



# Methan-Minderungspotenziale bei Wiederkäuern

PROF. DR. WILFRIED BRADE (Hannover/Dummerstorf), PROF. DR. K. WIMMERS (Dummerstorf)

## 1 Einleitung

Die Landwirtschaft in Deutschland trägt maßgeblich zur Emission klimaschädlicher Gase bei. Dafür verantwortlich sind vor allem Methan-Emissionen aus der Tierhaltung sowie Lachgas-Emissionen aus landwirtschaftlich genutzten Böden als Folge beispielsweise der Stickstoffdüngung.

Das klimawirksame Spurengas Methan ( $\text{CH}_4$ ) entsteht vor allem während des Verdauungsprozesses (enterische Fermentation) von Wiederkäuern (aber auch Monogastriden) sowie bei der Lagerung von Wirtschaftsdüngern (Festmist, Gülle) und wird spätestens bei deren Ausbringung freigesetzt.

Die  $\text{CH}_4$ -Emissionen sind vor allem auf die Rinderhaltung – bedingt bereits durch deren quantitativen Umfang – zurückzuführen; darunter sind Milchkühe die bedeutendsten Emittenten (12).

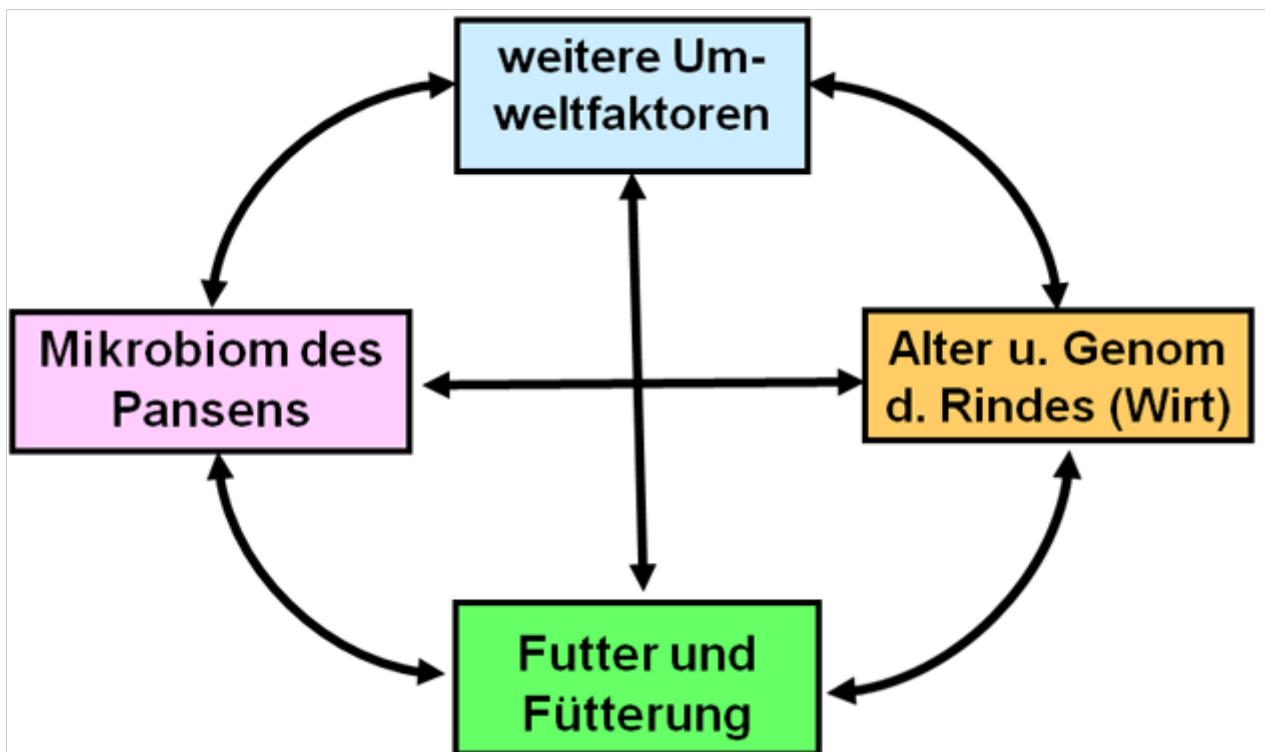
Darüber hinaus wird  $\text{CH}_4$  bei der Abwasser- und Klärschlammbehandlung sowie die Klärschlammverwertung in der Landwirtschaft gebildet und freigesetzt.

## 2 Das ruminale Ökosystem

### 2.1 Generelle Aspekte

Der Pansen ist eine prägastrische Fermentationskammer mit einem sehr komplexen mikrobiellen Ökosystem. Er entstand in einer bereits viele Millionen Jahre umfassenden Koevolution der Wiederkäuer mit zahlreichen Mikroorganismen (2).

Die hier vorhandene Symbiose zwischen dem Wiederkäuer (Wirt) und seinem Mikrobiom ist für beide Partner von Vorteil. So übernehmen die ruminalen Mikroorganismen Aufgaben, die im Genom eines Wiederkäuers nicht verankert sind (Abbildung 1). Dazu gehört unter anderem der Abbau von Nahrungsbestandteilen (zum Beispiel Cellulose), die sie allein nicht zu verdauen vermögen.



**Abbildung 1:** Wechselwirkungen zwischen verschiedenen Faktoren bei der Verdauung von Pflanzen oder Pflanzenteilen im Pansen eines Rindes.

Das im Pansen vorhandene ruminale Ökosystem besteht aus Mitgliedern aller drei Domänen des Lebens: Bacteria, Archaea und Eukarya.

Allerdings ist bisher erst ein Bruchteil aller Pansenmikroorganismen bekannt, da viele von ihnen durch herkömmliche Methoden, wie zum Beispiel der In-vitro-Kultivierung auf Nährmedien, nicht erfassbar sind (3). *Bakterien* sind die quantitativ bedeutendsten Mitglieder der ruminalen mikrobiellen Gemeinschaft (24, 26, 30, 34, 44, 50).

Im Laufe des Lebens oder bei veränderter Fütterung/Haltung des Wirtes kommt es zu strukturellen und funktionellen Veränderungen des ruminalen Mikrobioms.

Zu nennen sind hier deutliche Unterschiede im Mikrobiom eines juvenilen Rindes (präruminales Kalb), einer kraftfutterreich ernährten Milchkuh oder eines raufutterreich ernährten Mastrindes.

Die Zahl der Protozoen, hauptsächlich Ciliaten, beträgt rund 0,5 Millionen pro Milliliter Pansensaft. Sie leben von Bakterien, können aber auch Cellulose oder Stärke vergären (19, 21, 34).

Im Gegensatz zu den Bakterien sind sie für den Wirt nicht lebensnotwendig.

Gut bekannt ist, dass Protozoen "Räuber" von Bakterien und anderen Mikroorganismen sind. Sie greifen somit regulierend in die Bakterienpopulationen ein. Eine Veränderung in der Häufigkeit oder der Zusammensetzung der Protozoen wirkt sich folglich auf die gesamte ruminale Mikrobengemeinschaft aus.

