

Quantification of bovine methane emissions using the fecal biomarker archaeol

M.Sc. agr. Lisa-Marie Sandberg

1. Berichterstatter: Prof. Dr. Georg Thaller

Das im Verdauungstrakt von Wiederkäuern produzierte Methan ist als Endprodukt anaerober Nahrungsumsetzung vom Tier nicht weiter verwertbar, wird daher ausgestoßen und stellt in der Gesamtsumme eine globale Klimabelastung dar. Vor diesem Hintergrund ist der Landwirtschaftssektor zunehmend gefordert, den öffentlichen und politischen Ansprüchen einer klimaschonenden und nachhaltigen Tierproduktion gerecht zu werden. Folglich intensivieren sich wissenschaftliche Bestrebungen, neue Strategien zur Verringerung anthropogener Methanemissionen aus der Tierhaltung zu entwickeln und zu erforschen. Ziel des Projektes MethanA war es, einen im Kot von Rindern detektierbaren Biomarker für die Methanemission (**ME**) zu untersuchen und in diesem Rahmen eine Bewertung der fäkalen Archaeolkonzentration (**fArch**) als praktikables Hilfsmerkmal für die Zucht auf verminderte Methanproduktion durchzuführen.

Im **ersten Kapitel** wurden aktuelle Methoden und Techniken, die bei Wiederkäuern zur Quantifizierung des Methanausstoßes auf Einzeltierebene Anwendung finden, beschrieben. Zudem sind die Vor- und Nachteile sowie die Anforderungen einer möglichen Nutzung diskutiert worden.

Im Rahmen der Projektvorarbeiten wurden an zehn Milchkühen Gaswechsellmessungen in Respirationskammern durchgeführt; welche Inhalt des **zweiten Kapitels** sind. Ziel der experimentellen Studie war es, die Beziehung zwischen ME und fArch zu untersuchen. Hierfür durchliefen die Kühe zwei Versuchsdurchgänge. Im ersten Kammerversuch befanden sich die Kühe etwa 100 Tage in Milch und es wurde eine Ration mit moderaten Stärke- und Fettgehalten ad libitum verabreicht (178 g Stärke/kg Trockenmasse (TM), 44 g Fett/kg TM). Im zweiten Durchgang, etwa zum 135. Laktationstag, erhielten die Tiere eine im Stärke- und Fettgehalt reduzierte Ration (99 g Stärke/kg TM, 27 g Fett/kg TM). ME (l/d) wurde über 24 Stunden gemessen, wobei Kotproben für die fArch-Analyse um 06:30, 10:00 und 14:30 Uhr rektal entnommen wurden. Es zeigte sich ein signifikanter Einfluss des Versuchsdurchlaufs, welcher aus dem Effekt des Laktationsstadiums sowie aus dem Effekt der Ration bestand. Die Laktationsnummer des Tieres zeigte keinen signifikanten Effekt. Mittels einer linearen Regressionsanalyse konnte eine relativ schwache und nur tendenziell signifikante Beziehung zwischen fArch und ME beobachtet werden ($R^2 = 0,16$, $P = 0,077$). Bei Bezug der Methanemission auf die Höhe der Trockenmasseaufnahme ($l\text{CH}_4/\text{kg TMA}$) verbesserte sich die Beziehung deutlich ($R^2 = 0,53$, $P < 0,001$). Die um 10:00 Uhr gesammelten Kotproben konnten, bei Einzelbetrachtung der Kotentnahmezeitpunkte, die Variation der Methanproduktion am besten erklären ($R^2 = 0,23$).

Schwerpunkt des **dritten Kapitels** war es, im sich anschließenden Praxisversuch, den phänotypischen Verlauf von fArch bei Milchkühen während der Transit-, Laktations- und Trockenstehphasen und darüber hinaus die Beziehungen zu bedeutenden Zuchtzielmerkmalen zu analysieren. Dafür wurden von 31 Kühen zu festgelegten Zeitpunkten Kotproben entnommen und fArch bestimmt. Es konnte eine starke Variation von fArch zwischen aber auch innerhalb der Tiere beobachtet werden. Die Zeitpunkte der Probenahmen in der Laktation sowie während der Trockenstehphasen hatten einen hoch signifikanten Einfluss auf den Gehalt an Archaeol im Kot. Des Weiteren wurden signifikante Unterschiede zwischen den Laktationsnummern beobachtet. In der zweiten Laktation waren geringere fArch im Kot detektierbar, verglichen mit der ersten und dritten Laktation. Die Wiederholbarkeit für das Merkmal fArch betrug über alle drei Produktionsphasen 43 %, die Heritabilität für das Merkmal kann somit als moderat angenommen werden. Die wöchentliche Probensammlung zwischen dem 25. und 75. Laktationstag an einer kleineren Kohorte ($n = 18$) resultierte in einer deutlich höheren Wiederholbarkeit von 66 % für fArch.

Das Ziel des **vierten Kapitels** bestand darin, die mikrobielle Gemeinschaft in Pansensaft und Kot zu charakterisieren sowie den Zusammenhang mit fArch zu untersuchen. Eine Analyse der Substrate mittels 16S rRNA-Amplikon-Sequenzierung zeigte Unterschiede in der Häufigkeit der archaeellen und bakteriellen Gemeinschaft für laktierende Kühe, die nach der Höhe von fArch (niedrig, mittel oder hoch) gruppiert wurden. Die Ergebnisse weisen eine starke Variation zwischen verschiedenen fArch-Phänotypen und der Abundanz von Methanogenen im Pansen auf.

Die fäkale Archaeolkonzentration eignet sich zum aktuellen Forschungsstand nicht als alleinstehender Biomarker für die Methanemission beim Rind. Obwohl eine umfassende Sammlung von Kotproben in der Landwirtschaft realisierbar wäre, bleibt der Nachweis von fArch im Labor teuer und zeitaufwendig. Darüber hinaus war die Beziehung zwischen fArch und der Methanemission nicht ausreichend belastbar und die tierindividuelle Ausscheidung unterlag starken Schwankungen, die von verschiedenen Tier- und Umwelteffekten bedingt werden. Zur praktischen Umsetzung einer Zuchtstrategie in landwirtschaftlichen Betrieben wäre eine Kombination mit weiteren Hilfsmerkmalen wie der Zusammensetzung des ruminalen Mikrobioms denkbar.