität von Körnermais ist daher von entscheidender Bedeutung für die optimale Versorgung der Tiere. Die derzeitige Situation könnte jedoch zu einer Unterversorgung von Protein und Aminosäuren bei Rationen mit einem hohen Maisanteil führen. Für korrekte Futterrationsberechnungen sind aktuell gültige Empfehlungen daher notwendig um die Fütterung effizient und nachhaltig gestalten zu können.

In der Pflanzenproduktion ist eine optimale N-Düngung Voraussetzung für günstige Erträge und die Stickstoff-Effizienz nimmt in diesem Zusammenhang eine zentrale Stellung ein. Ist der Proteingehalt bekannt, ist eine Berechnung der N-Effizienz im Körnermaisbau möglich und kann zur Beurteilung der Nachhaltigkeit der Körnermaiskultur herangezogen werden. In weiterer Folge lässt sich durch die optimale Versorgung der Pflanze mit Stickstoff die Emission klimarelevanter Gase wie Lachgas und/oder Nitrat einschränken. Aus Sortensicht geht es darum, Kenntnisse über die genetische Variationsbreite im Proteingehalt und in den wertgebenden Aminosäuren im aktuellen Maissortiment zu erlangen und den Einfluss der Umwelt und der Ertragssituation auf die Gehalte an diesen Inhaltsstoffen abzuschätzen. Für die regionale Sortenberatung relevant ist ferner, inwieweit Genotyp-Umwelt-Interaktionen bei diesen Parametern vorliegen.

Für die Sortenzulassung ist die Berücksichtigung des Proteingehalts eine Möglichkeit die Eignung der

Sorte als Futtermais oder Energiemais beurteilen zu können und für Züchter und Landwirte dient die Information zur Sortenauswahl.

Des Weiteren sollen die Forschungsergebnisse für die Anbauberatung der Landwirtschaftskammern genutzt werden. Für die AGES werden die Daten zusätzlich für die Etablierung eines Screeningverfahrens auf NIRS-Basis genutzt.

Eine nachhaltige Pflanzen- bzw. Tierproduktion stellt ein wichtiges Ziel für die zukünftige Landwirtschaft dar. Möglicherweise können die Ergebnisse des Projekts daher auch relevant für die „Eiweißstrategie 2030" sein.

2. Struktur des Projektes

2.2. Förderung

Das Projekt wurde durch das Bundesministerium für Nachhaltigkeit und Tourismus sowie durch die Landesregierungen Kärnten, Burgenland, Niederösterreich, Oberösterreich und Steiermark finanziert.

Das Projekt verfügt über eine Laufzeit von drei Jahren, in denen die AGES Analysen des Rohproteingehalts, des Feuchtigkeitsgehalts und proteinogenen Aminosäuren bei ausgewählten Maissorten vornimmt. Die dreijährige Dauer ist notwendig um Einflüsse von Klima, Boden und Umwelt auf die Inhaltsstoffe der Pflanze zu berücksichtigen sowie Unterschiede von Standorten und Sorten mit einzubeziehen.

Insgesamt werden jährlich rund 480 Maisproben auf ihren Proteingehalt sowie rund 220 Proben auf ihre Aminosäuregehalte untersucht.

Die projektbegleitende Expertengruppe besteht aus: Franz Tiefenthaller (LK OÖ), Karl Schedle (Boku), Heinrich Holzner (LK STMK) sowie Karl Mayr (LK STMK)

2.3. Probenauswahl 2019

Von den rund 1300 Körnermaisproben, die der AGES für die Einstufung der Mykotoxinanfälligkeit aus der Sortenwertprüfung jährlich zur Verfügung standen, wurden insgesamt 486 Proben für die Rohprotein-Analytik und 202 Proben für die Aminosäure-Analytik ausgewählt.

Die AGES-Versuchsstandorte befinden sich in den Hauptanbauregionen für Mais in Österreich dem Pannonikum, Illyrikum und dem Nordalpinen Feuchtgebiet.

Die Auswahl der Proben aus dem Jahr 2018 für die Rohprotein-Analytik wurde aufgrund nachfolgender Kriterien vorgenommen:

- Bei Körnermais werden die Sortenwertprüfungen entsprechend den für Österreich relevanten vier Reifegruppen (früh reifend, bis Reifezahl FAO 250); mittelfrüh reifend, >FAO 250 bis 300; mittelspät reifend, >FAO 300 bis 350; spät reifend, >FAO 350 bis ca. 450; in vier Versuchsserien mit Versuchsstandorten in den relevanten Anbauregionen durchgeführt.
- Die Beprobung der Sorten erfolgte aus den Versuchen des zweiten Wertprüfungsjahres (WP2), da nach dem ersten Wertprüfungsjahr noch rund zwei Drittel der Sortenkandidaten aus Gründen mangelnder Performance aus dem Zulassungsverfahren ausscheiden.
- Von diesen WP2-Sorten wurden nur jene untersucht, die entweder in Österreich bereits registriert waren und in den Sortenversuchen als Vergleichsorten fungierten bzw. die Ende 2018 neu in die österreichische Sortenliste eingetragen wurden.
- Innerhalb der Reifegruppe liegen orthogonale Datensätze vor, d.h. für alle einbezogenen Sorten einer Reifegruppe gibt es auch Analysenergebnisse von den ausgewählten Standorten.

- Die 486 Proben für die Proteinanalyse wurden so ausgewählt, dass in jeder Reifegruppe 4 bis 5 Versuchsorte vertreten waren einbezogen.

Eine Übersicht der Maisstandorte, die für die Proteinevaluierung herangezogen wurden, ist in Tabelle 1 zusammengestellt.

Tabelle 1: Probenanzahl für die Rohprotein-Untersuchungen nach Reifgruppe und Standort

Reifegruppen	Sorten	Proben	Orte	Standorte
Sehr früh bis früh	19	76	4	OÖ: Hagenberg, Wartberg, Bad Wimsbach, NÖ: Zinsenhof
Mittelfrüh	33	165	5	OÖ: Breitbrunn, Bad Wimsbach NÖ: Zinsenhof Ktn: Hörzendorf, St. Andrä
Mittelfrüh bis mittelspät	26	130	5	OÖ: Ritzlhof NÖ: Diendorf, Staasdorf Stmk: Gleisdorf, Mooskirchen
Mittelspät bis spät	23	115	5	NÖ: Fuchsenbigl, Pachfurth Stmk: Fluttendorf, Hatzendorf, St. Georgen
Summe	101	486	19	

Die Auswahl der Proben aus dem Jahr 2018 für die Aminosäure-Analytik wurde aufgrund nachfolgender Einschlusskriterien vorgenommen:

- Je zwei Standorte in jeder Reifegruppe.
- Mit Ausnahme der frühesten Reifegruppe, die in erster Linie nördlich der Alpen Bedeutung hat, wurde dabei jeweils ein Standort aus unterschiedlichen Anbauregionen ausgewählt (Tabelle 2).

Insgesamt wurden im Rahmen der Analytik der Proben 2018 202 Maisproben auf ihre Aminosäuregehalte untersucht.

Tabelle 2: Probenanzahl für die Aminosäure-Untersuchungen nach Reifgruppe und Standort

Reifegruppen	Sorten	Proben	Orte	Anzahl der Standorte
Sehr früh bis früh	19	38	2	OÖ: Bad Wimsbach NÖ: Zinsenhof
Mittelfrüh	33	66	2	OÖ: Breitbrunn Ktn: St. Andrä
Mittelfrüh bis mittelspät	26	52	2	NÖ: Staasdorf Stmk: Gleisdorf
Mittelspät bis spät	23	46	2	NÖ: Pachfurth Stmk: Hatzendorf
Summe	101	202	8	

Die ausgewählten Standorte sind in Abbildung 1 räumlich dargestellt. Neben 6 Standorten im Nordalpinen Feuchtgebiet wurden die Protein- und gegebenenfalls die Aminosäuregehalte in drei Standorten des Pannonikums sowie sieben Standorten des Illyrikums untersucht.

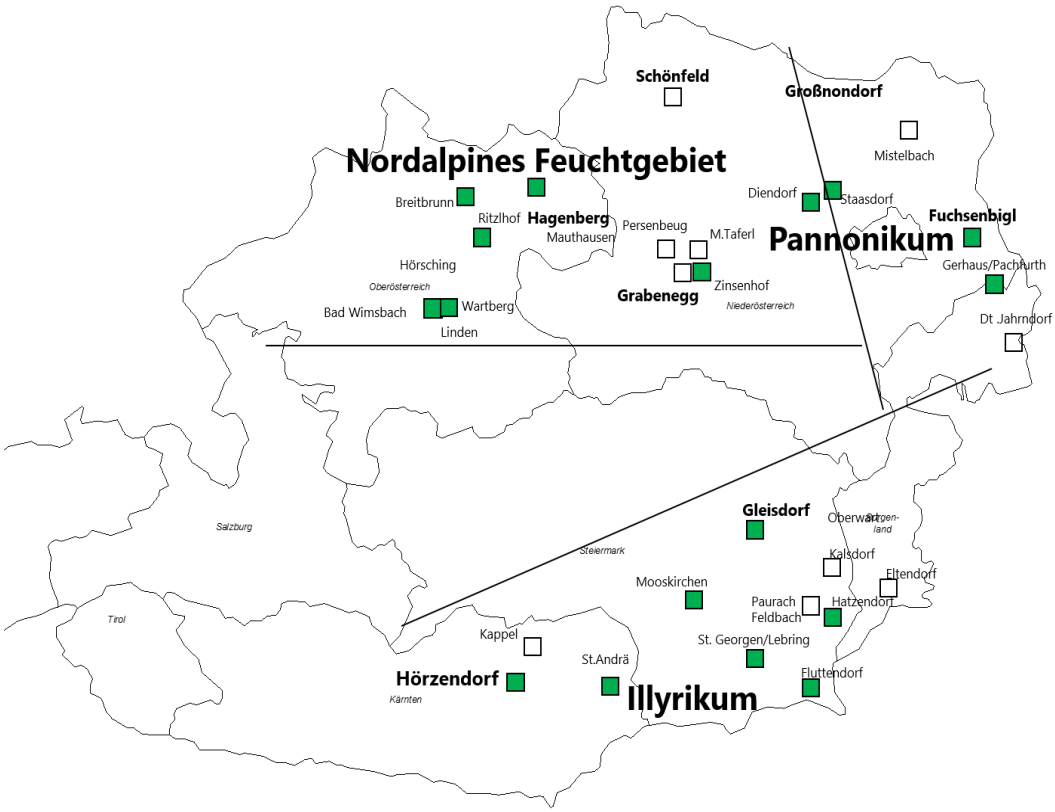


Abbildung 1: WP2-Standorte der Mais-Proben 2018

2.4. Methoden

2.2.1. Feuchtigkeitsgehalt

Die Feuchtigkeits- bzw. Trockenmassebestimmung von vermahlenem Getreiden wird gemäß Brabendermethode vorgenommen. Das Prinzip der Methode ist eine gravimetrische Bestimmung des Trocknungsverlustes innerhalb einer Stunde bei 130 ± 2 °C. Die Einwaage und das Endgewicht der Probe wird durch elektronische Waagen erfasst. Schlussendlich wird vom Brabender Automaten/Halbautomaten der Feuchtigkeitsgehalt automatisch berechnet und abgelesen.

2.2.2. Proteinbestimmung

Die Bestimmung des Proteingehalts erfolgt gemäß Dumas-Verbrennungsmethode nach dem ICC-Standard Nr. 167. Durch Verbrennung der vermahlenen Probe in einer Zinnfolie oder einem stickstofffreien Papier

bei etwa 1000 °C hohen Temperaturen wird der Stickstoffgehalt in den Verbrennungsgasen mittels Wärmeleitfähigkeitsdetektion bestimmt. Für die Umrechnung auf den Proteingehalt wird der Faktor 6,25 herangezogen. Die Ergebnisse werden in % Rohprotein bezogen auf die Trockensubstanz angegeben (AGF 2016).

