Sonderdruck

ISSN 0341-5155

04/2016

mais

www.maiskomitee.de

Die Fachzeitschrift für Spezialisten

Welcher Maissortentyp für die Biogasanlage?



Trotz EEG-Novelle: Mais bleibt als Biogassubstrat unverzichtbar. *Foto: agrarpress*

03.11.16 12:39

Welcher Maissortentyp für die Biogasanlage?

Wechselspiel der Inhaltsstoffe beeinflusst das Potenzial der Biogasausbeute

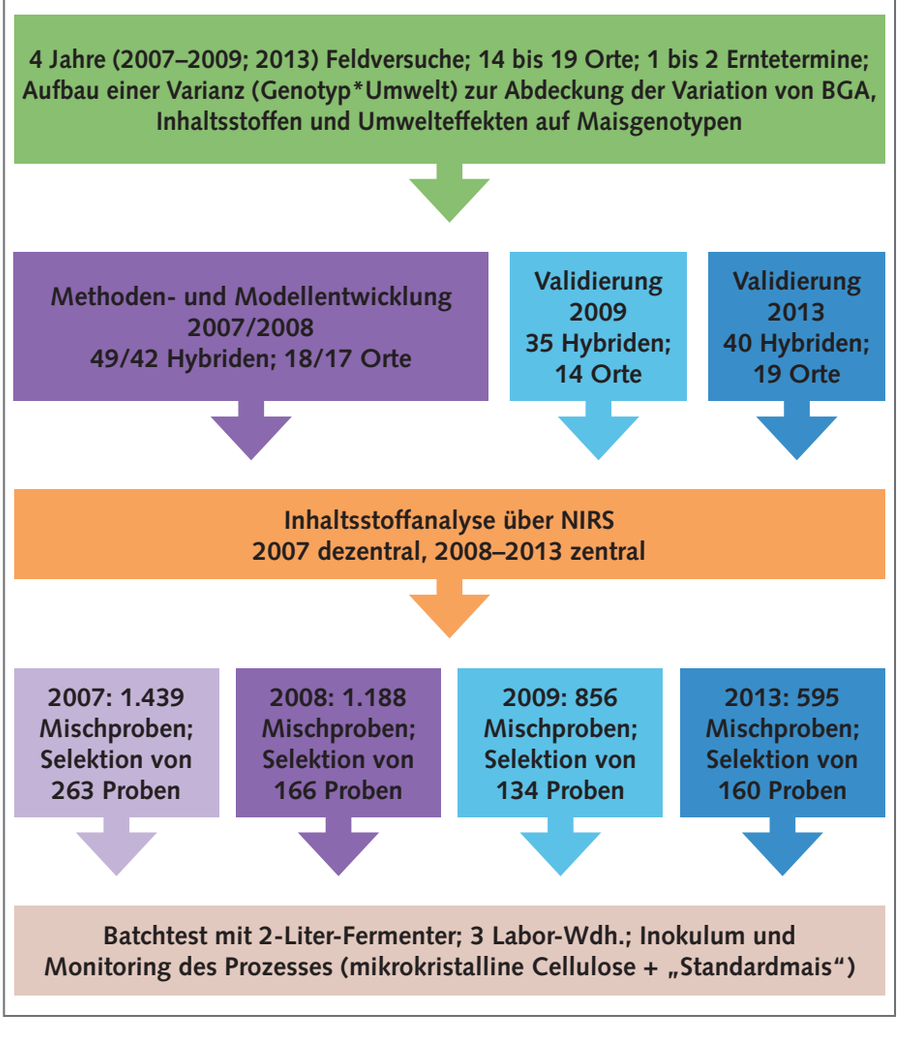
Mais hat sich in den letzten Jahren zum wichtigsten Co-Substrat in Biogasanlagen mit nachwachsenden Rohstoffen entwickelt. Aktuell wird in Deutschland eine Anbaufläche von circa 900.000 ha mit einem Marktwert von etwa 1,35 Mrd. Euro zur Biogasproduktion genutzt. Die Bereitstellung von kostengünstigem Substrat ist essenziell für einen wirtschaftlichen Betrieb von Biogasanlagen, d. h., es sind Maissorten mit einer hohen Ertragsleistung und einer hohen spezifischen Biogasausbeute gefordert. Im Hinblick auf die aktuell anstehende EEG-Novelle mit einer weiteren gesetzlichen Deckelung des Maisanteils wird die Bewertung beider Ertragsmerkmale und deren Steigerung zur Erhöhung der ökonomischen sowie ökologischen Effizienz der Biogasproduktion weiter an Bedeutung gewinnen.

