
Einfluss des Genotyps auf die Futterqualität und PPO-Aktivität von Rotklee

M. Gierus¹, J. Kleen¹, P. Voss¹, B. Ingwersen², W. Luesink² und F. Taube¹

¹ Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung, Grünland und Futterbau/Ökologischer Landbau, CAU Kiel

² Norddeutsche Pflanzenzucht, Hohenlieth/Malchow

Einleitung und Problemstellung

In einigen Leguminosenarten vorkommende sekundäre Pflanzeninhaltsstoffe wie kondensierte Tannine oder Polyphenoloxidase (PPO) wirken hemmend auf den raschen Proteinabbau in den Vormägen von Wiederkäuern. Die im Rotklee enthaltene PPO ist verantwortlich für die enzymatische Bräunungsreaktion vieler Pflanzen, bei der sehr reaktive *o*-Quinone entstehen, welche mit weiteren Phenolen und Proteinen Komplexe bilden können.

Diese Quinon-Protein-Komplexe können zu einem reduzierten Proteinabbau im Pansen und folglich zur Verbesserung der N-Nutzungseffizienz beitragen. Untersuchungen hinsichtlich genotypbedingter Unterschiede in Futterqualität und PPO-Aktivität bei Rotklee sind kaum dokumentiert. Ziel der vorliegenden Arbeit ist es, die Futterqualität und PPO-Aktivität zu untersuchen, um Rotklee Genotypen mit einer verbesserten Futterqualität zu identifizieren.

Material und Methoden

Datenbasis der Untersuchung bilden einjährige Ergebnisse zur Ertragsleistung- und Futterqualitätsbestimmung von Rotklee genotypen aus Malchow/Poel. Insgesamt wurden 6 Rotklee genotypen in 3 aufeinander folgenden Aufwüchsen im Jahr 2005 beprobt (Genotypbezeichnung: I, II, III, IV, V, VI). Zur Beprobung wurde die phänologische Entwicklung nach FAGEBERG (1988) bestimmt. Die Beprobung erfolgte zur Siloreife auf 5 cm Schnitthöhe. Eine Unterprobe wurde zur Bestimmung des Blatt/Gewichts-Verhältnisses (BGV) entnommen. Proben für die Futterqualitätsbestimmung wurden gekühlt nach Kiel transportiert, in einem Umlufttrockenschrank bei 58°C getrocknet und auf 1 mm vermahlen. Proben für die Bestimmung der PPO-Aktivität wurden in Blatt (ohne Petiole) und Stängel getrennt und sofort bei -20°C gefroren und in Gefrierboxen nach Kiel transportiert. Bis zur weiteren Analyse wurden die Proben bei -27°C gelagert. Die Daten wurden einer Varianzanalyse unterzogen und Mittelwerte anhand des Student's t-Test verglichen und die Irrtumswahrscheinlichkeiten anhand des Bonferroni-Holm Tests angepasst.

Ergebnisse und Diskussion

Die statistische Auswertung zeigte keinen Einfluss der Wechselwirkung Genotyp x Aufwuchs für die meisten Merkmale (Tab. 1). Der Faktor Aufwuchs beeinflusste durchgehend die untersuchten Merkmale. Ein niedrigeres BGV wurde im 1. Schnitt beobachtet, während ein geringerer mean stage by count (MSC) und TM-Ertrag im 3. Schnitt festgestellt wurde.

Tab. 1: Blatt/Gewichtverhältnis (BGV), Anteil generativer Triebe (GT, %), Mean stage by count (MSC), TM-Ertrag (g/m²), ADF- und NDF-Gehalte (% TM) der Genotypen in 3 Aufwüchsen

Merkmal	Genotyp						SE	Aufwuchs			SE
	I	II	III	IV	V	VI		1.	2.	3.	
BGV	38 ^b	39 ^b	42 ^a	44 ^a	43 ^a	39 ^b	0,6	28 ^c	48 ^a	47 ^b	0,5
GT	39 ^b	35 ^b	38 ^b	39 ^b	42 ^b	52 ^a	3,2	19 ^b	97 ^a	7 ^c	2
MSC	6,6 ^b	6,5 ^b	6,5 ^b	6,5 ^b	6,5 ^b	7,7 ^a	0,2	5,7 ^b	9,4 ^a	5,0 ^c	0,1
TM-Ertrag	484	518	504	491	489	480	18	768 ^a	378 ^b	337 ^c	12
ADF	29,2	29,9	29,6	29,2	29,2	28,9	0,4	32,1 ^a	30,1 ^b	25,7 ^c	0,4
NDF	49,7	49,8	50,1	49,6	48,9	49,2	0,7	49,8 ^b	54,1 ^a	44,6 ^c	0,6