2.2.3. Aminosäuren (außer Tryptophan)

Für die Gehaltsbestimmung von Aminosäuren dient die Verordnung (EG) 152/2009, Anhang III.F der Kommission vom 27.01.2009 idgF. als Normenbezug. Diese Verordnung regelt unter anderem die Analysemethoden für die amtliche Untersuchung von Futtermitteln. Das Verfahren ist geeignet freie und peptidgebundene Aminosäuren zu bestimmen (Europäische Kommission 2009).

Die in der Probe enthaltenen Aminosäuren werden zu Beginn des Verfahrens durch einen geeigneten Aufschluss in Lösung gebracht, die anschließende Trennung erfolgt mittels Ionenaustauschchromatographie mit Nachsäulenderivatisierung. Nach Reaktion mit Nihydrin kann unter Verwendung eines internen Standards (Norleucin) der photometrische Nachweis bei 570 nm (440 nm für Prolin) erfolgen (Europäische Kommission 2009).

Für alle Aminosäuren bis auf Methionin und Cyst(e)in erfolgt der Aufschluss durch eine saure Hydrolyse. Dafür wird die Probe mit Salzsäure für mind. 17 Stunden bei 115 °C hydrolysiert. Nach Behandlung der Probe mit einer dem internen Standard enthaltenen Pufferlösung wird anschließend mittels Ionenaustauschchromatographie die Trennung und weiters die photometrische Messung der Aminosäuren vornehmen zu können (Europäische Kommission 2009).

Die schwefelhaltigen Aminosäuren Methionin und Cyst(e)in werden vor der Hydrolyse zu Cysteinsäure und Methioninsulfon oxidiert. Dafür wird nach Zugabe von Perameinsesäure-Lösung die Probe im Ultraschallbad behandelt und anschließend mittels Vakuum-Rotationsverdampfer eingedampft. Die Auswertung erfolgt mit Hilfe des Aminosäureanalysators (Europäische Kommission 2009).

2.2.4. Tryptophan

Die Verordnung (EG) 152/2009 Anhang III.G der Kommission vom 27.01.2009 idgF. dient als Basisnorm für die Gehaltsbestimmung von Tryptophan mittels HPLC. Dieses Verfahren ist geeignet freies und peptidgebundenes Tryptophan zu bestimmen (Europäische Kommission 2009).

Zu Beginn wird die Probe mit gesättigter Bariumhydroxid-Lösung in Gegenwart eines internen Standards über Nacht bei 110-115 °Celsius aufgeschlossen. Nach der PH-Wert Einstellung zwischen 3 und 5 erfolgt die Verdünnung und Extraktion. Anschließend kann das Tryptophan in der Messlösung mittels HPLC chromatographisch getrennt und mit dem Fluoreszenzdetektor bestimmt werden (Europäische Kommission 2009).

3. Ergebnisse 2018

3.1. Proteingehalt

Insgesamt wurden 486 Körnermaisproben der Ernte 2018 untersucht. Die Ergebnisse sind in nachfolgender Tabelle zusammengefasst (Tabelle 3). Es zeigt sich klar das frühere Reifegruppen im Mittel höhere Proteingehalte aufweisen, als spätere Reifegruppen, allerdings weisen diese wiederum, durch ihre höheren Erträge insgesamt höhere Proteinerträge auf. Die in den Futterwerttabellen angegeben Gehalte von 10,2 % in TM wurden mit 8,6 % knapp nicht erreicht. Die Streuung von 6,9 bis 10,8 % je kg TM zeigt jedoch hohe Unterschiede in den einzelnen Sorten und Reifegruppen auf. Dies spiegelt sich auch im Proteinertrag mit einem Minimum von 6,9 und einem Maximum von 14,1 dt wieder. Im extremsten Fall kann mit einer Sorte doppelt so viel Protein als mit einer anderen erwirtschaftet werden.

Tabelle 3: Ergebnisse der Proteinuntersuchung

	Anzahl	Mittelwert	Standard-abweichung	Minimum	Maximum
Reifegruppe I					
Proteingehalt (% TM)	76	9,2	0,6	7,9	10,8
Proteinertrag (dt)	76	10,8	0,9	8,7	13,1
Reifegruppe II					
Proteingehalt (% TM)	165	8,6	0,7	7,2	10,5
Proteinertrag (dt)	165	9,7	1,3	6,9	12,3
Reifegruppe III					
Proteingehalt (% TM)	130	8,7	0,7	7,4	10,5
Proteinertrag (dt)	130	11,1	1,3	8,9	13,5
Reifegruppe IV					
Proteingehalt (% TM)	115	7,9	0,5	6,9	9,0
Proteinertrag (dt)	115	11,3	1,2	8,9	14,1
Gesamt					
Proteingehalt (% TM)	486	8,6	0,8	6,9	10,8
Proteinertrag (dt)	486	10,6	1,4	6,9	14,1

3.1.1 Reifegruppe

Die Ergebnisse der einzelnen Reifegruppen sind nachfolgend grafisch dargestellt. Obwohl in den frühen Reifegruppen deutlich höhere Proteingehalte festgestellt wurden, zeigte sich in den Reifegruppen III und IV ein höherer Proteinertrag, was wiederrum durch die höheren Erträge erklärt werden konnte, sodass in Summe höhere Proteinerträge in den späten Reifegruppen erreicht wurden.

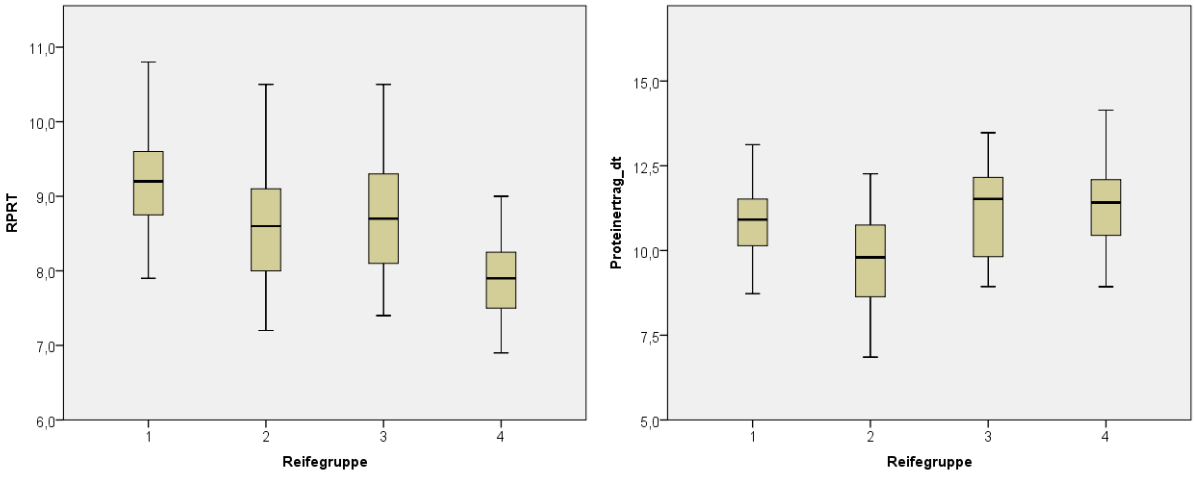


Abbildung 2 Überblick über die Rohproteingehalte (RPRT) sowie dem Proteinertrag

3.1.2. Sorten

Bereits im ersten Projektjahr zeigten sich einzelne Unterschiede der Maissorten. Neben den Unterschieden über die Reifegruppen in Bezug auf Rohproteingehalt und Proteinertrag zeigen sich bereits Sorten mit unterschiedlichsten Ausprägungen. Es zeigen sich hier Sorten mit Trends über alle Standorte. Sorten, mit hohen Proteingehalten und Erträgen, zeigen diesen Trend über alle Standorte. Während für die Tierernährung um Zuge der Rationserstellung in erster Linie der Proteingehalt von Relevanz ist, ist für die Sortenzüchter neben dem Proteingehalt auch der Proteinertrag und damit die Stickstoffeffizienz von Relevanz. In dieser Auswertung wurden nun sowohl Rohproteingehalt als auch Proteinertrag ausgewertet.

Die Darstellungen von Proteingehalt und Proteinertrag der einzelnen Reifegruppen sind in den nachfolgenden Grafiken dargestellt. Beispielsweise zeigt es sich hier in den Ergebnissen der Ernte 2018 in Reifegruppe I, dass einzelne Sorten (z.B. LG30215 oder Perrero) sowohl hohe Rohproteingehalte als auch vergleichsweise hohe Erträge aufweisen. In Reifegruppe II zeigten die Maissorten LG30273 oder KWS 2323 höhere Proteingehalte und Erträge während dies in der Reifegruppe III Judoka oder P9071 waren. In Reifegruppe IV zeigten die Maissorten P9363 oder Kerala höhere Proteingehalte und Proteinerträge. Bemerkenswert war allerdings auch, dass es beinahe in allen Reifegruppen Sorten gab, die zwar hohe Proteingehalte aufwiesen, jedoch vergleichsweise niedrige Proteinerträge. Auffällig war dies vor allem bei ertragsschwächeren Sorten insbesondere der Reifegruppen III und IV, wie es im Jahr 2018 beispielsweise in den Sorten Figaro oder P9241 waren.