Eine Reduktion der ruminalen Protozoen-Dichte (Defaunation) ist in der Regel mit einer Reduktion der  $\text{CH}_4$ -Emission je Kilogramm Futter-Trockenmasseaufnahme (TA) verbunden (19).

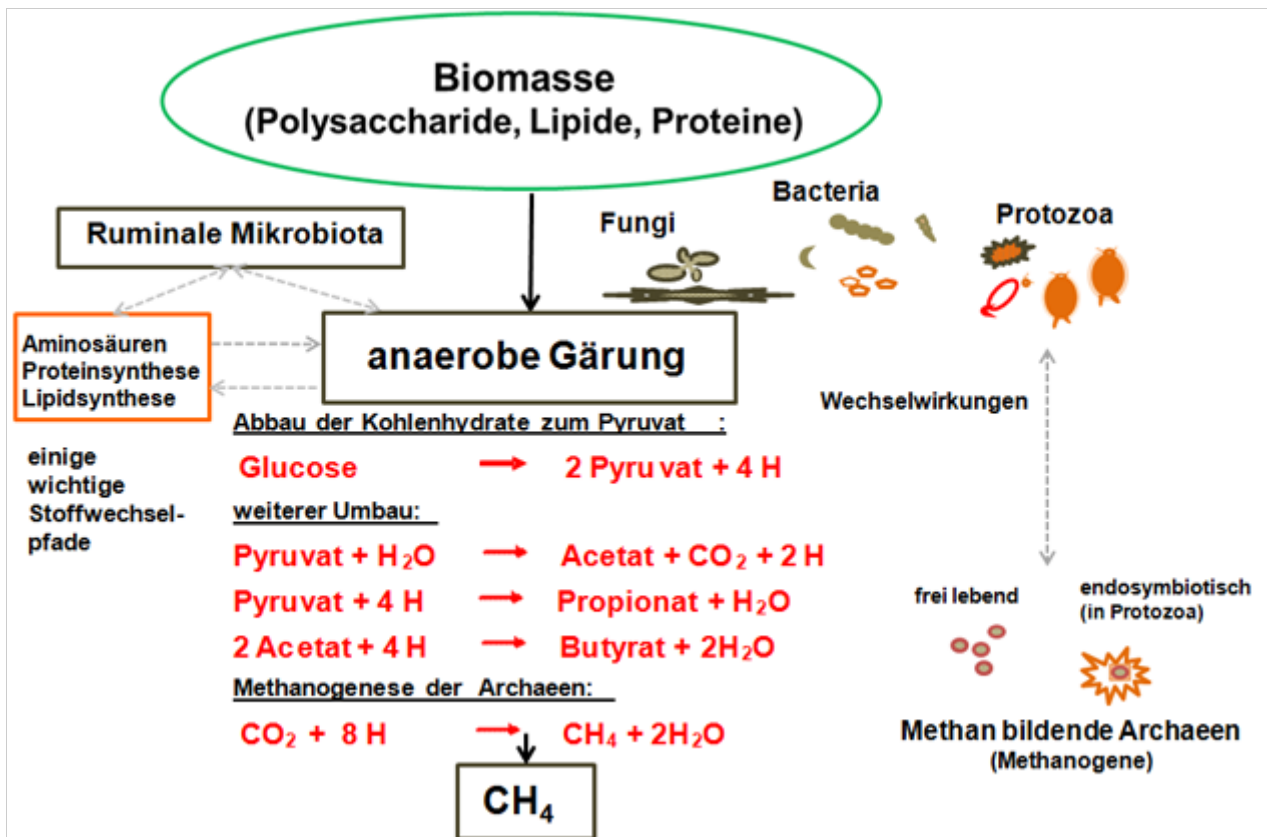
Zusätzlich sind Hefen und andere anaerobe Pilze in geringerer Dichte im Pansen vorhanden. Sie sind gleichfalls am Abbau von (Hemi-)Cellulosen oder weiterer Polymere beteiligt (3, 34).

Der Pansen beinhaltet darüber hinaus ein komplexes Virom, dessen Viren systematisch die Zellen von Eukaryoten oder Prokaryoten befallen. So wird der Pansen von einer großen Anzahl von Bakteriophagen bewohnt, die wahrscheinlich dazu beitragen, dass eine "Homöostase" der mikrobiellen Population erreicht wird. Schätzungen nennen hier bis zu  $10^{11}$  Phagenpartikel pro Gramm Panseninhalt (2).

Das ruminale Mikrobiom mit seiner Fähigkeit einerseits zur Kolonisation an pflanzlichen Partikeln und andererseits zur Enzyymbildung ermöglicht erst den Abbau der Zellwandbestandteile (Abbildung 2).

Die durch die Hydrolyse der Zellwandbestandteile oder der Stärke gebildeten Monomere werden in einer

anaeroben Glykolyse (einschließlich weiterer Stoffwechselzyklen [zum Beispile Pentose-Phosphat-Zyklus]) zu *Pyruvat* umgesetzt. *Pyruvat*, das zentrale Zwischenprodukt dieses mikrobiellen Kohlenhydratstoffwechsels, wird anschließend über verschiedene Stoffwechselwege zu *kurzkettigen Fettsäuren* (Acetat, Propionat, Butyrat) weiter umgebaut, bei der auch Pansengase ( $\text{CO}_2$ ,  $\text{CH}_4$ ) entstehen (Abbildung 2).



**Abbildung 2:** Schematische Darstellung der anaeroben Verdauung von Biomasse mit abschließender  $\text{CH}_4$ -Bildung durch methanbildende Archaeen (Methanogene).

**Quelle:** Eigene Darstellung.

$\text{CH}_4$  wird durch *methanogene Archaeen* produziert. Ihre  $\text{CH}_4$ -Synthese kann als Endprodukt ihrer speziellen Atmung angesehen werden (Abbildung 2).

Diese  $\text{CH}_4$ -Bildung ist aus zweierlei Hinsicht nachteilig:  $\text{CH}_4$  führt einerseits zu einem Energieverlust zwischen fünf bis zwölf Prozent der aufgenommenen Energie durch den Wirt. Zum anderen wird ein Treibhausgas erzeugt, das der Wirt wiederum in die Umwelt freisetzt (Ruktus).

## 2.2 Vorhandensein von Redundanz und Resilienz

Die ruminale mikrobielle Gemeinschaft ist bemerkenswert vielfältig.

Molekulare Studien haben einen "mikrobiellen Kern" sowohl bei den bakteriellen Stämmen *Firmicutes* (hier insbesondere die Gattungen *Ruminococcus* und *Butyrivibrio*) und *Bacteroidetes* (hier insbesondere die Gattung *Prevotella*) als auch bei vielen anderen Taxa identifiziert (24,25, 51,52).

Gleichzeitig demonstriert die ruminale mikrobielle Gemeinschaft eine bemerkenswerte Redundanz (überlappende Verteilung der physiologischen Funktionen über mehrere mikrobielle Taxa) sowie Resilienz (Fähigkeit zur Wiederherstellung der Struktur nach akuter oder chronischer Störung).