Jürgen Rath, Bonn, Antje Herrmann, Kiel, Hauke Heuwinkel, Vasilis Dandikas und Fabian Lichti, Freising

Die spezifische Biogasausbeute (BGA) für Mais zeigte bis zum Jahr 2007 eine relativ große Variation von 459 bis 938 Normliter (l_N) kg^{-1} oTM, die u. a. auf unterschiedliche Aufbereitungsformen (getrocknet-unsiliert, siliert, gehäckselt bis vermahlen) der Maispflanzen zurückzuführen ist. Erste Ansätze zur Schätzung der Biogasausbeute (Baserga, 1998; Keymer & Schilcher, 1999; Amon, 2007; Kaiser, 2007) kamen zu widersprüchlichen Aussagen hinsichtlich der Bedeutung einzelner Inhaltsstoffe bzw. Futterqualitätsparameter für die Konversion in der Biogasanlage. In der Folge entstand eine kontroverse Diskussion zur Frage der Bedeutung des Kolbens bzw. der Gesamtmasse in der Bewertung von Maissorten für die Biogasnutzung. Auch die Frage der Notwendigkeit getrennter Züchtungsprogramme für die Biogaserzeugung bzw. den Einsatz in der Fütterung von Wiederkäuern wurde thematisiert.

Als Referenzmethode zur Messung des Potenzials der Biogasausbeute von Substraten im Labor ist der Batchversuch ein sehr zeit- und kostenintensives Verfahren. Züchtungsunternehmen benötigen jedoch Verfahren, die mit wenig Aufwand frühzeitig eine Selektion interessanter Genotypen ermöglichen.

Abb. 1: Versuchsdesign und Vorgehensweise bei Probennahme und -aufbereitung



SD_M4_Rath_v2.indd 2

Tab. 1: Monokausale Korrelation von Inhaltsstoffen und Futterqualitätsparametern zur spezifischen Biogasausbeute (BGA; l_N kg^{-1} oTM)

Parameter	Korrelationskoeffizient (r)
Trockensubstanzgehalt % (TS)	0,41
Rohprotein[1] in % der TM (XP)	0,03
Rohfett[1] (XL)	0,66**
Stärke[1] (XS)	0,52*
Reduzierende Zucker[1] (XS)	-0,45
Rohfaser[1] (XF)	-0,48
Neutral-Detergenzien-Faser[1] (NDF)	-0,47
Säure-Detergenzien-Faser[1] (ADF)	-0,49
Hemicellulose[1] (HCEL)	-0,37
Cellulose[1] (CEL)	-0,46
Säure-Detergenzien-Lignin[1] (ADL)	-0,70**
Enzymlösbare organische Substanz[1] (ELOS)	0,50*
In-vitro-Verdaulichkeit der organische Masse[1] (IVDOM)	0,50*
Enzymunlösbare organische Substanz[1] (EULOS)	-0,51*
Umsetzbare Energie (ME)	0,61*

[1] in % der TM;* = $p < 0,05$;** = $p < 0,10$

Kooperationsprojekt

Diese unbefriedigende Situation führte dazu, dass in der Arbeitsgruppe Züchtung des Deutschen Maiskomitees ein Projekt initiiert wurde mit den Zielen, (i) mögliche Sortenunterschiede in der BGA zu quantifizieren, (ii) den Zusammenhang zwischen BGA und einzelnen Inhaltsstoffen bzw. Qualitätsparametern von Silomais zu analysieren sowie (iii) daraus ein Modell zur Schätzung der potenziellen BGA abzuleiten, was dann (iv) die Charakterisierung eines Maisidiotyps zur Biogasnutzung ermöglicht. An einem unabhängigen Datensatz sollten das zu entwickelnde Modell sowie weitere in der Literatur verfügbare theoretisch (Baserga, 1998; Keymer & Schilcher, 1999; Weißbach, 2010) bzw. empirisch abgeleitete Schätzmodelle (Kaiser, 2007) validiert werden.