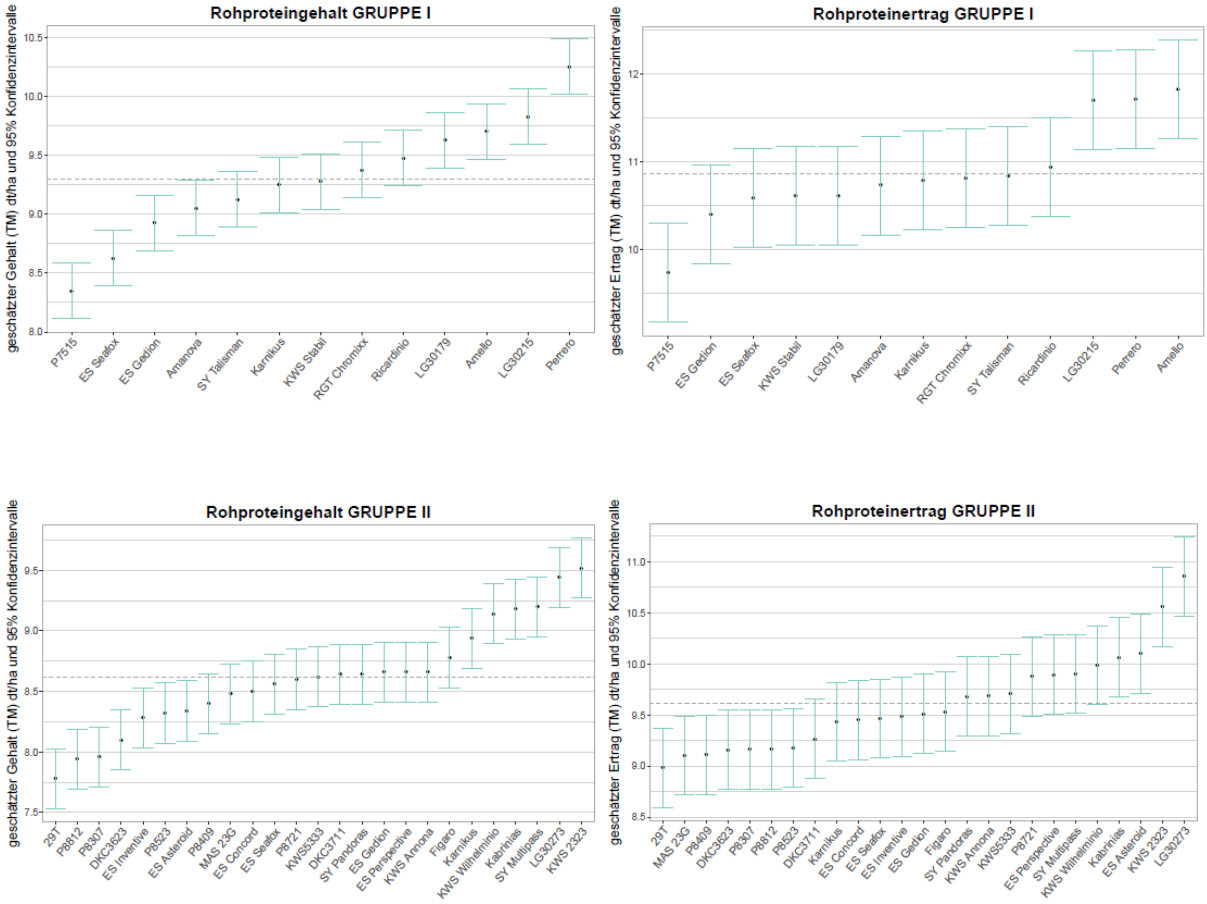
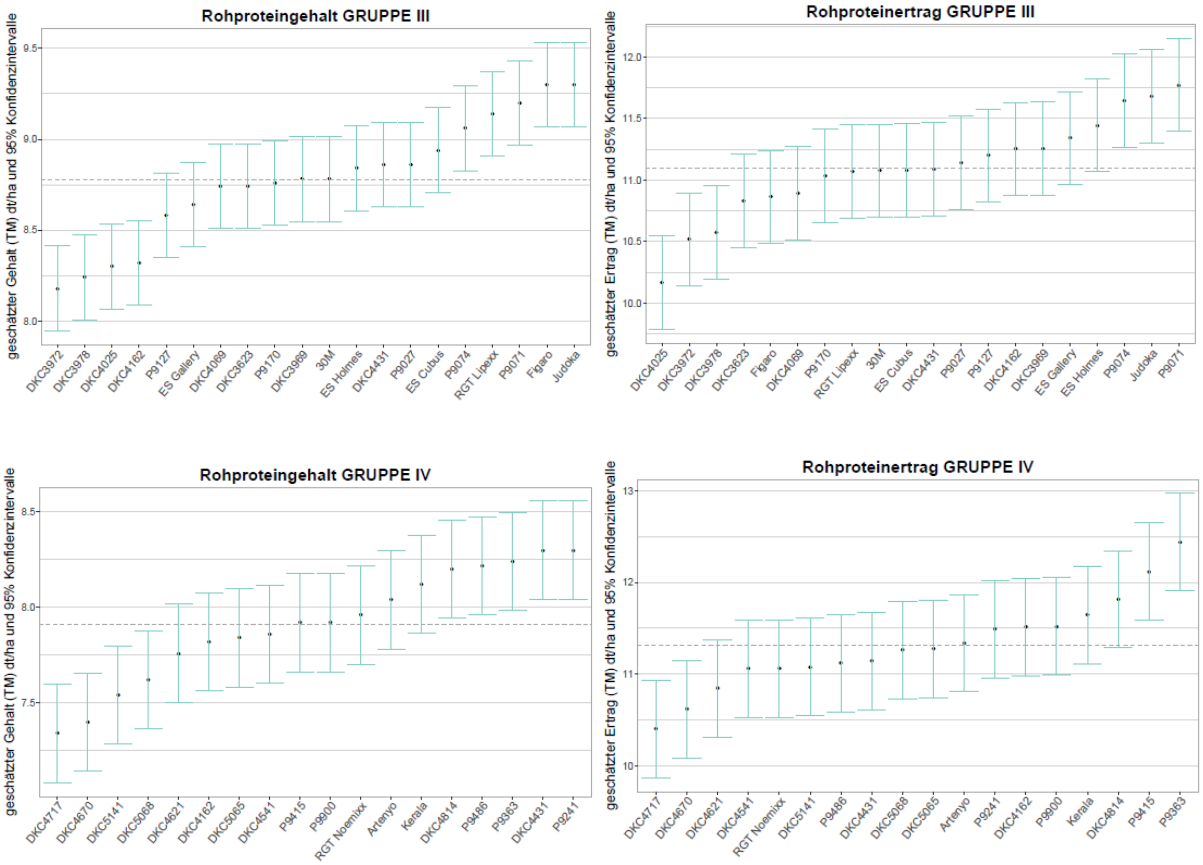


Abbildung 3: Rohproteingehalt (% TM) und Proteinertrag der Reifegruppen I, Reifegruppe II, Reifegruppe III und Reifegruppe IV



Fortlaufend: Abbildung 3: Rohproteingehalt (% TM) und Proteinertrag der Reifegruppen I, Reifegruppe II, Reifegruppe III und Reifegruppe

Eine Gesamtdarstellung von Proteingehalt und Proteinertrag über alle Sorten, Reifegruppen ist in Abbildung 4 dargestellt. Tendenziell zeigten sich, in den Reifegruppen III und IV höhere Proteinerträge im Vergleich zu den Reifegruppen I und II. Abweichungen in den Reifegruppen II und III waren vermutlich durch den Jahreseinfluss bedingt.

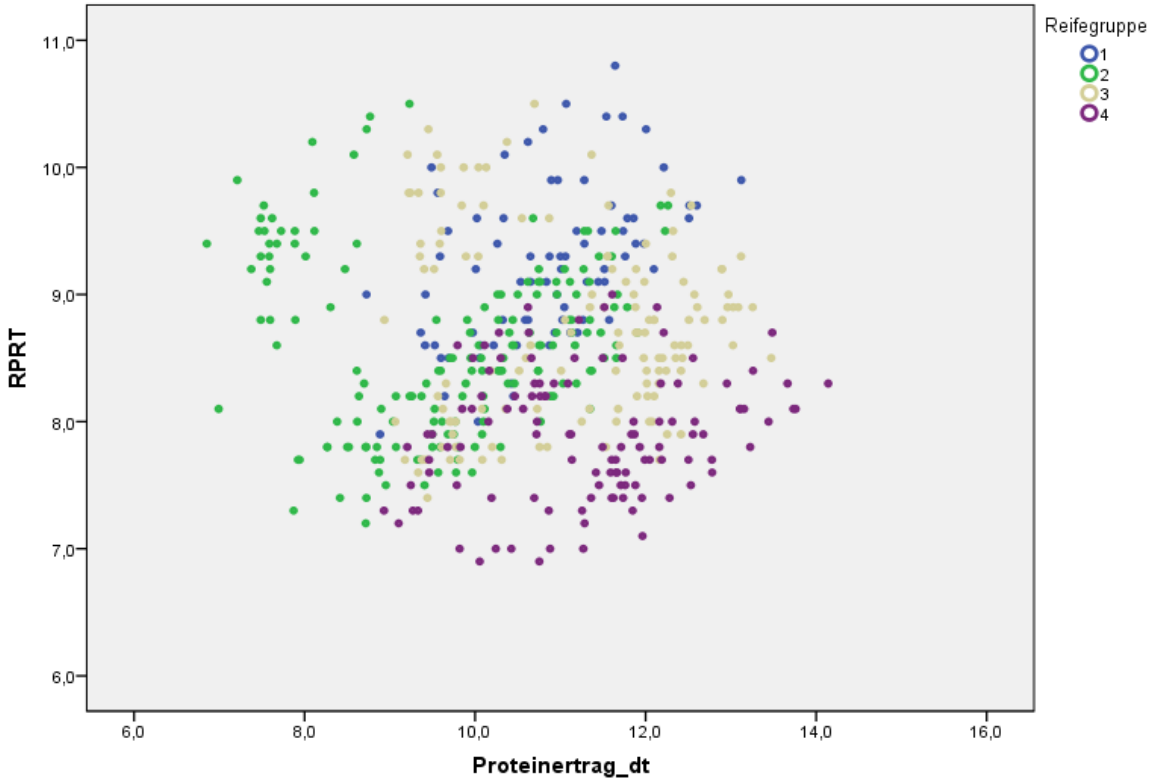


Abbildung 4 Proteingehalt versus Proteinertrag über alle Sorten und Reifegruppen

3.2. Aminosäuregehalte

Neben dem Proteingehalt wurden im Projekt Mais-XP auch die Aminosäuregehalte bestimmt. Hierzu wurde das Aminosäuremuster untersucht. Im Mittel über alle Standorte und Sorten setzte sich das Maisprotein wie folgt zusammen Tabelle 4.

Tabelle 4: Durchschnittliche Aminosäuregehalte des Österreichischen Körnermaissortimentes

Aminosäure	Durchschnittl. Gehalt in Mass %	StAW (Mass %)	Min (Mass%)	Max (Mas%
ALA	0,60	0,07	0,45	0,79
ARG	0,41	0,03	0,33	0,52
ASP	0,55	0,05	0,45	0,68
CYS	0,19	0,01	0,15	0,23
GLU	1,44	0,17	1,08	1,86
GLY	0,33	0,02	0,29	0,41
HIS	0,23	0,02	0,18	0,29
ILE	0,26	0,04	0,16	0,36
LEU	0,93	0,12	0,64	1,25
LYS	0,26	0,02	0,22	0,33
MET	0,17	0,02	0,13	0,23
PHE	0,39	0,05	0,27	0,52
PRO	0,72	0,08	0,53	0,98
SER	0,38	0,04	0,29	0,49
THR	0,30	0,03	0,25	0,37
TRY	0,06	0,00	0,05	0,08
TYR	0,33	0,04	0,24	0,44
VAL	0,37	0,05	0,25	0,50

Die ermittelten Gehalte der Aminosäurezusammensetzung entsprechen bei Methionin und Threonin und Tryptophan in etwa den in der Literatur angegebenen Gehalten wie z.B. Kirchgeßner (Übersicht 3.4-3). Glutaminsäure wurde aufgrund der hohen Gehalte und dem häufigen vorkommen in der Darstellung nicht berücksichtigt. (Kirchgeßner, Roth et al. 2011). In Abbildung 5 sind die Aminosäuregehalte in g je 100 g Protein gegenübergestellt. Abweichend zu den Literaturwerten zeigten die Ergebnisse aus der Sortenwertprüfung deutlich geringere Gehalte an Thyrosin, Asparagin, Valin, Isoleucin und Leucin. Hingegen konnten gegenüber Literaturwerten höhere Gehalte an Lysin oder Cystein in den Maisproben der Sortenwertprüfung festgestellt werden.