**Abbildung 3:** Komponenten der Resilienz in einem Ökosystem.

**Quelle:** Eigene Darstellung.

*Anmerkungen: Elastizität: Schnelligkeit der Wiederherstellung des Ausgangszustandes nach Störung; Amplitude: ein Maß dafür, wie weit sich ein Ökosystem vom Ausgangszustand entfernen kann und dennoch zurückzukehren vermag; Formbarkeit: Ausmaß der Unterscheidung nach Wiedererreichung eines stabilen Zustandes; Hysterese: Pfad der Wiederherstellung des Ausgangszustandes nach Störung.*

Diese beiden Eigenschaften gewährleisten eine hohe Stabilität vor allem der Verdauungsfunktion für den Wirt (zum Beispiel bei wechselnden Fütterungs- und Haltungsbedingungen).

Die Wirtsspezifität des Mikrobioms wurde durch wiederholte Versuche demonstriert, bei der – nach einem fast vollständigen, paarweisen Austausch von Panseninhalt – Milchkühe in der Lage waren, ihre differenzierte Artenzusammensetzung oder ihren unterschiedlichen Pansen-pH-Wert oder ihr variierendes ruminales VFA-Profil (VFA: Flüchtige Fettsäuren) selbst wieder herzustellen (51,52).

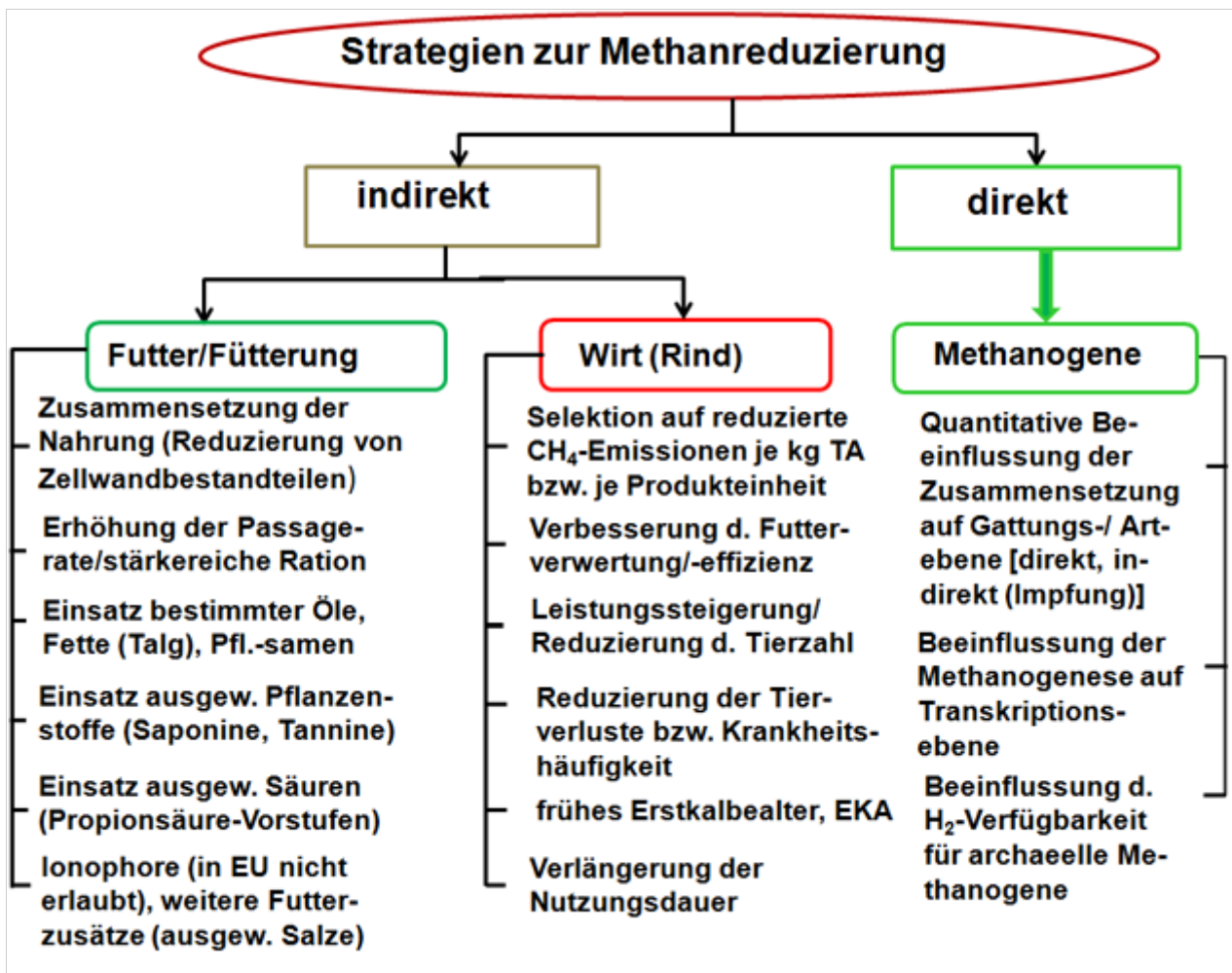
### 3 Mögliche CH<sub>4</sub>-Minderungsstrategien

Die Methanogenese wird – wie bereits dargestellt – von methanogenen Archaeen betrieben.

CH<sub>4</sub>-bildende Archaeen sind sowohl in der Pansenflüssigkeit, angeheftet an ruminales Partikelmaterial oder in Einheit mit Protozoen (Endosymbionten), zu finden als auch am Pansenepithel des Wirtes "angedockt" (26,43).

Die mikrobielle Artendichte variiert zusätzlich in Abhängigkeit von der Fütterung und damit mit dem H<sub>2</sub>-Angebot und/oder den untersuchten Wiederkäuer-Spezies (22, 42). Der Standort des Wirtes spielt für die mikrobielle Vielfalt gleichfalls eine Rolle (22, 23).

Es gibt viele Ansätze zur Reduzierung von enterischem CH<sub>4</sub> (Abbildung 4).



**Abbildung 4:** Verschiedene Strategien zur Methanreduzierung.

**Quelle:** Eigene Darstellung.

*Anmerkung:* TA: Trockenmasseaufnahme.

Mögliche Methan-Minderungsstrategien können in direkt oder indirekt wirkende gegliedert werden. Beim aktuellen Kenntnisstand der Methanogenese sind vor allem indirekte Methan-Minderungsstrategien – wie die Reduzierung der Tierverluste und Verlängerung der Nutzungsdauer oder die Rationsgestaltung – für die Praxis empfehlenswert (Abbildung 4).

### 3.1 Effekte des Wirtes (tierseitige Einflüsse)

Eine genetisch-züchterische Einflussnahme auf den tierindividuellen  $\text{CH}_4$ -Ausstoß setzt voraus, dass Informationen zum Einzeltier in praxi vorliegen. Von aktuellem Interesse sind In-vivo-Verfahren zur tierindividuellen Messung der  $\text{CH}_4$ -Emissionen von Wiederkäuern.

In jüngster Zeit sind hier einige neuere Entwicklungen im Praxistest, die den bisherigen "Gold-Standard", die Respirationenkammer unter Versuchsbedingungen, zunehmend abzulösen versuchen.