Hierzu wurden in den Jahren 2007 bis 2009 und 2013 bundesweit Feldversuche an jeweils 14 bis 19 Standorten durchgeführt (Abb. 1). In den Versuchen standen zwischen 35 und 49 Maisgenotypen, die z. T. zu zwei verschiedenen Terminen beerntet wurden. Damit wurde eine breite genetische und umweltbedingte Variation bei Inhaltsstoffen, Futterqualitätsparametern und BGA sichergestellt. Die Datensätze der Jahre 2007 und 2008 dienten einerseits methodischen Optimierungen im Referenzlabor und andererseits der Entwicklung eines Modells zur Schätzung der BGA aus Inhaltsstoffen. Eine Validierung der Schätzfunktion wurde anhand der Datensätze aus 2009 und 2013 vorgenommen; ergänzend mittels einer weiteren Versuchsserie 2014. Die Inhaltsstoffe und Futterqualitätsparameter aller Proben wurden mittels Nah-Infrarot-Reflexions-Spektroskopie (NIRS) zentral erfasst. Auf Basis dieser Ergebnisse wurden Teildatensätze selektiert, die jeweils die gesamte Variation in der Probenqualität eines Jahres repräsentierten. Die Bestimmung der BGA erfolgte jeweils an diesen Teildatensätzen im Batchtest-Verfahren am Institut für Landtechnik und Tierhaltung (ILT) der Bayerischen Landesanstalt für Landwirtschaft (LfL). Der Batchanalytik ist dabei mit Blick auf das Ziel der Studie große Aufmerksamkeit gewidmet worden. Die signifikante Interaktion zwischen Standort und Inokulum am Datensatz des Jahres 2007 zeigte auf, dass die Aktivität des Inokulums die Höhe der BGA in den einzelnen Messansätzen beeinflusste. Konsequenterweise wurden weitergehende Untersuchungen vorgenommen, um die Präzision und Wiederholbarkeit des Batchtest-Verfahrens zu verbessern. Ein Ergebnis dieser Untersuchung ist, dass das Inokulum vor der Anwendung mindestens sieben Tage auszugären ist. Der Fehler im Labor konnte hierdurch deutlich vermindert werden. Das Monitoring des Vergärungsprozesses und damit der Aktivität der Bakterien im Fermenter erfolgte über mikrokristalline Cellulose und einen „Standardmais". Um entsprechend der Zielstellung dieser Studie den Fokus auf den Einfluss der Inhaltsstoffe auf die BGA zu legen, wurde als weitere Maßnahme für die folgenden Messungen eine vollständige Randomisation (Standort, Erntetermin, Genotyp) aller Batchproben vorgenommen und die nach Standorten gruppierte Messung der Proben wie im Jahr 2007 verworfen. Mögliche Einflüsse der Feldfaktoren und der Interaktionen von Probe und Inokulum wurden demzufolge in den zufälligen Fehler verschoben. Dies führte allerdings dazu, dass sortenbedingte Unterschiede in der BGA statistisch schwerer zu erkennen sind.

Ein Parameter reicht nicht aus

Die Analysen der Inhaltsstoffe und Futterqualitätsparameter dokumentieren im Datensatz 2008 eine breite Variabilität. Zwischen den geprüften Maisgenotypen konnte über die sechs Standorte eine Spannweite von 665 bis 747 (Δ 82) l_N kg^{-1} oTM festgestellt werden. Von den Zellinhaltsstoffen zeigten Rohfett (XL) und Stärke (XS) eine signifikant positive Korrelation zur BGA (Tab. 1). Lignin (ADL) wies die höchste signifikant negative Beziehung zur BGA auf, während die weiteren Zellwandbestandteile (NDF, ADF, Cellulose, Hemicellulose) durch eine tendenziell negative Beziehung zur BGA charakterisiert waren. Die Enzymlösbare organische Substanz (ELOS) sowie die Umsetzbare Energie (ME) zeigten hingegen eine signifikant positive Beziehung zur BGA. Es konnte jedoch kein Inhaltstoff bzw. Futterqualitätsparameter alleine (monokausal) die beobachtete Variation der BGA in ausreichendem Umfang erklären. Der nächste Schritt bestand folglich darin, eine multiple lineare Regression zur Schätzung der BGA über eine Kombination von Zellinhaltsstoffen, Zellwandbestandteilen und Futterqualitätsparametern zu entwickeln.