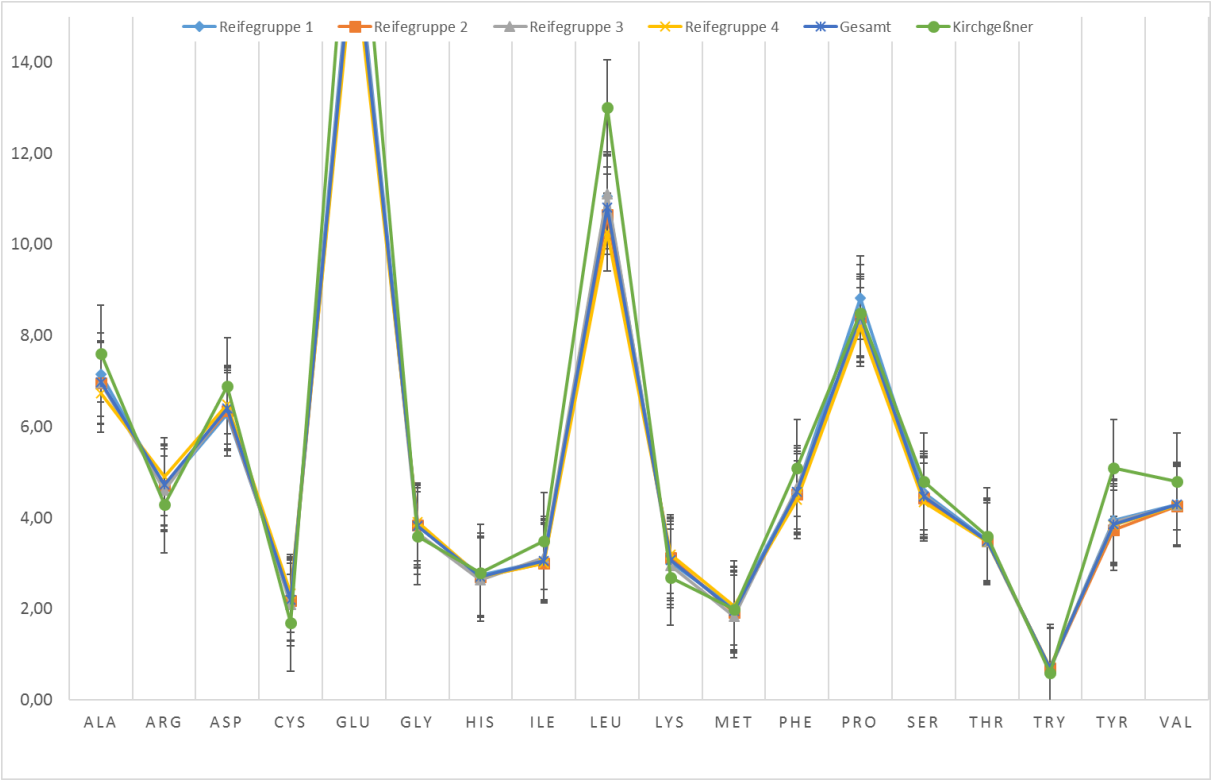


Abbildung 5: Durschnittliche Aminosäuregehalte (g/100 g Protein über die Reifegruppen und Zusammensetzung des Maisproteins gemäß Literatur (Kirchgeßner, Roth et al. 2011)

Neben den Aminosäuregehalten je g/Protein sind die durchschnittlichen Gehalte der einzelnen Aminosäuren über die einzelnen Reifegruppen (mass%) in Tabelle 5 zusammengefasst.

Tendenziell war in den Maisproben der Ernte 2018 erkennbar, dass die Gehalte der meisten Aminosäuren (in mass %) auch dem Trend der Verdünnung des Proteingehaltes folgend von Reifegruppe I-IV abnehmen.

So zeigte auch hier Reifegruppe I deutlich höhere Aminosäuregehalte als die Reifegruppen III und IV. Ähnlich der Berechnung des Proteinertrages war für eine Differenzierung der untersuchten Sorten auch der Bezug auch den Proteingehalt notwendig um Unterschiede der einzelnen Sorten erkennen zu können.

Neben den Aminosäuregehalten wurden auch die Korrelationen der Aminosäuren gegenüber dem Rohproteingehalt sowie gegeneinander ermittelt

Abbildung 6. Hier zeigten sich klare Zusammenhänge der basischen Aminosäuren Lysin und Arginin, der schwefelhältigen Aminosäuren Methionin und Cystein, der aromatischen Aminosäuren Thyrosin und Phenylalanin sowie der verzweigtkettigen Aminosäuren Valin und Isoleucin. Die ermittelten Korrelationen der einzelnen Aminosäuren waren in der Ernte 2018 jeweils größer oder gleich 0,86.

Tabelle 5: Durchschnittliche Aminosäuregehalte (mass% in TS) des Österreichischen Körnermaissortimentes über alle Reifegruppen

	Reife-gruppe I	Reife-gruppe II	Reife-gruppe III	Reife-gruppe IV	Gesamt
ALA	0,66	0,60	0,61	0,53	0,60
ARG	0,43	0,41	0,40	0,39	0,41
ASP	0,58	0,55	0,56	0,51	0,55
CYS	0,21	0,19	0,18	0,19	0,19
GLU	1,59	1,43	1,49	1,29	1,44
GLY	0,35	0,33	0,32	0,31	0,33
HIS	0,25	0,23	0,23	0,21	0,23
ILE	0,28	0,26	0,27	0,24	0,26
LEU	1,02	0,92	0,97	0,81	0,93
LYS	0,28	0,27	0,26	0,25	0,26
MET	0,19	0,17	0,16	0,16	0,17
PHE	0,43	0,39	0,41	0,35	0,39
PRO	0,82	0,72	0,73	0,65	0,72
SER	0,42	0,38	0,39	0,34	0,38
THR	0,32	0,30	0,30	0,27	0,30
TRY	0,063	0,061	0,059	0,057	0,060
TYR	0,36	0,32	0,34	0,30	0,33
VAL	0,40	0,37	0,37	0,34	0,37

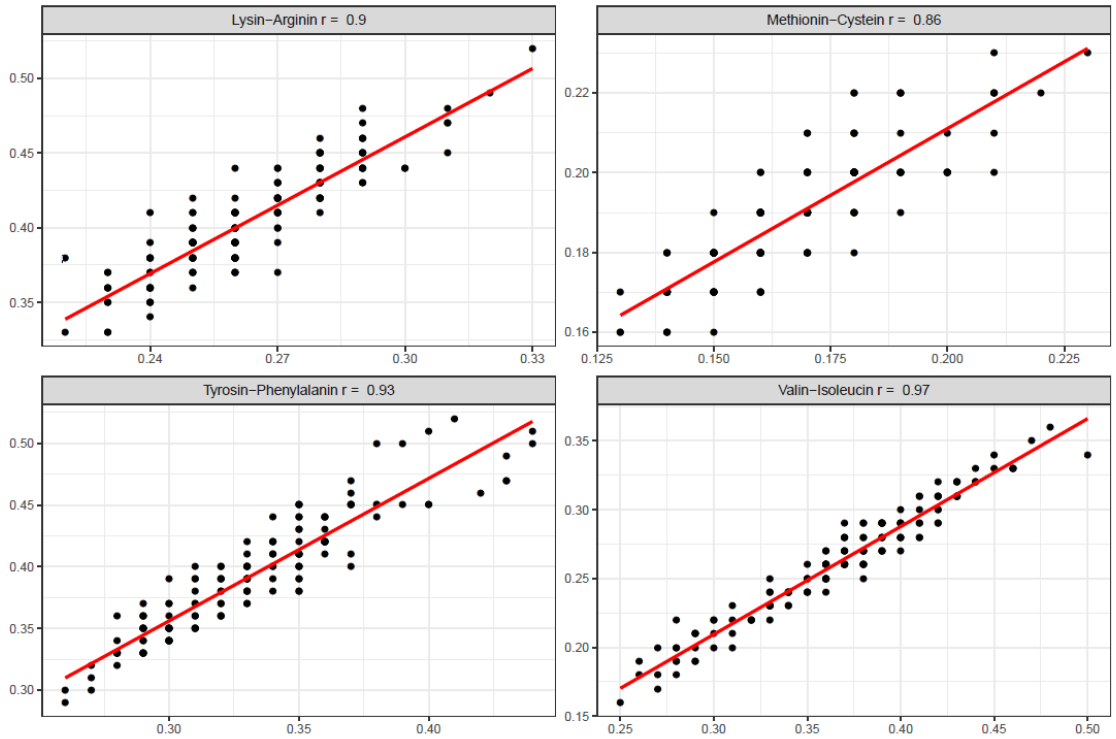


Abbildung 6: Korrelationen einzelner Aminosäuren zueinander Lysin-Arginin, Methionin-Cystein, Thyrosin-Phenylalanin und Valin-Isoleucin

3.2.1. Sorten

Neben dem Einfluss der Reifegruppe wurden auch der Einfluss der Sorten je Reifegruppe auf die Aminosäuregehalte überprüft. Hierzu wurden die Proteingehalte in g je 100 g Protein umgerechnet. Die einzelnen Aminosäuren wurden auf ihre Variabilität überprüft. Über alle Sorten wurden zahlreiche Schwankungen festgestellt. Besonders hohe Spannweiten (in Bezug auf ihren Proteingehalt) wurden bei den Aminosäuren Isoleucin, Methionin, Valin, Cystein und Arginin festgestellt

Tabelle 6: Aminosäuregehalte g je 100 g Protein des Österreichischen Körnermaissortimentes

	ALA	ARG	ASP	CYS	GLU	GLY	HIS	ILE	LEU	LYS	MET	PHE	PRO	SER	THR	TRY	TYR	VAL
MW	6,9	4,7	6,4	2,2	16,7	3,8	2,7	3,0	10,8	3,1	2,0	4,5	8,4	4,5	3,5	0,70	3,8	4,3
StAW	0,3	0,3	0,2	0,1	0,6	0,2	0,1	0,3	0,6	0,2	0,2	0,2	0,4	0,2	0,1	0,04	0,2	0,3
min	6,3	4,1	5,9	1,9	15,2	3,3	2,3	2,3	9,4	2,6	1,6	4,0	7,7	4,0	3,2	0,60	3,5	3,2
max	7,7	5,6	7,4	2,6	18,6	4,2	3,0	3,5	12,0	3,4	2,3	5,0	9,3	4,9	3,8	0,81	4,3	5,0

Als Beispiel wurde Reifegruppe I Abbildung 7 dargestellt. Auch hier ist klar ersichtlich dass es sich insbesondere bei Valin und bei Leucin um relativ große Unterschiede innerhalb einer Reifegruppe handelt.

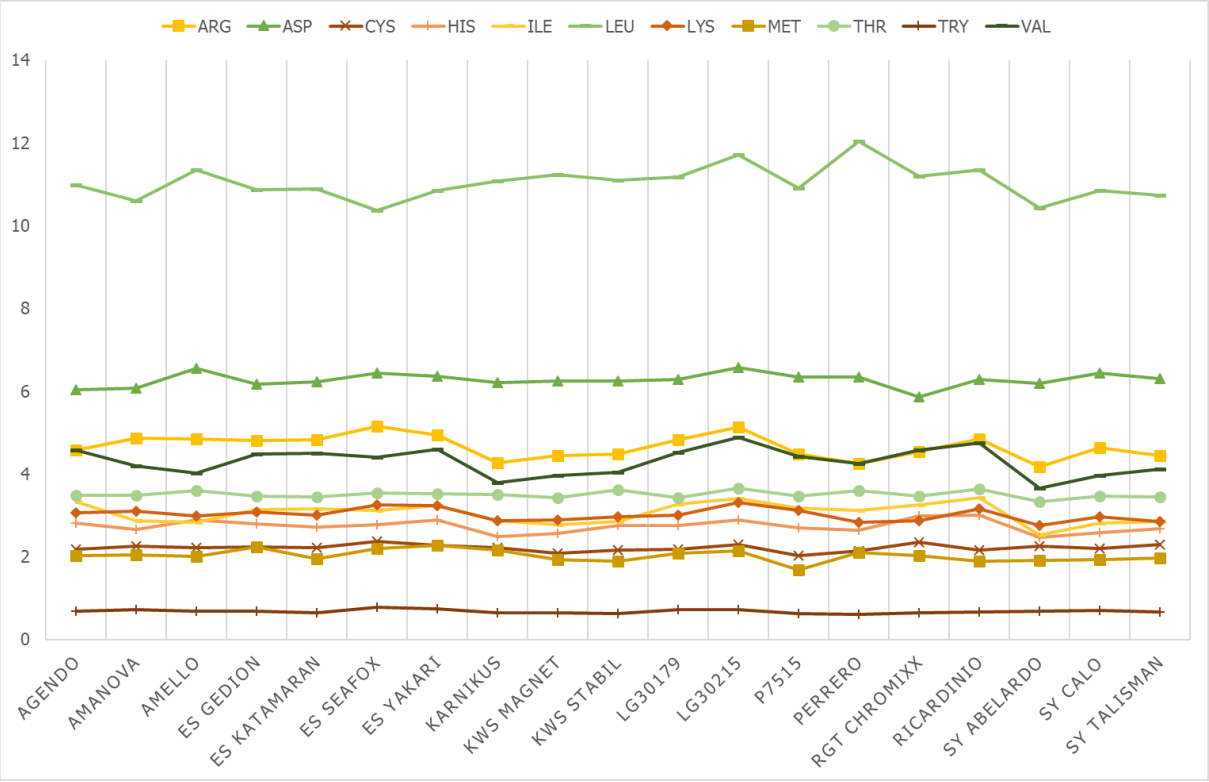


Abbildung 7:Gehalte ausgewählter Aminosäuren in Sorten der RG 1

Zusätzlich wurde ein Vergleich über Sorten mit hohen Proteingehalten und ihrer Aminosäurezusammensetzung sowie Sorten mit geringeren Proteingehalten zusammengestellt. Ausgewählte Sorten sind in nachfolgender Abbildung 8 dargestellt. Hier zeigte sich ein ähnliches Bild, dass Sorten mit höheren Proteingehalten auch dementsprechend höhere Aminosäuren beinhalteten, aber gerade in Reifegruppe III und Reifegruppe IV waren Unterschiede der Aminosäuregehalte mit ähnlich hohem Proteingehalt erkennbar.