Eine Alternative scheint – vor allem für Weidetiere – die Schwefelhexafluorid-Tracer-Technik ( $\text{SF}_6$ -Tracer-Technik) zu sein (1).

Die technischen Fähigkeiten und logistischen Anforderungen der Umsetzung der  $\text{SF}_6$ -Tracer-Technik einschließlich patentrechtlicher Probleme (US-Patent: 5405247 A) begrenzen deren umfassende Nutzung in praxi. Die Methode führte jedoch bereits – trotz ihrer im Vergleich zur Respirationenkammerergebnissen geringeren Genauigkeit – zu interessanten Resultaten; speziell unter Weidebedingungen (17, 36).

Neuere Messverfahren, die derzeit als Alternative zur teuren und aufwendigen "Respirationenkammer" und zur  $\text{SF}_6$ -Tracer-Technik getestet werden, sind der Methan-Laserdetektor und neuerdings auch die Analyse des

(mittleren) Infrarot-Spektrums (IR-Spektrums) von tierindividuellen Milchproben. Sie erlauben zwar nicht die Bestimmung der emittierten Methanmenge, liefern aber die zugehörige Konzentration oder einen Schätzwert für den Methan-Output pro Kilogramm Milch.

Als Referenzmethode dient nach wie vor vorzugsweise die Respirationkammer, in der ausgewählte Einzeltiere hinsichtlich ihrer verschiedenen Gasemissionen parallel bewertet werden.

Der Methandetektor (kurz: LMD) ist ein handliches Lasergerät, dessen Laserstrahl auf die Nasenlöcher des Tieres gerichtet wird, um das über den Ruktus abgegebene Gas zu analysieren (6,7). Erste Ergebnisse an einem begrenzten Datenmaterial mit Milchkühen bestätigen eine tierindividuelle Wiederholbarkeit der LMD-Messergebnisse (40).

Weitere aktuelle Entwicklungen sind spezielle "Futterstationshauben" oder auch sogenannte "Sniffer". Eine "Futterstationshaube" ist fest über einem Futterstationstrog installiert und somit stationär. Diese Hauben sind ventiliert, sodass die vom Tier während der Fütterung abgegebenen Gase abgesaugt und quantitativ bewertet werden können. Demgegenüber arbeiten die "Sniffer" ohne Luftstrommessung.

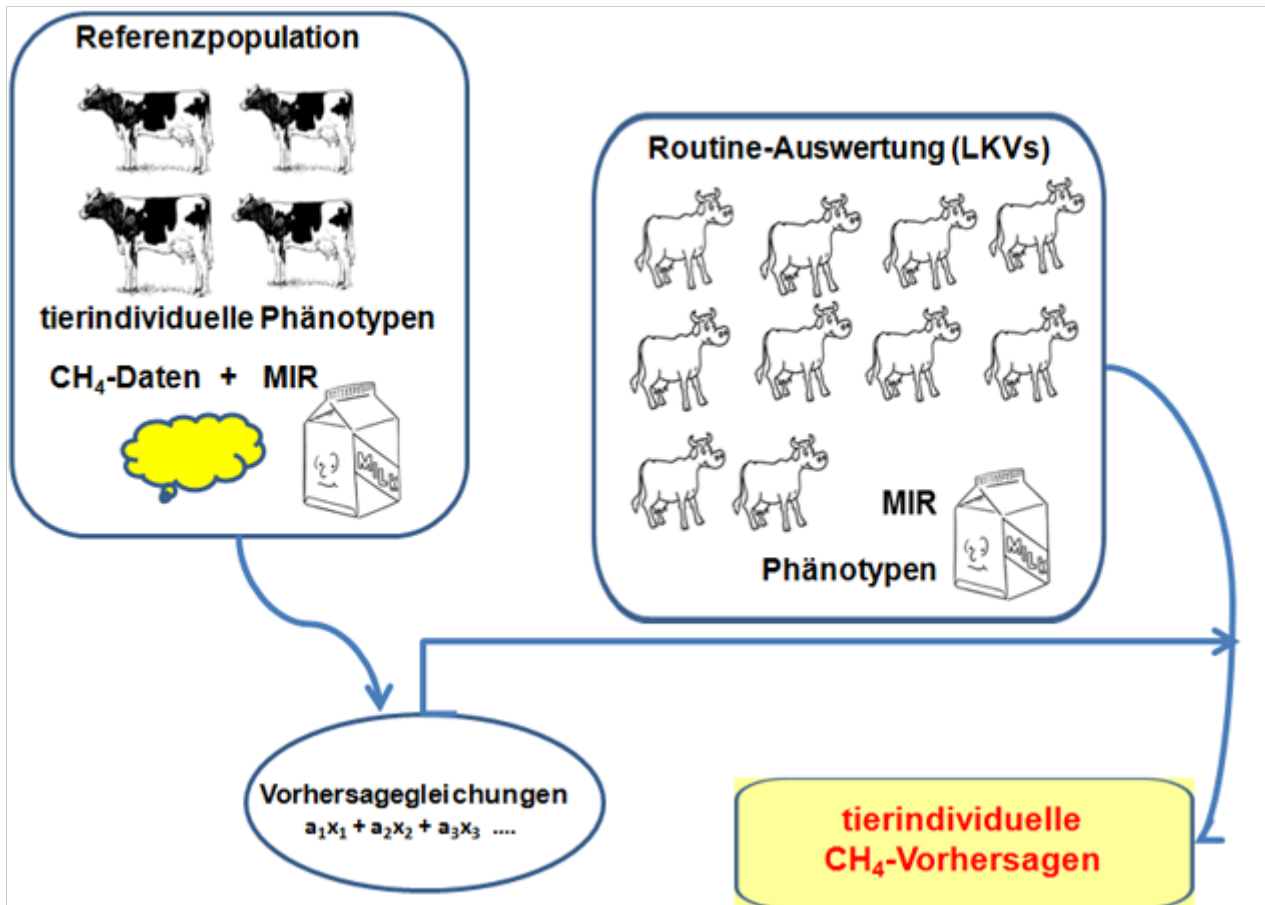
Ergänzt werden die Messungen der Gasemissionen in Versuchseinrichtungen häufig durch die Analyse von Pansensaftproben, um auf der Basis des relativen Anteils der methanbildenden Archaeen eine zusätzliche Bewertung des ruminalen Mikrobioms zu erhalten.

### ***Nutzung der mittleren Infrarot-Spektren in der Milch***

Für einen selektiven und sensitiven Nachweis von Milchhaltsstoffen (exakter: Molekülgruppen) kommt dem mittleren Infrarotlichtbereich besondere Bedeutung zu, da die meisten Moleküle charakteristische Absorptionsbanden in dieser Wellenlängenregion aufweisen (46).

Alle Landeskontrollverbände (LKV) setzen bei der Analyse von Milchproben (zum Beispiel Milchfettgehalt) bereits aktuell Geräte ein, deren Messtechnik mit Licht des mittleren Infrarotbereiches arbeitet.