Multipler Ansatz notwendig

Es konnte ein Multiples-Lineares-Regressions-(MLR-)Modell von hoher statistischer Güte mit einem korrigierten multiplen Bestimmtheitsmaß von R^2 = 0,78, bei einem Signifikanzniveau von $p < 0,001$ und einem Schätzfehler von 10,6 l_N kg^{-1} oTM entwickelt werden (Abb. 2). Bei der Entwicklung wurde besonderes Augenmerk auf die Vermeidung von Multikollinearität gelegt, die zu instabilen Schätzungen der Regressionskoeffizienten führt und keine eindeutigen Modellinterpretationen ermöglicht. Multikollinearität liegt vor, wenn zwei oder mehr erklärende Variable eine sehr enge Korrelation zueinander aufweisen. Dies wäre z. B. bei der Hinzunahme von Stärke (XS) aufgrund der sehr hohen negati-

ven Beziehung zu den Zellwandbestandteilen gegeben. Als zentrales Ergebnis der MLR kann festhalten werden, dass eine hohe BGA über einen hohen Hemicellulose-(HCEL)- bzw. Rohfett-(XL-) Gehalt und einen niedrigen Anteil von Lignin (ADL) bzw. einen moderaten Gehalt an reduzierenden Zuckern (XZ) in der Gesamtpflanze erreicht wird. Die standardisierten Regressionskoeffizienten (nicht präsentiert) belegen, dass Hemicellulose und Rohfett eine wesentlich größere Bedeutung zukommt als den reduzierenden Zuckern und ADL. Rohfett weist die höchste Energiedichte von allen Inhaltsstoffen auf, wohingegen Hemicellulose und Lignin die Komplexität des C-Bindungsstatus widerspiegeln. Der Gehalt reduzierender Zucker reflektiert den physiologischen Status der Pflanze und mit dieser Form die Remobilisierungs- und Umlagerungsprozesse von Kohlenhydrat-Verbindungen aus Blatt und Stängel in den sich entwickelnden Kolben. Die genetische Varianz der BGA ist konsequenterweise auf die Inhaltsstoffmatrix und nicht auf den Effekt eines einzelnen Inhaltsstoffes zurückzuführen. Über die multiple Herangehensweise werden die Inhaltsstoffe in ihrer Matrix mehrdimensional betrachtet, was zur Folge hat, dass die Vorzeichen zu den Parametern in der Schätzfunktion nicht auf die monokausale Betrachtung übertragbar sind.

Es gibt nicht nur einen Biogasmaisidiotypen

Aus den Daten und den Ergebnissen der MLR kann abgeleitet werden, dass es nicht einen Biogasmaisidiotypen gibt, sondern eine hohe BGA über mehrere züchterische Wege erreicht werden kann (Tab. 2, Genotyp 13 und 15). Nach der MLR ist zur Erzielung einer hohen BGA ein Maisgenotyp mit hohen XL-, hohen HCEL-, niedrigen ADL- und moderaten XZ-Gehalten zur Siloreife gefordert. Im Versuch erzielten die Genotypen 13 und 15 die höchsten Gasausbeuten mit 747 bzw. 746 l_N kg^{-1} oTM, obwohl diese eine unterschiedliche Inhaltsstoffzusammensetzung aufweisen. Genotyp 13 erreichte dies mit einem leicht über dem Mittel liegenden XL-Gehalt, einem geringen ADL-Gehalt, deutlich höherem Hemicellulose-Gehalt und einem geringen Gehalt reduzierender Zucker. Genotyp 15 hingegen hatte den höchsten XL-Gehalt aller Genotypen, einen leicht unterdurchschnittlichen Gehalt reduzierender Zucker sowie geringere ADL- und HCEL-Gehalte. Wesentlich für die hohe BGA war für Genotyp 15 der hohe Rohfettgehalt und für Genotyp 13 der höhere Hemicellulose- und Rohfettgehalt. Die geringste BGA wurde für Genotyp 4 mit 665 l_N kg^{-1} oTM festgestellt, bedingt durch den niedrigsten XL-Gehalt sowie die höchsten Gehalte an HCEL, XZ und ADL.