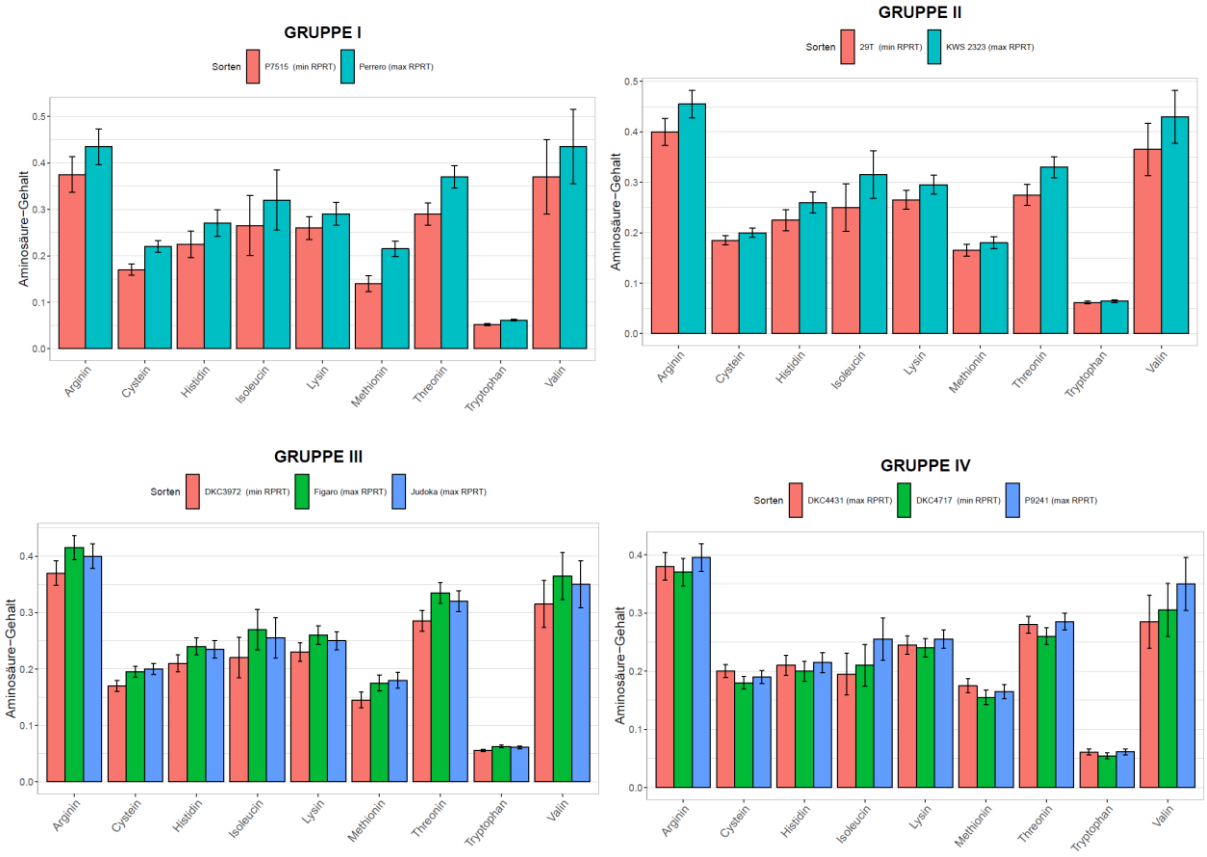


Abbildung 8: Balkendiagramm Sorten mit niedrigen AS-Gehalten und Sorten mit hohen AS-Gehalten je Reifegruppe

3.3. NIRS

Als dritter analytischer Aspekt wurde im Projekt die Machbarkeit des Screenings mit NIRS ermittelt. Im Idealfall ist für die Erstellung einer robusten Kalibration mit NIRS ein mindestens dreijähriger Datensatz erforderlich. Die Ergebnisse der Maisuntersuchung 2018 hätten die Machbarkeiten einer NIRS Untersuchung wie folgt bewertet.

- sehr gut: Rohprotein, Glutaminsäure, Alanin, Leucin
- gut: Asparaginsäure, Threonin, Prolin, Tyrosin, Phenylalanin
- mittel: Serin, Glycin, Histidin
- grenzwertig: Arginin,
- schlecht: Cystein, Methionin, Isoleucin
- sehr schlecht: Valin, Lysin, Tryptophan

Beispielhaft ist eine Validierung für Rohprotein dargestellt (Abbildung 9). Es zeig sich eine gute Korrelation (0,96) zwischen Proteinbestimmung nach Dumas und NIRS Vorhersage. Außerdem ist der SEP (Standard Error of Prediction) mit 0,16 relativ niedrig.

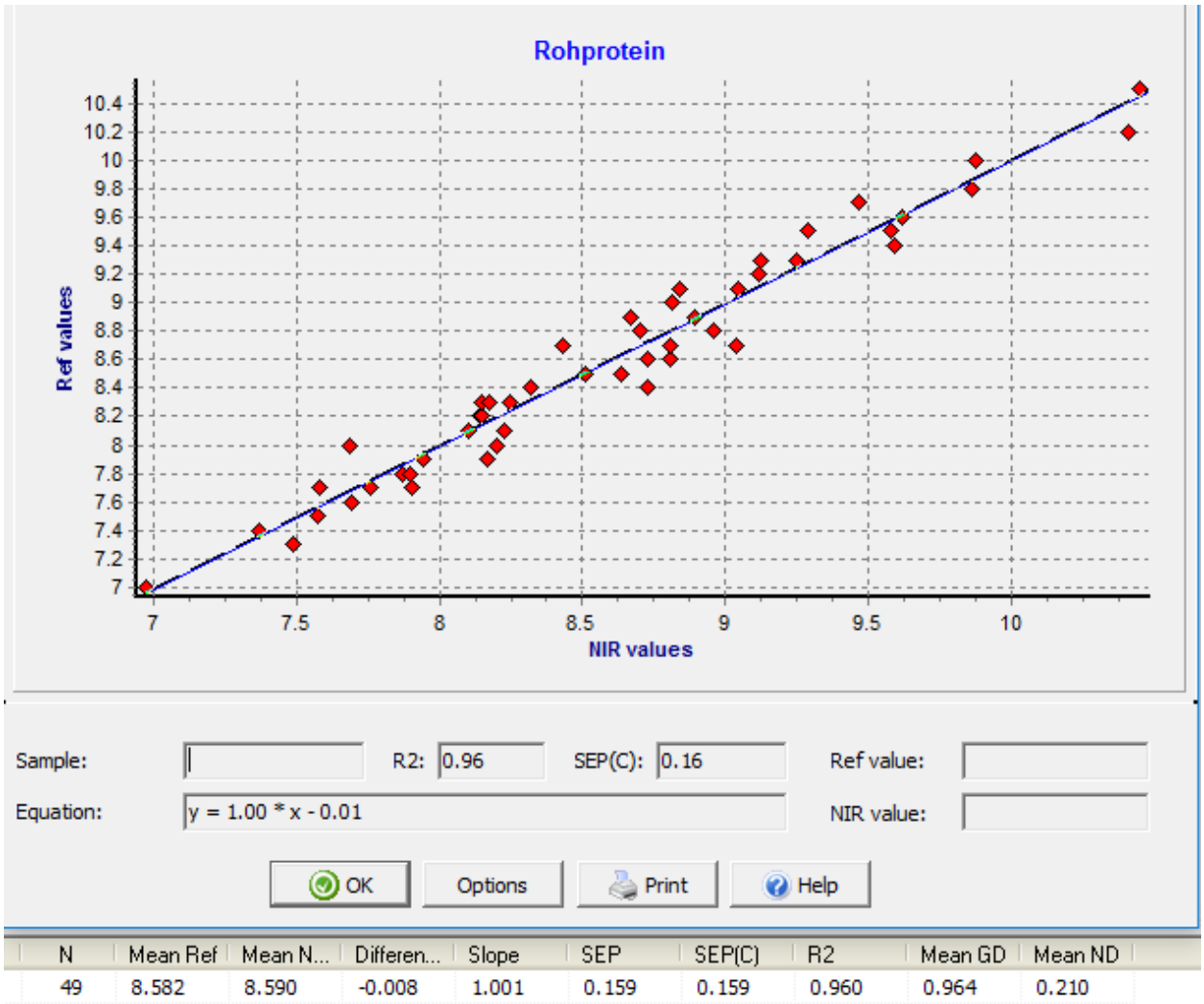


Abbildung 9: Beispiel einer Validierung für die NIRS-Analytik

Zudem hängt die Korrelation auch oft mit dem Range und dem Mittelwert der Gehalte zusammen. Außerdem ist zu genauer zu prüfen inwieweit die Aminosäuren, bei jenen eine gute Machbarkeit der NIRS Untersuchung ermittelt wurden, mit dem Proteingehalt korrelieren. Eine Übersicht hierzu ist in

4. Ergebnisbewertung

Hinsichtlich Tierernährung zeigte sich, dass die in der Literatur angegebenen Proteingehalte nicht erreicht werden konnten. Die Gehalte der limitierenden Aminosäuren Methionin, Threonin und Tryptophan entsprechen den Literaturwerten. Wohingegen unsere Untersuchungen geringere Gehalte an den verzweigtkettigen Aminosäuren Leucin, Isoleucin und Valin, aber höhere Gehalte an Lysin und Cystein zeigen.

Der Gehalt der limitierenden Aminosäure Lysin hat in der Fütterung von Mastschweinen eine besondere Bedeutung, da das Vorkommen in Futtermitteln niedrig ist und gleichzeitig ein hoher Bedarf für den Proteinansatz während der Schweinemast besteht. Valin wurde in einer Studie von Berres et al. (2010) als viertlimitierende Aminosäure in Mais-Soja Rationen festgestellt. Die im Projekt nachgewiesenen geringeren Gehalte an den verzweigtkettigen Aminosäuren im Vergleich zu den Literaturangaben (Punkt 3.1) könnten daher von Bedeutung in der Rationszusammenstellung in der Geflügelmast sein.

Diese Erkenntnisse zeigen die Relevanz von einem ausreichenden Anteil an Eiweißfuttermitteln und freien Aminosäuren in der Rationsgestaltung. Eine Supplementation mit freien Aminosäuren ist mit den derzeit zugelassenen Futtermittelzusatzstoffen möglich.

Hinsichtlich Sortenbewertung lassen die Ergebnisse der diesjährigen Untersuchungen lassen erkennen, dass der Proteingehalt in der Literatur überschätzt wird und ein scheinbar relevanter Unterschied zwischen den Sorten und Reifegruppen besteht. Eine Bestätigung dieser Ergebnisse in den nächsten Projektjahren ist erforderlich.