Erste zugehörige Studien von (9) und (47) belegen auch die Möglichkeit, individuelle CH<sub>4</sub>-Emissionen von Milchkühen auf Basis von mittleren Infrarot-Spektren (MIR-Spektren) in der Milch vorherzusagen (Abbildung 5).



**Abbildung 5:** Nutzung von MIR-Daten aus der Milchleistungsprüfung (MLP) zur tierindividuellen CH<sub>4</sub>-Vorhersage in praxi.

**Quelle:** Eigene Darstellung.

Tierindividuelle CH<sub>4</sub>-Vorhersagen je Tag oder je Kilogramm Milch auf der Basis von MIR-Spektren in der Milch sind wiederholbar. Zugehörige Heritabilitäten (Erblichkeiten,  $h^2$ ) sind jedoch deutlich geringer als für Produktionsmerkmale (Tabelle 1).

**Tabelle 1: Ergebnisse aus MIR-Analysen von Milchproben**

Kenngröße/Merkmal	Laktations-Nummer der bewerteten Kühe		
	1. Laktation	2. Laktation	3. Laktation
MIR-CH <sub>4</sub> (g/kg FPCM)	23,66 ± 8,21	21,51 ± 8,53	20,37 ± 8,56
FPCM (kg/Tag)	23,98 ± 5,64	27,58 ± 7,50	29,32 ± 8,27
$h^2$ (MIR-CH <sub>4</sub> g/Tag)	0,12 ± 0,005	0,10 ± 0,005	0,09 ± 0,007

**Quelle:** (27, gekürzt).

**Anmerkung:** FPCM: auf Fett- und Eiweißgehalt korrigierte Milchmenge.



Gleichzeitig werden negative Beziehungen dieser CH<sub>4</sub>-Vorhersagen je Kilogramm Milch und tierindividuellen Mengenmerkmalen beschrieben (Tabelle 2).

**Tabelle 2: Phänotypische ( $r_p$ ) und genetische ( $r_g$ ) Korrelationen zwischen den Merkmalen**

Merkmalsbeziehung MIR-CH <sub>4</sub> (g/kg FPCM) :	Korrelationen	
	$r_p$	$r_g$
FPCM (kg/T)	- 0,74	- 0,83
Fett-kg (kg/T)	- 0,68	- 0,63
Eiweiß-kg (kg/T)	- 0,70	- 0,78

**Quelle:** (27, gekürzt).

*Anmerkungen:* T: Trockenmasse; FPCM: auf Fett- und Eiweißgehalt korrigierte Milchmenge.

Dies entspricht wiederum der Erwartung (9, 27, 47).

Zweifellos lassen sich aktuell – über die Höhe der Futtermittelaufnahme und die Rationszusammensetzung – die zu erwartenden CH<sub>4</sub>-Emissionen (noch) viel genauer vorhersagen als mittels MIR-Daten aus der Milchleistungsprüfung (MLP). Auch bleiben die nicht-laktierenden Tiere bei letzterer außen vor. Doch genau diese Eingangsdaten fehlen routinemäßig in praxi, sodass die vielen, interessanten Vorhersagegleichungen, die in der Literatur zu finden sind (13, 14), nicht angewendet werden können. MIR-Spektren der Milch könnten somit (zukünftig) die Etablierung eines kostengünstigen Routineverfahrens zur Bewertung des CH<sub>4</sub>-Anfalls pro Kilogramm Milch ermöglichen und damit ein *Benchmark* zur Bewertung von Herden/Betrieben zwecks Betriebsberatung (-kontrolle) – bei fehlenden Details zu Fütterung/Management – werden.

### **Variabilität zwischen den Tieren (Wirten)**

CH<sub>4</sub> entsteht als unvermeidliches Nebenprodukt des mikrobiellen Kohlenhydrat-Abbaus unter anaeroben Bedingungen (Abbildung 2).

Von den verschiedenen relevanten Faktoren hat bereits die Höhe der Futtermittelaufnahme einen deutlichen Einfluss auf die tägliche CH<sub>4</sub>-Emission bei Wiederkäuern (38). Bezogen auf ein Kilogramm Trockenmasseaufnahme (TA) schwanken die Angaben über die Höhe der CH<sub>4</sub>-Bildung zwischen etwa 18 und 25 Gramm bei laktierenden Milchkühen (13). Extreme Werte werden häufig durch hohe Anteile spezifischer Futtermittel (Nährstoffe) verursacht, wobei niedrige CH<sub>4</sub>-Werte vor allem bei stärke- und fettreichen Rationen und hohe CH<sub>4</sub>-Werte vor allem bei faserreichen Rationen gemessen werden.

(48) berichteten kürzlich von einer mittleren CH<sub>4</sub>-Emission von  $21,5 \pm 2,46$  g/kg TA und  $13,9 \pm 2,30$  g/kg Milch (FCM) bei hochleistenden Milchkühen.

Nicht zu bezweifeln ist, dass bereits die verabreichte Diät einen bedeutenden Einfluss auf die zu beobachtenden CH<sub>4</sub>-Emissionen besitzt (11, 31, 35).

Es gibt zwischenzeitlich aber auch Belege dafür, dass zwischen den Tieren (Wirten) tierindividuelle Unterschiede – bei Verabreichung einer gleichen Diät – existieren, die wiederholbar und damit züchterisch nutzbar sind. Hier liegen gesicherte (und damit auch quantitativ ausreichende) Ergebnisse vor allem bei Schafen vor, da ihre Prüfung vergleichsweise weniger aufwendig und kostenintensiv als eine Bewertung von hochleistenden Milchkühen ist.

(41) berichten über eine "indirekte" Heritabilität von etwas über zehn Prozent für die Methanemission je Kilogramm Trockenmasseaufnahme bei Schafen (Tabelle 3).



**Tabelle 3: Berechnete Heritabilitäten ( $h^2$ ) und Wiederholbarkeiten ( $r^2$ ) für die Methanemission von Schafen**

Merkmal/Kenngröße	Mittelwerte ( $\bar{x}$ )	phänotypische Standardabweichung ( $s_p$ )	$h^2$	$r^2$
g CH <sub>4</sub> /kg T	15,7	1,62	0,13 ± 0,03	0,24 ± 0,02
Lebensmasse (kg)	48,5	5,12	0,46 ± 0,07	0,80 ± 0,01

**Quelle:** (41, gekürzt).

*Anmerkungen:* T: Trockenmasse; Tiermaterial 1225 getestete Schafe.

Noch geringer sind die  $h^2$ -Werte ( $h^2 < 0,07$ ) in ersten Studien bei Milchkühen; allerdings stand hier nur ein sehr begrenztes Datenmaterial zur Verfügung (40).

Interessant sind in diesem Zusammenhang die Arbeiten von (16) bezüglich pansenmorphologischer Unterschiede zwischen Schafen mit differenzierten CH<sub>4</sub>-Emissionen. Sie wählten – aus einer genügend großen Kohorte (über 700 Schafe) – je zehn Tiere mit hoher oder niedriger CH<sub>4</sub>-Emission. Mittels Computertomografie (CT) wurde anschließend die zugehörige ruminale Größe und Morphologie bei den Mutterschafen bewertet.