Abb. 2: Multiple lineare Regressionsgleichung zur Schätzung der spezifischen Biogasausbeute (BGA), nach Rath et al. (2014)

$$BGA\ (l_N/kg\ oTM) = 106{,}41 - 64{,}24\ ADL + 33{,}89\ HCEL + 97{,}15\ XL - 28{,}45\ XZ$$

ADL: Lignin, HCEL: Hemicellulose, XL: Rohfett, XZ: reduzierende Zucker; alle Inhaltsstoffe in % der TM

Die Genotypen 6 und 3 liegen im Mittel aller geprüften Genotypen bei rund 704 l_N kg^{-1} oTM. Genotyp 6 erzielt dies über einen hohen XL-Gehalt (höher als Genotyp 13), niedrigen ADL-Gehalt und geringeren HCEL-Gehalt. Bei Genotyp 3 liegen XL und ADL im mittleren Bereich und HCEL und XZ geringfügig über dem Mittel. Festzuhalten bleibt, dass die Interaktion, also das Wechselspiel der identifizierten Inhaltsstoffe, für die Erzielung einer hohen BGA verantwortlich ist und die pflanzenphysiologischen Zusammenhänge in der Maispflanze – Änderungen von Gehalten einer Fraktion führen zwangsläufig zur Anpassung anderer – zur Bewertung zu berücksichtigen sind.

Fermenter und Wiederkäuer haben unterschiedliche Ansprüche

Aus den Ergebnissen kann in Übereinstimmung zu Grieder et al. (2012) geschlussfolgert werden, dass unterschiedliche Maisidiotypen für die Nutzung zur Biogaserzeugung bzw. in der Wiederkäuerernährung erforderlich sind. Wiederkäuer benötigen einen Mais mit einem hohen Kolbenanteil von circa 55 bis 65 Prozent an der Gesamttrockenmasse, einer schnellen Kolbenfüllung mit hohem Stärkegehalt und einem gut ausgereiften Korn (Beständigkeit der Stärke). Dies ermöglicht eine hohe Passagerate im Wiederkäuer, da die TM-Aufnahme begrenzt ist. Die Biogasanlage benötigt einen Maisgenotyp mit einem hohen Kornansatzvermögen (Anzahl Körner je Kolben) zur Realisation eines hohen Rohfettgehaltes und einem hohen Anteil fermentierbarer Zellwand. Die Nutzung von späterem genetischem Material in der Züchtung zur Steigerung der Trockenmasseertragsbildung ist möglich und sinnvoll. Die Steigerung der BGA kann somit über differente Züchtungsstrategien vorgenommen werden. Nach Anpassung der Züchtungsstrategien für Biogasidiotypen ist eine Steigerung des Biogasertrages ha^{-1} (BGA × Gesamttrockenmasseertrag) auf bis zu 20.000 m^3 unter den klimatischen Bedingungen in Deutschland denkbar.

Praxistaugliches Modell vorhanden

Das entwickelte MLR-Modell wurde an einem unabhängigen Datensatz validiert, d. h. an Proben, welche in einem anderen Jahr und z. T. auf anderen Standorten genommen wurden. Insgesamt standen im Jahr 2009 66 Proben von 27 Maisgenotypen zur Verfügung. Das Jahr

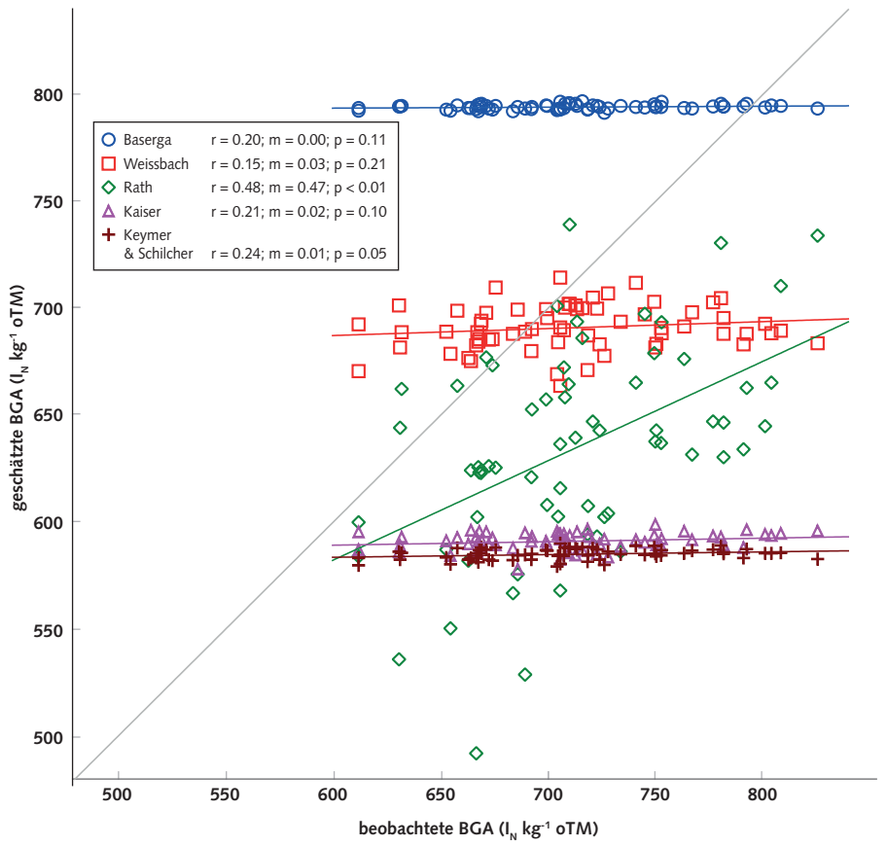
Tab. 2: Spezifische Biogasausbeute im Batchtest (BGA in l_N kg^{-1} oTM) sowie Gehalte an Rohfett (XL), Säure-Detergenzien Lignin (ADL), Hemicellulose (HCEL) und reduzierenden Zuckern (XZ) von fünf ausgewählten Maisgenotypen.