Tabelle 7: Übersicht Stickstoffentzug und Rohproteingehalt für N-Bilanz

N-Entzug Kg N/ t trockene Ware	TM (g/kg)	N-Gehalt % in TM	Rohproteingehalt % in TM	
14,5	860	1,69	10,54	
14	860	1,63	10,17	
13,5	860	1,57	9,81	
13	860	1,51	9,45	Gruppe I
12,5	860	1,45	9,08	
12	860	1,4	8,72	Gruppe II/III
11,5	860	1,34	8,36	
11	860	1,28	7,99	Gruppe IV
10,5	860	1,22	7,63	
10	860	1,16	7,27	

Im ÖPUL-Programm bzw. für die nationale N-Bilanz nach OECD-Vorgaben wird mit einem N-Entzug von 13 kg N/ Tonne Körnermais (trockene Ware mit 14% Restwasser) gerechnet (BMLFUW 2016, UBA 2019).

Die Ernte 2018 zeigte dass der Rohproteingehalt in der Gruppe I zw. 8-11 % (Mittel um 9,2 %), in der Gruppe II und III zw. 7,5 -10,5 % (Mittel um 8,7 %) und in der Gruppe IV zw. 7 - 9% (Mittel 7,9 %) lag.

Aufgrund der Ergebnisse 2018 kann davon ausgegangen werden, dass derzeit für die Gruppe I eine fast richtige Annahme vorliegt, für die anderen Gruppen wird ein um 1- 2 kg zu hoher N-Entzug pro Tonne angenommen, also bei einem Ertrag von 10 Tonnen wird ein um 10 - 20 kg höherer N-Entzug pro ha kalkuliert (Tabelle 7). Somit verbleiben um 10-20 kg mehr N pro ha auf dem Feld als angenommen, der auswaschungsgefährdet bzw. als Lachgas(N_2O) oder N_2 zu klimarelevanten Emissionen beitragen kann.

5. Ausblick für 2020 und 2021

In den Jahren 2020 und 2021 wird das Projekt im selben Ausmaß fortgesetzt. Die projektbegleitende Expertengruppe hat sich am 4.4.2019 konstituiert wo bereits die Ergebnisse der Proteinuntersuchung vollständig vorlagen und diskutiert wurden. Ein nächstes Treffen, sowie die Feinabstimmung für die Aminosäureanalytik ist für November 2019 geplant.

6. Literatur

AGF (2016). Standard-Methoden für Getreide, Mehl und Brot, Verlag Moritz Schäfer.

Berres J., Vieira S.L., Kidd M.T., Taschetto D., Freitas D.M., Barros R., Nogueira E.T. (2010): Supplementing L-Valine and L-Isoleucine in low protein corn and soybean meals all-vegetable diets for broilers. J. Appl. Poult. Res. 19, 373-379.

BMLFUW (2016): Anhänge zur Sonderrichtlinie des BMLFUW für das Österreichische Programm zur Förderung einer umweltgerechten, extensiven und den natürlichen Lebensraum schützenden Landwirtschaft (Ö P U L 2015); GZ BMLFUW-LE.1.1.8/0014-II/3/2016. Anhang J Schlagbezogene Düngeplanung und Aufzeichnungen in der Maßnahme „Vorbeugender Grundwasserschutz" (16), Kapitel 4: Schlagbezogene Bilanzierung

Europäische Kommission (2009). "Verordnung (EG) Nr. 152/2009 DER KOMMISSION vom 27. Januar 2009 zur Festlegung der Probenahmeverfahren und Analysemethoden für die amtliche Untersuchung von Futtermitteln."

Jeroch, H., A. Simon and J. Zentek (2013). Geflügelernährung. Stuttgart, Eugen Ulmer KG.

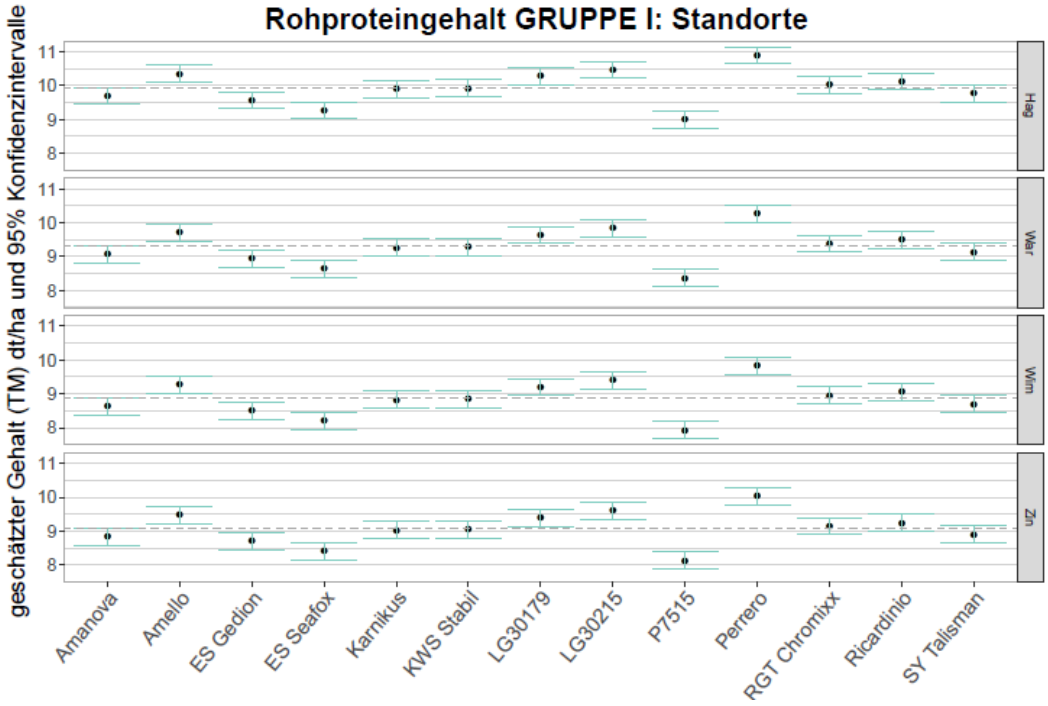
Kirchgeßner, M., F. Roth, F. Schwarz and G. Stangl (2011). Tierernährung, DLG-Verlag.

LK Oberösterreich (2016). "Futterwerttabelle für Wiederkäuer (Grundfutter, Kraftfutter)."

UBA (2019): UMSTELLUNG DER ÖSTERREICHISCHEN STICKSTOFF- UND PHOSPHORBILANZ DER LANDWIRTSCHAFT AUF EUROSTAT-VORGABEN von Gerhard Zethner, Bettina Schwarzl u. Katrin Sedy (REP-0694) erstellt im Auftrag des BMNT

Anhang zusätzliche Ergebnisse

Abbildung 10: Reifegruppe I Proteingehalt und Proteinertrag über alle Standorte



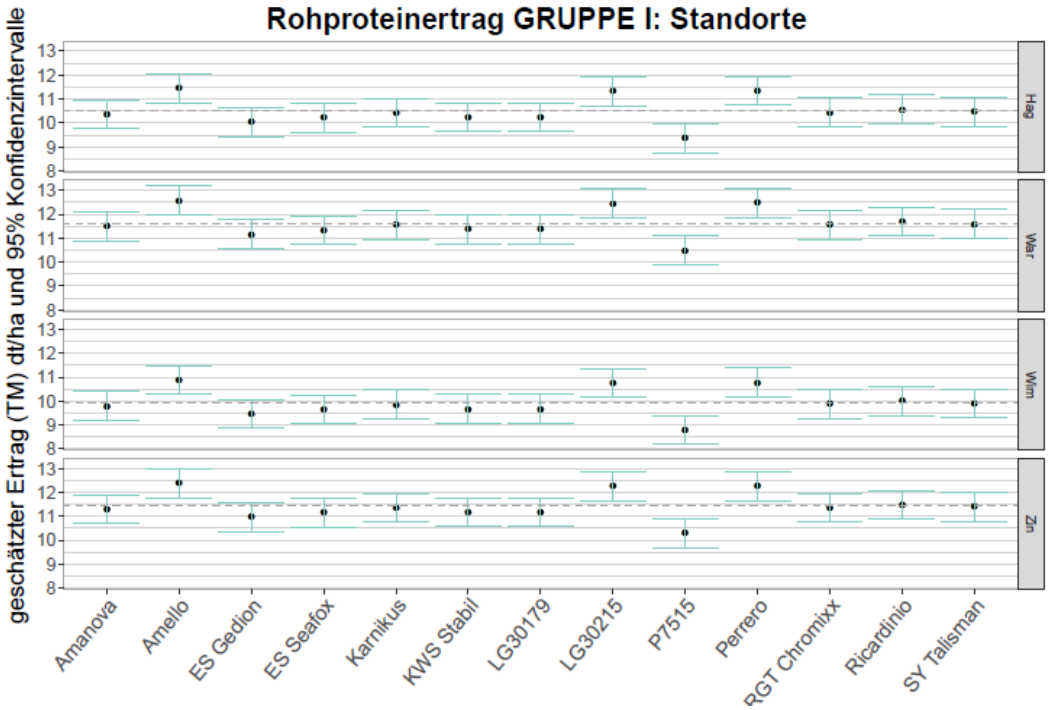
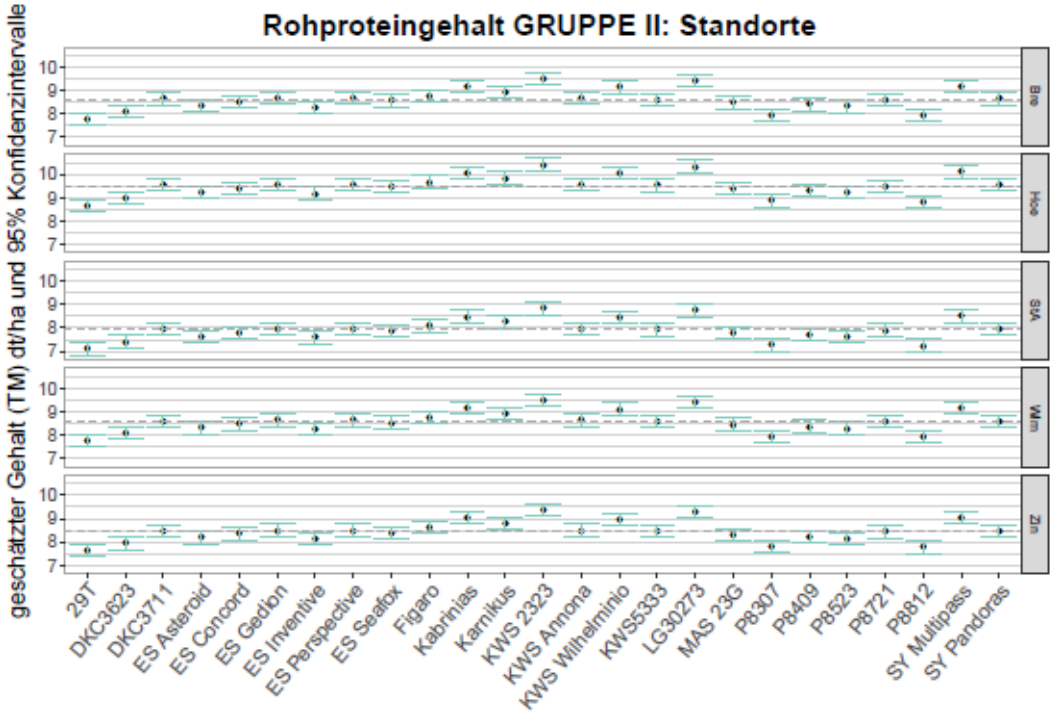