Die niedrigen CH<sub>4</sub>-Emittenten hatten ein kleineres Pansenvolumen und eine kürzere Retentionszeit (Tabelle 4).

**Tabelle 4: Beobachtete Unterschiede zwischen zwei Mutterschafgruppen (je zehn hohe oder zehn niedrige Methanemittenten bewertet)**

Kenngröße	hohe Methanemittenten	niedrige Methanemittenten	Signifikanz (P-Werte)
T-Aufnahme je Tag	1026	988	n. s.
Methanerzeugung (g CH <sub>4</sub> /kg T-Aufnahme)	23,5	20,8	0,001
Verdaulichkeit der T (in Prozent)	66,4	64,8	n. s.
mittlere Retentionszeit in Tagen (d) – partikelbasierend	1,34	1,11	0,002
Pansenvolumen (Liter)	7,42	5,91	0,048

**Quelle:** (16, gekürzt).

*Anmerkungen:* T: Trockenmasse; n. s.: nicht signifikant.

Diese Ergebnisse sind insofern für die Zuchtpraxis wertvoll, da eine intensive und einseitige Selektion von Wiederkäuern auf reduzierte CH<sub>4</sub>-Emission unerwünschte anatomisch-physiologische Änderungen bei den Wirten zur Folge haben könnte.

(50) berichten über die CH<sub>4</sub>-Erzeugung von Mastbullen unterschiedlicher Rinderrassen. Die Mastrinder aus zwei verschiedenen Rassengruppen (35 Aberdeen Angus-Bullen sowie 33 Limousin-Kreuzungen) emittierten eine unterschiedliche CH<sub>4</sub>-Menge je Tag. Wurden jedoch die CH<sub>4</sub>-Emissionen bezüglich der Trockenmasseaufnahme korrigiert, waren die Unterschiede zwischen den Rassen nicht mehr gegeben; jedoch weiterhin für den gewählten Rationstyp (Tabelle 5).

**Tabelle 5: Methanerzeugung von Mastbullen in Abhängigkeit von der Rasse und der Futtration**

Rationstyp	Kraftfutterreiche Diät		Diät mit mittlerem Kraftfutteranteil		Signifikanzprüfung	
	AA*	Lim*	AA	Lim	Rasse	Futter
Gramm Methan pro Tag	152	135	216	194	*	***
Gramm Methan je Kilogramm T-Aufnahme	13,5	13,6	21,3	22,3	n. s.	***

**Quelle:** (50).

Anmerkungen: AA\*: Aberdeen Angus; Lim\*: Limousin-Kreuzungen; T: Trockenmasse; \*:  $P < 0,05$ ; \*\*\*:  $P < 0,001$ ; n. s.: nicht signifikant.

Die Restfutterraufnahme (RFA), definiert als Differenz zwischen beobachteter und erwarteter FA, ist ein (neuerer) Ansatz, um die Futtereffizienz – speziell bei wachsenden Tieren (Mastrindern) – zu bewerten (20, 28, 39, 50). Es scheint, dass effiziente Rinder (mit niedriger RFA) im Vergleich zu Rindern mit hoher RFA weniger Methan emittieren (Tabelle 6).

**Tabelle 6: Methanerzeugung von wachsenden Angus-Stieren mit geringer (L-RFA) und hoher Restfutterraufnahme (H-RFA)**

Kenngroße	L-RFA	H-RFA	Signifikanztest (P-Werte)
T-Aufnahme (kg/Tag)	8,38	14,13	< 0,001
tägliche Zunahme (g/Tag)	1126	1229	0,21
Methanemission (g/Tag)	142,3	190,2	0,01
Methanemission (g/kg Zunahme)	131,8	173,0	0,09
Methanemission (g/kg T-Aufnahme)	16,3	14,7	0,37

**Quelle:** (20, gekürzt).

Ähnliche Beobachtungen wurden auch bei Schafen gemacht. (55) konnten zusätzlich belegen, dass unterschiedliche RFA-Gruppen ähnliche Gesamthäufigkeiten an methanogenen Archaeen in ihren Pansen hatten, aber ineffizientere Mastriender eine vielfältigere methanogene Gemeinschaft; verglichen mit den effizienteren Tieren.

Auch (4) untersuchten die Struktur der ruminalen Methanogene bei wachsenden Rindern mit hoher versus niedriger RFA (je 14 weibliche Tiere aus beiden RFA-Gruppen). Sie belegen gleichfalls eine hohe strukturelle Ähnlichkeit der Methanbildner in beiden Tiergruppen. Jedoch wurden Häufigkeitsunterschiede bei einigen methanogenen Archaeen in Abhängigkeit von der verabreichten Diät (Raufutteranteil: hoch versus gering) aufgezeigt.

**Zwischenfazit:** Die aktuell vorliegenden Ergebnisse zeigen, dass einerseits ein "ruminaler Kern" von Methanogenen im Pansen existiert und andererseits die Fütterung sowie zum Teil (noch unbekannt) Komponenten des Wirts signifikante Unterschiede in der Häufigkeitsverteilung vorhandener methanogener Genotypen bewirken können.

Wirtbezogene Faktoren, wie die Pansen-Morphologie, das Fressverhalten, die Speichelproduktion oder auch die Thermoregulation (Hitzestress), haben offensichtlich einen weiteren Einfluss auf die Futterverwertung und die Methanbildung.

### **Indirekte Selektionsmaßnahmen**

Eine der bedeutendsten Maßnahmen zur Verminderung von Treibhausgasen war in jüngster Zeit die züchterische Erhöhung von Leistungsmerkmalen (zum Beispiel Milchleistung bei Milchkühen – Abbildung 4). Höhere Milchleistungen (oder tägliche Zunahmen bei Masttieren) führen zu einer effektiveren Umwandlung der Futternährstoffe in nutzbare Tierprodukte und damit zu einer verminderten Ausscheidung an CH<sub>4</sub> je Produktmenge (8, 13, 24). Diese Effekte sind nachvollziehbar, da sich die für den Erhaltungsbedarf notwendigen Nährstoffmengen auf eine größere Produktmenge verteilen. (5) berichten, dass sich die CO<sub>2</sub>-Bilanz (CO<sub>2</sub>-Footprint) pro Kilogramm Milch in der Zeit von 1944 bis 2007 in den USA – infolge der enormen Leistungssteigerung bei gleichzeitiger Verdrängung unproduktiver Rassen durch Holstein-Rinder und generell besserem Management/Fütterung und Krankheitsprophylaxe – mehr als halbierte.

Aus globaler Sicht ist aktuell die weitere Leistungserhöhung bei Wiederkäuern eine sehr effektive CH<sub>4</sub>-Minderungsstrategie (15). Demgegenüber dürfte die indirekte Maßnahme "Leistungssteigerung" in Nordwesteuropa oder in Nordamerika bereits weitestgehend ausgeschöpft sein.