Die Pfeile symbolisieren die Relation der Gehalte der betrachteten Inhaltsstoffe im Vergleich zum jeweiligen Mittelwert des Gesamtdatensatzes (16 Genotypen, 6 Standorte; n = 96)

Genotyp	BGA	XL	ADL	HCEL	XZ
13	747	↑	↓	↑	↓
15	746	↑↑↑	↓↓	↓	→
6	705	↑↑	↓↓	↓	↑
3	703	→	→	↑	↑
4	665	↓↓↓	↑↑↑	↑↑↑	↑↑↑

03.11.16 12:39

Abb. 3: Validation der entwickelten multiplen linearen Regressionsfunktion sowie verschiedener anderer Schätzmodelle und deren Vorhersagegüte
(2009: 27 Genotypen, 1–5 Standorte, n = 66). r = Korrelationskoeffizient, m = Steigung der Regressionsfunktionen, p = Signifikanzniveau, grau = Winkelhalbierende



Schätzmodell	BIAS	RMSEP	RMSEP(c)	Spannweite
Baserga	82	96	49	6
Weißbach	-21	53	49	51
Rath	-78	92	50	247
Kaiser	-121	130	49	21
Keymer & Schilcher	-127	136	49	11

BIAS: Systematische Abweichung, RMSEP: Mittlerer Vorhersagefehler, RMSEP(c): Mittlerer Vorhersagefehler korrigiert um die systematische Abweichung

2009 war gekennzeichnet durch hohe Trockensubstanzgehalte in der Gesamtpflanze als Folge geringer Niederschläge kombiniert mit hoher Globalstrahlung in der Einlagerungs- und Abreifephase. Bedingt hierdurch war der Datensatz zur Validierung nicht orthogonal über Standorte, Sorten und Erntetermine strukturiert. Die Bewertung der Modellgüte erfolgte aus diesem Grund auf Basis einer Einzelwertbetrachtung (Genotyp × Standort = EW) und demzufolge konträr zum Vorgehen bei der Erstellung der MLR, welche auf Genotyp-Mittelwerte über Standorte (MW) beruht. In die Validierung wurden zudem vier schon publizierte Modelle zur Abschätzung der Biogasbildung herangezogen. Als zentrales Ergebnis kann festgehalten werden, dass alle fünf geprüften Modelle eine positive Korrelation (r = 0,15 bis r = 0,48) zwischen gemessener und geschätzter BGA aufweisen, dass jedoch kein Modell vollständig überzeugte (Abb. 3). Der Batchtest ergab eine mittlere BGA von 712 l_N kg^{-1} oTM mit einer Standardabweichung (SD) von 50 l_N kg^{-1} oTM. Die vorhandene Spannweite der Maisproben im Batchtest von 214 l_N kg^{-1} oTM wurde durch das eigene Modell leicht vergrößert (+ 15 Prozent), während diese von den anderen Modellen auf 51 bis 6 l_N kg^{-1} oTM, mit einer Steigung (m) nahe null, reduziert wurde. Neben der Korrelation, der Steigung und der Abbildung der Spannweite ist die Frage der systematischen Verzerrung (Über- bzw. Unterschätzung; BIAS) und der Präzision (zufälliger Fehler; RMSEP) zu beachten. So zeigt das Modell nach Baserga eine mittlere systematische Überschätzung von 82 l_N kg^{-1} oTM mit einem zufälligen Fehler von 96 l_N kg^{-1} oTM und einer massiven Einengung der Spannweite auf 6 l_N kg^{-1} oTM. Dagegen weist das Modell nach Weißbach eine leicht verbesserte Widergabe der Spannweite auf. Die Ansätze von Keymer & Schilcher sowie Kaiser zeigen hingegen einen hohen BIAS und einen hohen Fehler in der Präzision bei gleichzeitig deutlich eingeschränkter Wiedergabe der genetischen Spannweite. Eine Abbildung der sortenspezifischen Unterschiede in der BGA ist mit den bisherigen Schätzmodellen aus der Literatur folglich nicht möglich. Diese Aussage konnte durch weitere Validierungen am Kalibrationsdatensatz 2008 und einer Versuchsserie im Jahr 2013 (15 Maissorten, 10 Standorte, 1 ET) bestätigt werden. Nur das MLR-Modell war in der Lage, Unterschiede in der Qualität quantitativ weitgehend korrekt einzuordnen.