Abbildung 11: Reifegruppe II Proteingehalt und Proteinertrag über alle Standorte



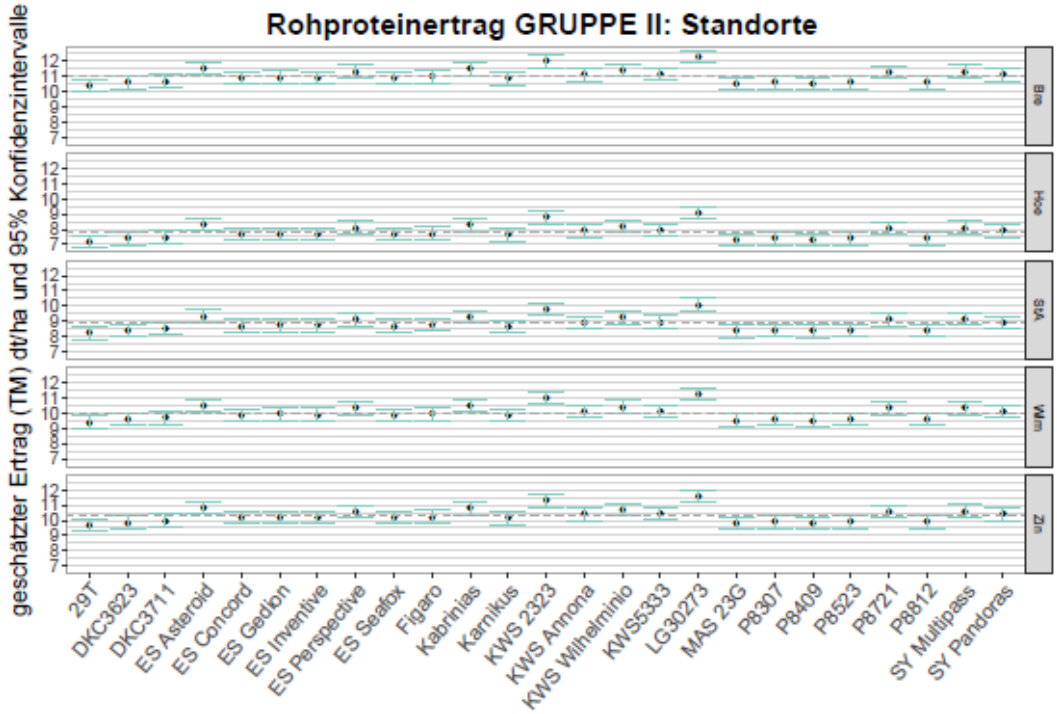


Abbildung 12: Reifegruppe III Proteingehalt und Proteinertrag über alle Standorte

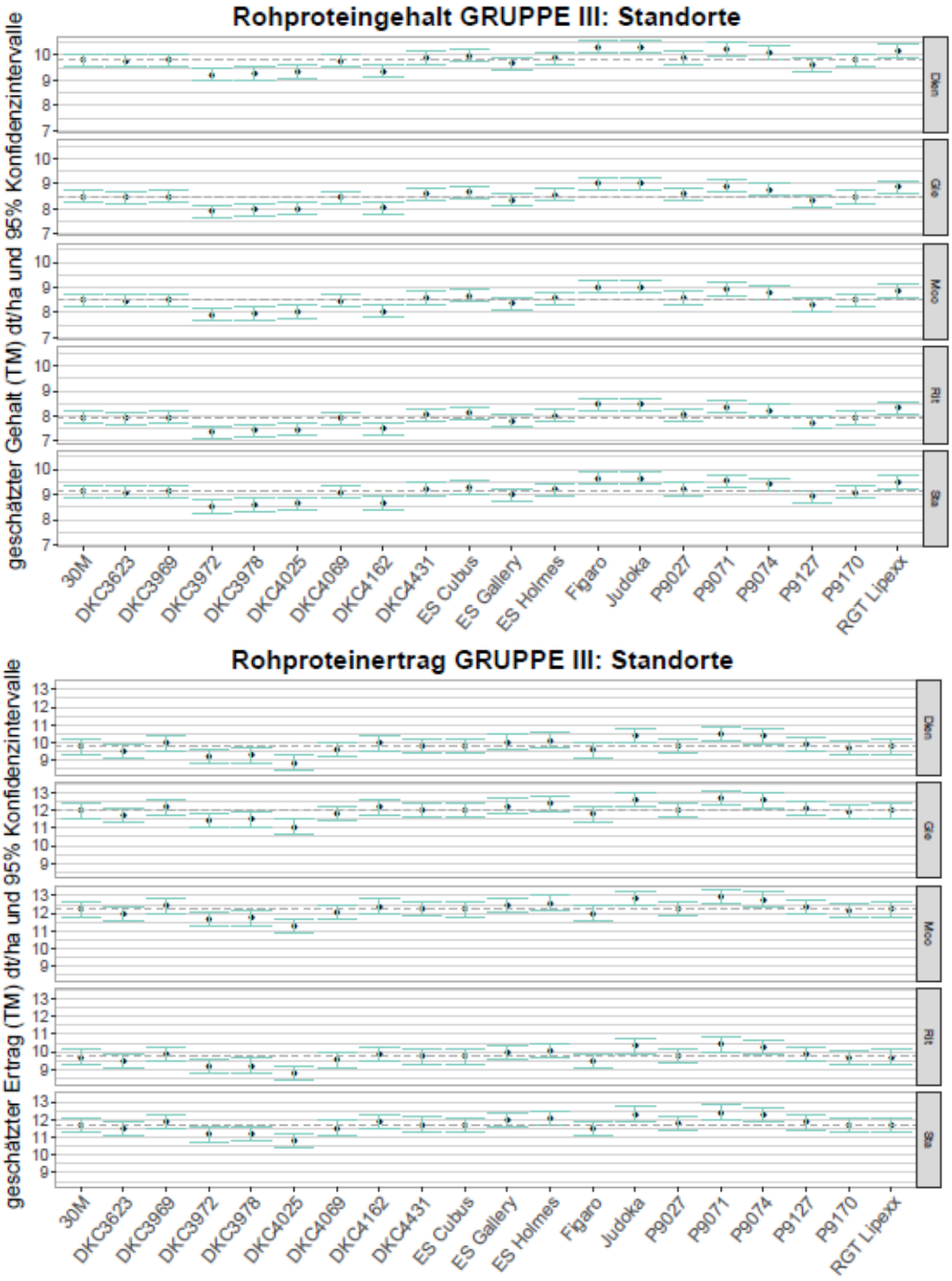
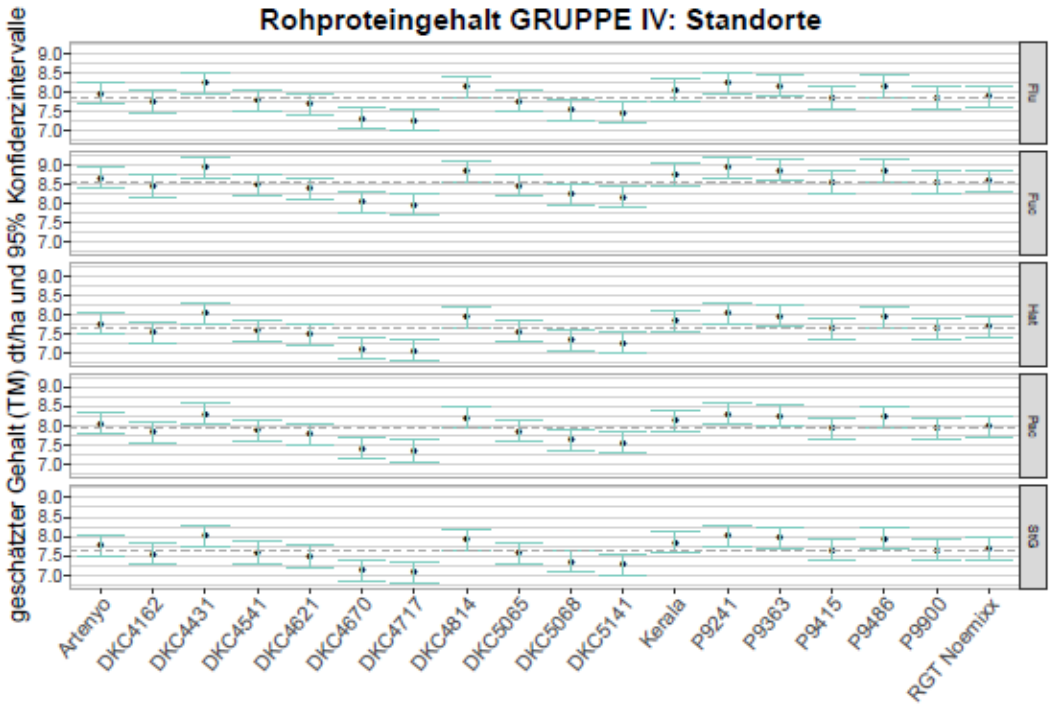


Abbildung 13: Reifegruppe IV Proteingehalt und Proteinertrag über alle Standorte


Rohproteingehalt GRUPPE IV: Standorte
geschätzter Gehalt (TM) dt/ha und 95% Konfidenzintervalle
Flu
Fuc
Hat
Rec
SIG
Artenyo
DKC4162
DKC4431
DKC4541
DKC4621
DKC4670
DKC4717
DKC4814
DKC5065
DKC5068
DKC5141
Kerala
P9241
P9363
P9415
P9486
P9900
RGT Noemixx

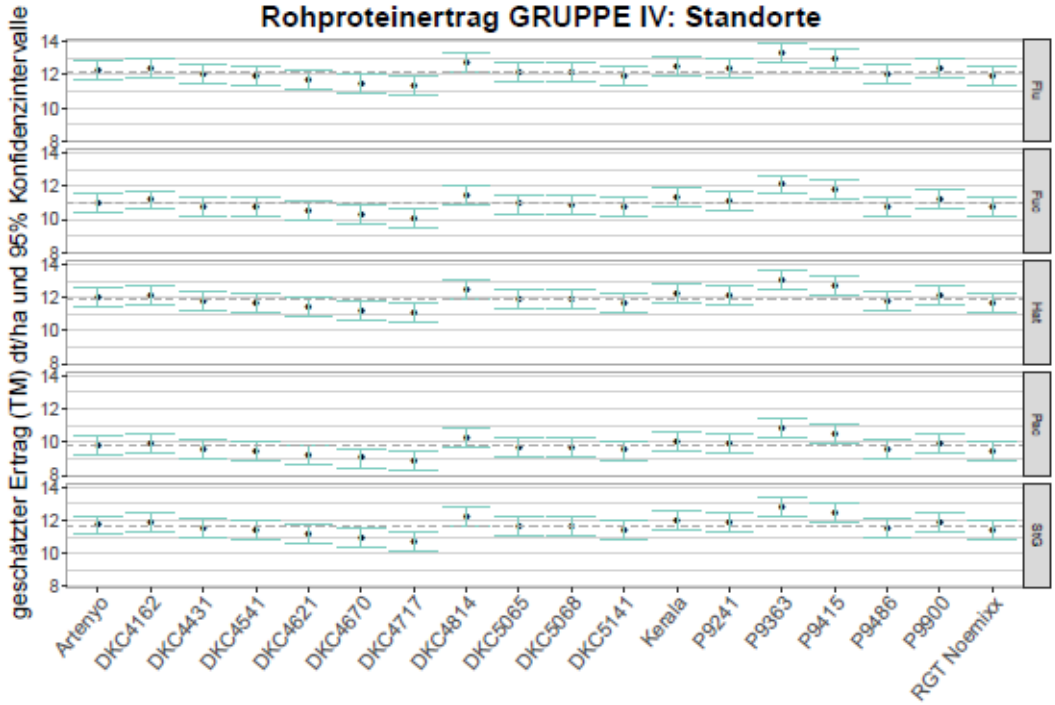

Rohproteinertrag GRUPPE IV: Standorte
geschätzter Ertrag (TM) dt/ha und 95% Konfidenzintervalle
Flu
Fuc
Hat
Rec
SIG
Artenyo
DKC4162
DKC4431
DKC4541
DKC4621
DKC4670
DKC4717
DKC4814
DKC5065
DKC5068
DKC5141
Kerala
P9241
P9363
P9415
P9486
P9900
RGT Noemixx

Tabelle 8: Aminosäurengehalte über die einzelnen Reifegruppen.