Neben der Leistungshöhe und einer damit möglichen Reduzierung der Anzahl benötigter Milchkühe (Ziegen, Schafe), speziell unter den Bedingungen gesättigter Märkte, gibt es jedoch weitere Möglichkeiten, wie beispielsweise eine kurze Aufzuchtperiode, gesunde und leistungsstarke Tiere oder die Verlängerung der Nutzungsdauer der Milchkühe und Mutterschafe (Abbildung 4).

Da die Minderungspotenziale durch Leistungssteigerung bereits an anderer Stelle intensiv besprochen wurden, sollen sie an dieser Stelle nicht weiter diskutiert werden (14).

**Zwischenfazit:** In jüngster Vergangenheit konnte durch eine enorme Leistungssteigerung, vor allem der Milchleistung, in Deutschland und anderen Ländern, bereits ein Beitrag zum Klimaschutz seitens der Tierzucht und -haltung geleistet werden. Vor dem Hintergrund des bereits sehr hohen Leistungsniveaus der gehaltenen Milchkühe in Deutschland und in benachbarten Staaten gewinnen nun weitere Managementmaßnahmen, wie die weitere Verbesserung der Nutzungsdauer und Tiergesundheit – auch im Hinblick auf den Ressourcen- und Umweltschutz – an zusätzlicher Bedeutung.

## **3.2 Weitere CH<sub>4</sub>-Minderungspotenziale**

### **3.2.1 Minderungspotentiale aus der Sicht der Tierernährung**

Die Tierernährung verfügt aktuell über verschiedene (begrenzte) Möglichkeiten zur indirekten Verminderung der CH<sub>4</sub>-Bildung.

Anzumerken ist, dass im Pansen der Wiederkäuer – als wichtigster mikrobieller Verdauungsraum – die größte CH<sub>4</sub>-Bildung erfolgt. Dagegen sind die im Dickdarm der Wiederkäuer anfallenden CH<sub>4</sub>-Mengen relativ gering und nahezu zu vernachlässigen.

Ein indirektes CH<sub>4</sub>-Reduzierungspotential stellt bereits die Menge und Zusammensetzung der verabreichten

Nahrung dar (Abnahme des Anteils schwer verdaulicher Zellwandbestandteile; Zunahme des Kraftfutteranteils in der Diät, Erhöhung der Passagegeschwindigkeit, Beeinflussung des pH-Wertes (methanbildende Archaeen werden bei einem Pansen-pH von < 5,8 gehemmt), Lipid-Ergänzung – Details: 11, 13, 18, 24, 31, 32, 33). Die sehr intensive Verabreichung zellwandarmer und stärkereicher Futtermittel, wie Getreide, widerspricht allerdings dem Grundprinzip einer wiederkäuergerechten Ernährung. Außerdem erfordern diese Futtermittel – im Gegensatz zur Weidehaltung – in der Regel einen höheren Einsatz fossiler Energie bereits bei ihrer Erzeugung und verursachen so einen stärkeren Kohlendioxidausstoß (14).

Eine weitere Möglichkeit sind verschiedene Fettquellen, die einen depressiven Einfluss auf methanogene Mikroorganismen haben. Aber auch hier existieren deutliche Einsatzgrenzen.

Der gezielte Einsatz von H<sub>2</sub>-Akzeptoren mit Energielieferungspotenzial für den Wiederkäuer (zum Beispiel Propionsäure-Vorstufen) bedarf noch weiterer wissenschaftlicher Studien (39).

All diese Möglichkeiten sind wissenschaftlich interessant, ihr methansenkendes Potenzial sollte jedoch nicht überbewertet werden, da das ruminale Mikrobiom sich auch selbst reguliert und gezielte Eingriffe oft nur temporär bleiben.

Neben den Bemühungen, die CH<sub>4</sub>-Bildung im Pansen durch Futterinhaltsstoffe oder die Rationsgestaltung zu reduzieren, wurde auch immer wieder versucht, sehr spezifische Futtermittelzusatzstoffe zu nutzen (Beispiele: Monensin oder auch Salze (49)).

Da seit Januar des Jahres 2006 EU-weit der Einsatz von Antibiotika als Futterzusatzstoffe nicht mehr gestattet ist und der langfristige intensive Einsatz von speziellen Salzen gesundheitsgefährdend ist, entfallen diese Möglichkeiten zur Reduzierung der CH<sub>4</sub>-Bildung aktuell im EU-Bereich.

### 3.2.2 Mögliche Impfstoffe gegen Methan-produzierende Archaeen?

Eine weitere Strategie, eine Reduktion der Methanbildung zu erreichen, wird in der Entwicklung von Impfstoffen für Wiederkäuer gesehen, um ihr Immunsystem zur Stimulierung von Antikörpern gegen Methan-produzierende Archaeen anzuregen (54).

Das Pansenepithel ist jedoch nicht sekretorisch. Daher verbleibt als möglicher Weg für die Antikörper die Speichelsekretion. Ein schwieriger Weg.

Ein weiterer Ansatz, um Antikörper in den Pansen zu verbringen, wäre eine "passive Immunisierung". So wurden Bakteriozine (proteinogene Toxine, die von Bakterienstämmen abgesondert werden) oder Bakteriozin-ähnliche Substanzen in bestimmten Stämmen von *Butyrivibrio*, *Ruminococcus*, *Streptococcus* oder *Lactobacillus* beobachtet. Einige der Bakteriozine scheinen hemmend auf Methanogene zu wirken. Offen bleiben auch hier die Fragen nach einer Adaptation der Pansenmikrobiota innerhalb kurzer Zeit einschließlich der Möglichkeit einer speziesspezifischen Resistenzbildung und mögliche weitere Auswirkungen auf den Wirt.

**Zwischenfazit:** Es ist bisher nicht gelungen, einen geeigneten Impfstoff gegen Methan-produzierende Archaeen in wiederkäuenden Wirten zu produzieren.

### 3.2.3 Spezifische Regulation der methanogenen Genaktivität auf Transkriptionsebene

Die Gesamtheit der Gene eines Organismus, egal ob Wirt oder Symbiont, stellt eine riesige Menge an Informationen dar.

Jedoch vergleichsweise nur wenige Gene werden ständig zur Aufrechterhaltung der Grundfunktionen einer lebenden Zelle benötigt. Ihre Aktivität wird reguliert, das heißt sie werden je nach Bedarf "an- oder abgeschaltet".

Als Transkriptom bezeichnet man die Gesamtheit der RNA-Moleküle einer Zelle (während eines bestimmten Entwicklungszustandes) als Produkte derjenigen Gensequenzen, die gerade "angeschaltet" sind ("RNA-Profil" – Details: (53)).

(44) haben erstmalig die methanogene Genaktivität auf Transkriptionsebene (bei Schafen) untersucht. Sie nutzten zwei Schafgruppen (mit hoher und niedriger CH<sub>4</sub>-Emission bei gleicher Diät (ad libitum)). Die Differenz zwischen den beiden Gruppen war mit 4,41 Gramm CH<sub>4</sub> pro Kilogramm TA signifikant verschieden. Die Struktur der ruminalen mikrobiellen Gemeinschaft zwischen den beiden Schafgruppen erklärte nur einen geringen Teil der Emissionsunterschiede. Demgegenüber war die Genexpression der Methanogene deutlich mit der CH<sub>4</sub>-Emission gekoppelt. Für sieben von zehn enzymgesteuerten Schritten in der Methanogenese beobachteten (44) signifikante Zunahmen bezüglich der Häufigkeit der Transkripte je enzymverschlüsselndes

Gen bei den hoch CH<sub>4</sub>-emittierenden Schafen.