Fehlereinschätzung Robustheit

Das MLR-Modell zur Schätzung der BGA zeigte in der Validation am Datensatz 2009 eine mittlere Korrelation (r = 0,48) zum Batchtest mit einer mittleren Steigung (m = 0,47) und einem Signifikanzniveau von p < 0,01. Der mittlere Vorhersagefehler, korrigiert um die systematische Abweichung (RMSEP(c)), lag mit 50 l_N kg^{-1} oTM auf dem Niveau der Standardabweichung im Batchtest. Die Validierung im Jahr 2009 zeigte ebenso wie in den Jahren 2013 und 2014 eine geringe systematische Abweichung (BIAS: 2009 (EW) = 10,8 Prozent; 2013 (MW) = 0,4 Prozent; 2014 (MW) = 2,0 Prozent) und niedrigen zufälligen Fehler (RMSEP(c): 2009 (EW) = 7,0 Prozent; 2013 (MW) = 4,4 Prozent, 2014 (MW) = 4,3 Prozent). Die Höhe des Schätzfehlers ist mit den Fehlern in Verfahren der Futterqualitätsanalytik vergleichbar. Dieses ist besonders hervorzuheben, da das MLR-Modell die Ausbeute an Biogas für das Maissubstrat schätzt, ohne dass sich die Aktivität der Bakterien im Labor weitestgehend standardisieren lässt. Im Gegensatz dazu erfolgt die gegenwärtige Bewertung der Futterqualität von Silomais u. a. anhand einer geschätzten Verdaulichkeit basierend auf einer enzymatischen In-vitro-Methode, die im Labor wesentlich einfacher zu standardisieren ist.

SD_M4_Rath_v2.indd 1

Tab. 3: Standardfehler des Mittelwertes (S.E) in Prozent (%) und absolut (abs) für ausgewählte Abreife-, Ertrags-, Inhaltsstoffe- und Bewertungsparameter für den Wiederkäuer bzw. Biogasanlage 2007, 2008 und 2013 der geprüften Maisgenotypen (Basis Genotyp × Standort; n = 407). (Rath, 2015)

Parameter	S.E %	S.E abs
Trockenmasseertrag dt ha^{-1} (GTM)	2.01	4.31
Trockensubstanzgehalt % (TS)	1.49	0.52
Stärkegehalt % der TM (XS)	2.49	0.86
Stärkeertrag dt ha^{-1} (XSHA)	3.25	2.41
Umsetzbare Energie MJ kg^{-1} TM (ME)	0.62	0.07
Energieertrag GJ ha^{-1} (NELGJ)	2.22	3.02
Biogasausbeute l_N kg^{-1} oTM (BGA; Batchtest)	3.14	22.1
Biogasausbeute l_N kg^{-1} oTM (pBGA; MLR-Modell)	2.02	12.1