GRUPPE I	Mittelwert	Standardabweichung	Minimum	Maximum
ALA%	0,66	0,06	0,57	0,79
ARG%	0,43	0,04	0,35	0,52
ASP%	0,58	0,04	0,52	0,68
CYS%	0,21	0,01	0,16	0,23
GLU%	1,59	0,13	1,37	1,86
GLY%	0,35	0,03	0,30	0,41
HIS%	0,25	0,02	0,20	0,29
ILE%	0,28	0,04	0,19	0,36
LEU%	1,02	0,09	0,89	1,25
LYS%	0,28	0,02	0,23	0,33
MET%	0,19	0,02	0,14	0,23
PHE%	0,43	0,04	0,37	0,52
PRO%	0,82	0,07	0,64	0,98
SER%	0,42	0,03	0,36	0,49
THR%	0,32	0,02	0,28	0,37
TRY%	0,06	0,01	0,05	0,08
TYR%	0,36	0,04	0,31	0,44
VAL%	0,40	0,05	0,28	0,50
GRUPPE II	**Mittelwert**	**Standardabweichung**	**Minimum**	**Maximum**
ALA%	0,60	0,06	0,50	0,75
ARG%	0,41	0,03	0,34	0,48
ASP%	0,55	0,04	0,46	0,65
CYS%	0,19	0,01	0,15	0,22
GLU%	1,43	0,16	1,17	1,83
GLY%	0,33	0,02	0,30	0,38
HIS%	0,23	0,02	0,19	0,29
ILE%	0,26	0,04	0,17	0,35
LEU%	0,92	0,11	0,72	1,22
LYS%	0,27	0,02	0,23	0,31
MET%	0,17	0,02	0,13	0,21
PHE%	0,39	0,05	0,30	0,51
PRO%	0,72	0,08	0,58	0,92
SER%	0,38	0,04	0,30	0,46
THR%	0,30	0,02	0,26	0,35
TRY%	0,06	0,00	0,05	0,07
TYR%	0,32	0,03	0,27	0,40
VAL%	0,37	0,05	0,27	0,47

Ff

Tabelle 8: Aminosäurengehalte über die einzelnen Reifegruppen.

GRUPPE III	Mittelwert	Standardabweichung	Minimum	Maximum
ALA%	0,61	0,05	0,53	0,74
ARG%	0,40	0,04	0,33	0,47
ASP%	0,56	0,04	0,49	0,65
CYS%	0,18	0,01	0,16	0,20
GLU%	1,49	0,12	1,28	1,83
GLY%	0,32	0,02	0,29	0,38
HIS%	0,23	0,02	0,18	0,27
ILE%	0,27	0,04	0,16	0,33
LEU%	0,97	0,08	0,82	1,18
LYS%	0,26	0,02	0,22	0,31
MET%	0,16	0,02	0,13	0,20
PHE%	0,41	0,03	0,34	0,50
PRO%	0,73	0,04	0,64	0,84
SER%	0,39	0,03	0,36	0,49
THR%	0,30	0,02	0,27	0,36
TRY%	0,06	0,00	0,05	0,07
TYR%	0,34	0,03	0,29	0,44
VAL%	0,37	0,05	0,25	0,45
GRUPPE IV	**Mittelwert**	**Standardabweichung**	**Minimum**	**Maximum**
ALA%	0,53	0,05	0,45	0,68
ARG%	0,39	0,03	0,35	0,49
ASP%	0,51	0,04	0,45	0,65
CYS%	0,19	0,01	0,17	0,21
GLU%	1,29	0,12	1,08	1,67
GLY%	0,31	0,01	0,29	0,37
HIS%	0,21	0,02	0,19	0,27
ILE%	0,24	0,03	0,17	0,31
LEU%	0,81	0,08	0,64	1,04
LYS%	0,25	0,01	0,22	0,30
MET%	0,16	0,02	0,14	0,20
PHE%	0,35	0,03	0,27	0,44
PRO%	0,65	0,05	0,53	0,80
SER%	0,34	0,03	0,29	0,42
THR%	0,27	0,02	0,25	0,33
TRY%	0,06	0,00	0,05	0,06
TYR%	0,30	0,03	0,24	0,38
VAL%	0,34	0,04	0,26	0,44

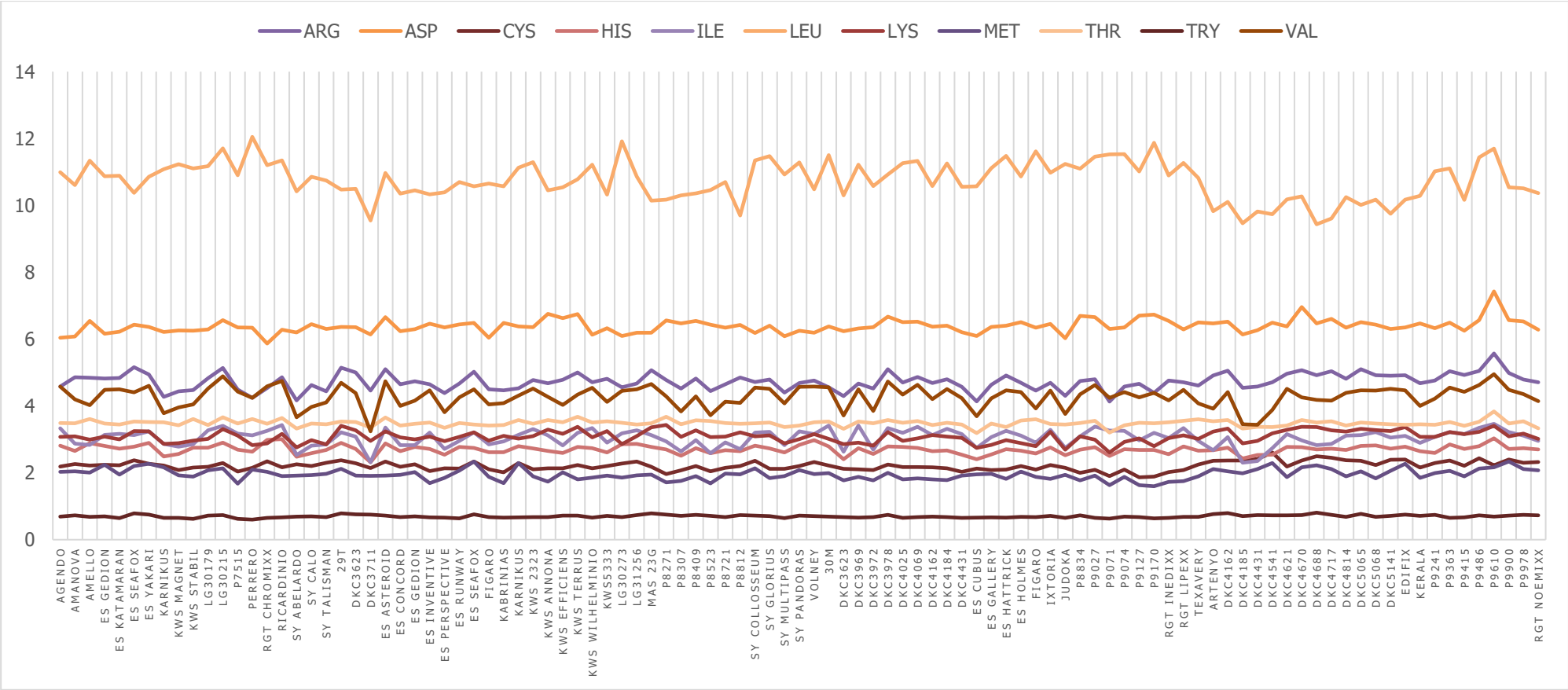


Abbildung 14: Zusammensetzung ausgewählter Aminosäuren in den Sorten der Wertprüfung

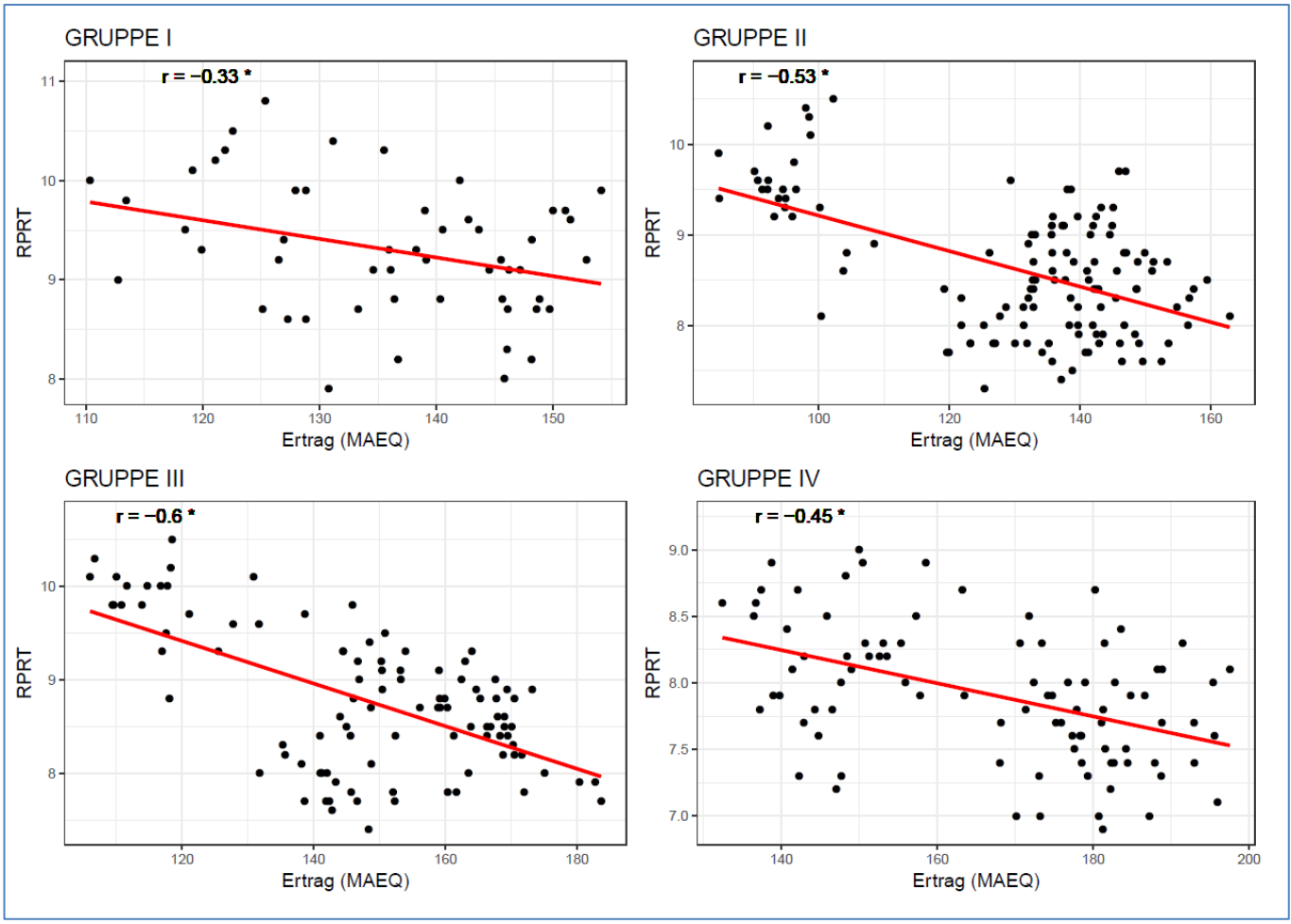


Abbildung 15: Ertrag in dt/ha und Rohproteingehalt