Die Wechselwirkung Genotyp x Aufwuchs war für den Rohproteingehalte (RP) und die RP-Fraktion B1 (rasch abbaubares Protein) signifikant (Tab. 2). Der RP-Gehalt war zum 3. Termin am höchsten, was, bis auf wenige Ausnahmen, auch für die Fraktion B1 galt. Genotypbedingt variierte der RP-Gehalt im 1. Termin zwischen 16,9 und 20,1% und im 2. Termin zwischen 19,4 und 21,8%. Zum 3. Termin sind keine genotypbedingten Unterschiede im RP-Gehalt statistisch abzusichern. Allein zum 1. Termin waren genotypbedingte Unterschiede in der Fraktion B1 zu beobachten. Der Genotyp III wies die höchsten Gehalte auf, während für Genotyp II die geringsten Werte festgestellt wurden.

Tab. 2: RP-Gehalte (% TS) und RP-Fraktion B1 (g N/kg N) der Genotypen in 3 Aufwüchsen

Genotyp	RP-Gehalt ¹⁾			RP-Fraktion B1 ²⁾		
	Aufwuchs			Aufwuchs		
	1.	2.	3.	1.	2.	3.
I	19,1 ^{aC}	20,6 ^{abB}	23,8 ^{abA}	88,8 ^{abAB}	56,2 ^B	120,6 ^A
II	16,9 ^{bC}	21,1 ^{abB}	24,1 ^{abA}	21,2 ^{cB}	27,3 ^B	113,2 ^A
III	18,7 ^{abC}	21,8 ^{abB}	24,6 ^{aA}	104,5 ^{aA}	21,4 ^B	95,8 ^A
IV	18,4 ^{abB}	19,4 ^{bB}	22,2 ^{bA}	32,5 ^{bcB}	11,2 ^B	116,6 ^A
V	20,0 ^{abB}	20,2 ^{abB}	24,2 ^{aA}	63,3 ^{abB}	24,8 ^C	102,1 ^A
VI	20,1 ^{abB}	20,6 ^{abB}	24,7 ^{aA}	37,3 ^{bcB}	29,5 ^B	84,6 ^A

¹⁾ SE=0,4; ²⁾ SE=19,8; ^{a,b} zeigen signifikante Unterschiede zwischen Genotypen innerhalb des Aufwuchses; ^{A, B} zeigen signifikante Unterschiede zwischen Aufwüchsen innerhalb des Genotyps

Die Proteinfraktionen sind in Tab. 3 dargestellt. Für die Fraktionen A, B2, B3 und C sind nur die Haupteffekte signifikant. Für Fraktion A (Nicht-Protein Stickstoff) waren zum 1. Aufwuchs die höchsten Gehalte zu beobachten. Für Fraktion B2 (potentiell abbaubares Protein) wurden zum 3. Termin die höchsten Gehalte beobachtet. Für Fraktion B3 (im NDF gebundenes, potentiell abbaubares Protein) und C (im ADF gebundenes, nicht verfügbares Protein) wurden zum 2. Termin die höchsten Gehalte ermittelt.

Zwischen den Genotypen ist für Fraktion B3 kein Unterschied festzustellen. Für Fraktion A und B2 zeigt der Genotyp VI mit 312 bzw. 284 g N/kg N die höchsten Gehalte, die wiederum für Fraktion C für diesen Genotyp am geringsten waren.

Tab. 3: RP-Fraktion A, B2, B3 und C der Genotypen in 3 Aufwüchsen (g N/kg N)

Fraktion	Genotyp						SE	Aufwuchs			SE
	I	II	III	IV	V	VI		1.	2.	3.	
A	262 ^b	272 ^b	293 ^{ab}	292 ^{ab}	270 ^b	312 ^a	10	352 ^a	231 ^c	268 ^b	7
B2	276 ^{ab}	263 ^{ab}	220 ^b	199 ^b	267 ^{ab}	284 ^a	13	225 ^b	237 ^b	293 ^a	10
B3	244	259	281	290	260	243	17	255 ^b	326 ^a	208 ^c	9
C	141 ^{ab}	152 ^{ab}	145 ^{ab}	168 ^a	146 ^{ab}	120 ^b	9	126 ^b	184 ^a	125 ^b	9

Die PPO-Aktivität wurde nicht in den Proben des 1. Termins bestimmt. Genotypbedingte Unterschiede waren nicht abzusichern (Tab. 4). Höhere PPO-Aktivitäten wurden für Genotyp IV zum 2. Termin und für Genotyp II und V zum 3. Termin beobachtet.