Der Standardfehler des Mittelwertes (S.E) für die vorhergesagte BGA (pBGA) beträgt 2 Prozent und liegt erwartungsgemäß über dem Niveau des S.E der Umsetzbaren Energie (ME), aber unter dem des Stärkegehaltes (XS) (Tab. 3). Für die Schätzung der ME für Silomais kann eine geringere Differenzierung der Genotypen und damit geringerer S.E unterstellt werden, da in der Entwicklung des Modells – im Gegensatz zur Biogasformel – reine Restpflanzen, Ganzpflanzen und reine Körner eingeflossen sind. Die ME-Formel ist zur „Schätzung des Energiegehaltes von Maisernteprodukten in der Rinder- und Schweinefütterung" entwickelt worden und nicht spezifiziert für den „engeren" Bereich der gehäckselten Ganzpflanze. Es liegt also beim Anwender, wie er diese Schätzformel einsetzt und die Ergebnisse interpretiert. Grundsätzlich gilt, dass die Anwendung von Formeln, die auf Basis empirischer Daten entwickelt wurden, naturgemäß auf den Wertebereich des Ursprungsdatensatzes eingeschränkt sind. Eine Extrapolation kann zu einem deutlich höheren Schätzfehler führen.

Es konnte aus dem Gesamtdatensatz ergänzend abgeleitet werden, dass es einen hohen Beitrag der Umwelt (Standort, Witterung etc.) auf die Inhaltstoffmatrix von Mais gibt. Dies gilt jedoch unabhängig von der Biogasbewertung auch für die anderen bereits genutzten Parameter z. B. der geschätzten Verdaulichkeit (ELOS) in der Beratung für den Wiederkäuer. Eine Steigerung der Präzision und Minimierung der systematischen Unter- bzw. Überschätzung von allen Inhaltsstoffparametern und abgeleiteten Zielgrößen wie der ME bzw. BGA lässt sich nur durch eine möglichst hohe Anzahl von Standorten (Umwelten) in der Mittelwertbildung erreichen.

Die Ergebnisse wurden im Detail in wissenschaftlichen Zeitschriften publiziert und können bei den Autoren angefordert werden. <<

Fazit

Die Einführung eines getrennten nationalen Zulassungs- und Prüfsystems für Biogasmais gegenüber Futtermais wäre sowohl aus Sicht der Züchtung als auch aus der des Landwirtes und des Betreibers von Biogasanlagen folgerichtig. Nur durch die Berücksichtigung der spezifischen pflanzenphysiologischen Wirkung auf Ertragsbildung und Qualität kann zukünftig eine breitere genetische Sortenvielfalt mit höherem nutzungsspezifischem Leistungspotenzial, verbunden mit positiven Effekten auf die Nachhaltigkeit bzw. Ökoeffizienz, zur Verfügung stehen. Der Landwirt könnte je nach Betriebstyp (Biogas, Milchvieh, Mast, Kombination) und Leistungsfähigkeit seines Standortes die entsprechende Sortenwahl vornehmen. Ungeachtet hiervon ist in weiteren Validationsexperimenten und zur Weiterentwicklung der MLR das entstehende neue genetische Material für die Nutzungsrichtung Biogas zu integrieren, um stetig bei Anwendung innerhalb der Grenzen des Modells zu bleiben.

KONTAKT

Dr. Jürgen Rath
Deutsches Maiskomitee e. V. (DMK),
53119 Bonn
Telefon: 0228 9265811
j.rath@maiskomitee.de

Prof. Dr. Antje Herrmann
Institut für Pflanzenbau und Pflanzenzüchtung – Grünland und Futterbau/Ökologischer Landbau, CAU Kiel

Prof. Dr. Hauke Heuwinkel
Fakultät für Land- und Ernährungswirtschaft
Hochschule Weihenstephan-Triesdorf

Vasilis Dandikas und Dr. Fabian Lichti
Institut für Landtechnik und Tierhaltung
AG Wirtschaftsdüngermanagement und Biogastechnologie
Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, Freising

IMPRESSUM

Herausgeber:
Deutsches Maiskomitee e.V. (DMK),
Brühler Str. 9, 53119 Bonn,
Telefon 0228 92 65 80, Telefax 0228 92 658 20

Schriftleitung:
Dr. Helmut Meßner (Chefredakteur),
Dr. Susanne Kraume (stellv. Chefredakteurin),
Dr. Jürgen Rath,
Brühler Str. 9, 53119 Bonn,
Telefon 0228 92 65 80, Telefax 0228 92 658 20
E-Mail: dmk@maiskomitee.de

Verlag:
DLG AgroFood medien gmbh

Max-Eyth-Weg 1, 64823 Groß-Umstadt
Telefon: 069 247 88 488
Telefax: 069 247 88 8488
E-Mail: info@dlg-agrofoodmedien.de