Tab. 4: Aktivität der PPO der Genotypen in 2 Aufwüchsen (UI/µg Protein/g TS)

Genotyp	Aufwuchs ¹⁾		
	1.	2.	3.
I	-	0,36 ^a	0,33 ^a
II	-	0,24 ^a	0,34 ^a
III	-	0,38 ^b	0,82 ^a
IV	-	0,93 ^a	0,36 ^b
V	-	0,17 ^b	0,54 ^a
VI	-	0,32 ^a	0,09 ^a

¹⁾ SE=0,17; ^{a,b} zeigen signifikante Unterschiede zwischen Aufwüchse innerhalb des Genotyps

Die Ergebnisse der Untersuchung zeigen für die meisten Parameter einen deutlichen Effekt des Schnittzeitpunktes, während Unterschiede zwischen den Genotypen eher für die Proteinfractionen und den Rohproteingehalt abzusichern sind. Die Gehalte an NDF und ADF der Genotypen in der vorliegenden Untersuchung liegen im 1. Aufwuchs etwas höher als die beobachteten Gehalte von AUFRÈRE et al. (2002) mit 449 und 287 g/kg für NDF und ADF. Dagegen stimmen die Gehalte an Rohprotein mit 18,7% gut überein.

Eine Veränderung der Futterqualität von Genotypen in Abhängigkeit von der PPO-Aktivität ist besonders im Bereich der Proteinqualität zu erwarten. Das pflanzliche Rohprotein besteht aus unterschiedlichen Proteinfractionen, welche in Nicht-Protein Stickstoff (Fraktion A), schnell (Fraktion B1), potentiell (Fraktion B2 und B3) oder nicht verfügbar (Fraktion C) für die mikrobielle Aktivität im Pansen eingeteilt werden können. Im Zusammenhang mit der Menge an fermentierbarer organischer Masse kann die RP-Fraktion A sofort von der mikrobiellen Population im Pansen genutzt werden, während die RP-Fractionen B1, B2 und B3 mit unterschiedlichen Abbauraten genutzt werden. Das daraus entstehende unabgebaute Protein bildet das UDP, was als Aminosäurenquelle im Dünndarm anflutet. Die Gehalte an Fraktion A liegen für alle Genotypen in einem etwas höheren Bereich, als die durch GIERUS et al. (2005) ermittelten Gehalte an Fraktion A für die Rotkleeorte Pirat im 1. Aufwuchs. Auch Fraktion C wies in der vorliegenden Untersuchung höhere Gehalte auf, als zuvor von GIERUS et al. (2005) beobachtet.

Da unterschiedliche Aufwüchse gewählt wurden, sind die beobachteten Effekte ein Ergebnis aus Witterungseinflüssen und dem Alter (phänologische Entwicklung) der Rotkleepflanzen zum Schnittzeitpunkt. Dies wird durch die Variation im MSC zwischen den Aufwüchsen bestätigt. Zum 2. Aufwuchs wurden ältere Pflanzen als zum 1. und 3. Aufwuchs geerntet. Zum 2. und 3. Aufwuchs wurden auch die höchsten Blatt/Gewichts-Verhältnisse beobachtet.

In der vorliegenden Untersuchung scheint der Einfluss der Aufwüchse eine wichtigere Rolle für die Futterqualität zu spielen, als die untersuchten Genotypen. Ein höherer NDF-Gehalt zum jeweiligen Aufwuchs führte zu einem höheren Gehalt an Fraktion B3, was durch die Einlagerung höherer Anteile an N in die Zellwand mit steigendem Alter zu erklären ist. Im Zusammenhang mit einem geringeren Blatt/Gewichts-Verhältnis konnten höhere Anteile an Fraktion A beobachtet werden. Dieser Zusammenhang stimmt mit der Veränderung der PPO-Aktivität überein, da z.T. bei höheren Blatt/Gewichts-Verhältnissen auch höhere PPO-Aktivitäten zu beobachten sind.

Schlussfolgerung

Der Einfluss des Aufwuchses auf die ermittelten Futterqualitätsmerkmale ist bei Rotklee genotypen deutlicher ausgeprägt, als der genotypbedingte Einfluss. Das Blatt/Gewichts-Verhältnis ist eine wichtige morphologische Eigenschaft, die die Proteinqualität von Rotkleeaufwüchsen maßgeblich beeinflusst.

Literatur

AUFRÈRE, J., GRAVIOU D., DEMARQUILLY, C. (2002). Protein degradation in the rumen of red clover forage at various stages of growth and conserved as silage or wrapped big bales. *Reproduction Nutrition and Development* 42, 559-572.

FAGERBERG B. (1988). Phenological development in timothy, red clover and lucerne. *Acta Agriculturae Scandinavica*, 38, 159-170.

GIERUS, M., KLEEN, J., TAUBE, F. (2005). Variation in protein quality of forage legumes during spring growth. In: Proceedings of the XX International Grassland Congress. 2005, Dublin: Wageningen Academic Publishers, p.240.