**Zwischenfazit:** Es gibt erste Belege dafür, dass auch eine Genregulation der Methanogenese der Archaeen, möglicherweise durch das H<sub>2</sub>-Angebot im Pansen und/oder durch eine tierindividuelle Variation der Verweilzeit des Futters im Pansen gesteuert, von spezifischer Bedeutung ist.

### 3.2.4 Nutzung von Markern in Kotproben

In einer Studie von (37) wurde der Archaeol-Gehalt im Rinderkot von laktierenden Kühen analysiert. Archaeol (Di-O-phytanylglycerol) ist ein spezifisches Membranlipid von Archaeen, das auch im Rinderkot quantifiziert werden kann. Es stellt damit einen möglichen fäkalen Marker dar. Die Autoren (37) berichten überraschenderweise zusätzlich auch von positiven Beziehungen zwischen der Archaeol-Konzentration im Rinderkot und der individuellen CH<sub>4</sub>-Emission (g CH<sub>4</sub>/kg T-Aufnahme) bei Milchkühen. Diese Ergebnisse bleiben kritisch zu hinterfragen, da bisherige Studien über mögliche Zusammenhänge zwischen der Gesamthäufigkeit von Archaeen im Pansen und der Methanproduktion (noch) sehr widersprüchlich sind.

## Diskussion

In der Milchrinderzucht haben die in den vergangenen vier Jahrzehnten realisierten Leistungssteigerungen sowohl in Nordamerika als auch Westeuropa, in Verbindung mit einem immer intensiveren Einsatz von Kraftfutter und verbessertem Management, zu einer erheblichen Reduktion von Treibhausgasen je Kilogramm Milch geführt (5).

Aus globaler Sicht bietet die Leistungssteigerung noch genügend Reserven (15).

Beim gegenwärtigen Leistungsniveau in Deutschland bietet die weitere Leistungssteigerung genutzter Milchkühe jedoch nur noch begrenzte Möglichkeiten, indirekt den CH<sub>4</sub>-Anfall je Kilogramm Milch weiter zu reduzieren (Abbildung 4).

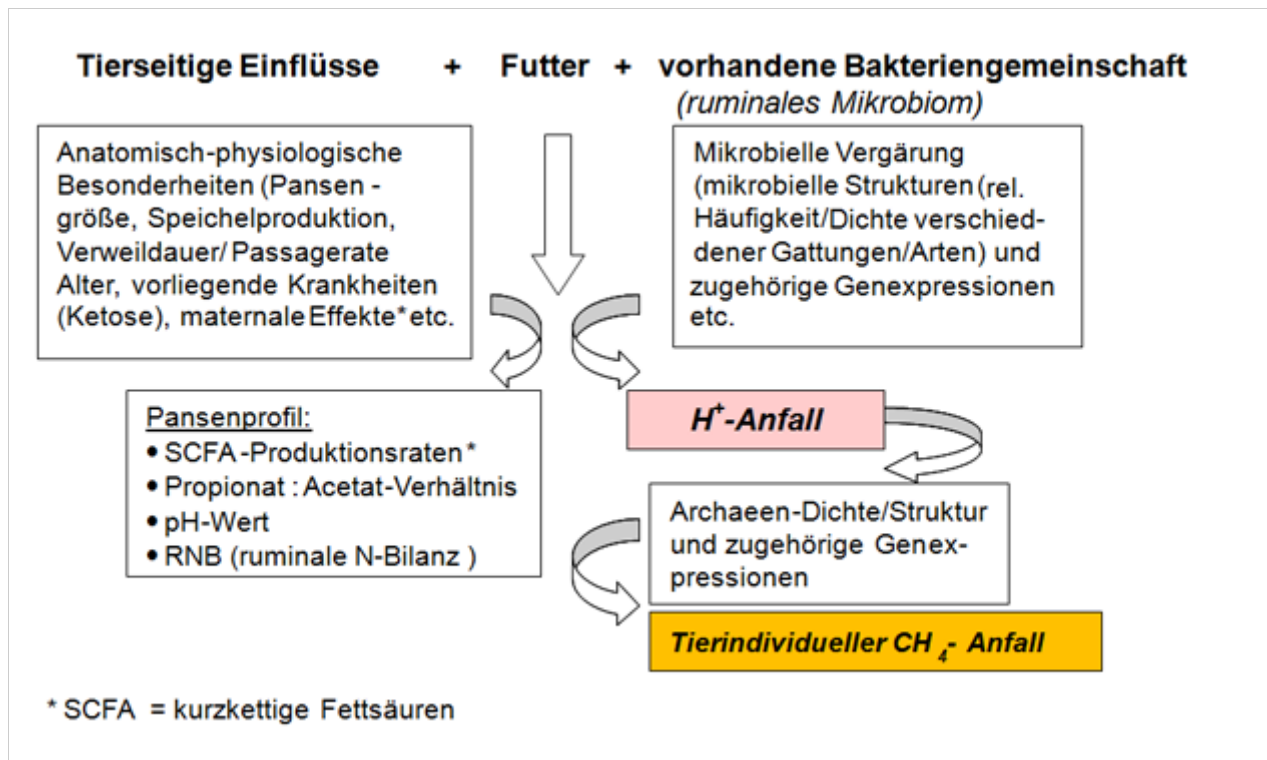
Aktuell wird intensiv an der Entwicklung von Verfahren gearbeitet, tierindividuelle Messungen des CH<sub>4</sub>-Outputs routinemäßig zu ermöglichen, da auch eine wirtspezifische erbliche Beteiligung an der CH<sub>4</sub>-Emission belegt werden konnte. Allerdings sind die diesbezüglich nachgewiesenen "indirekten" Heritabilitäten – verglichen mit denen von Produktionsmerkmalen (Milchmenge, Milchfettgehalt und andere) – nur gering (27, 40, 41). Auch deutet sich an, dass eine sehr intensive einseitige Selektion von Wiederkäuern auf den CH<sub>4</sub>-Output pro Kilogramm Trockenmasseaufnahme mit anatomisch-physiologischen Veränderungen im Gastrointestinalbereich, speziell im Vormagenbereich (Pansen), einschließlich der Passagerate einhergehen kann (16). Vor diesem Hintergrund sind züchterische Bestrebungen/Ansätze – bereits in der zugehörigen Grundlagenforschung – durch ergänzende tierärztliche Untersuchungen zu begleiten. Tierschutzaspekte sollten ohnehin regelmäßiger Bestandteil vorgeschlagener CH<sub>4</sub>-Minderungsstrategien sein, wie zum Beispiel solche (neueren) Vorschläge zur routinemäßigen, überproportionalen Verfütterung von Salzen (Sulfate, Nitrate) erkennen lassen (49).

Die weitere Zuchtzielgestaltung bei Milchrindern mit dem Ziel der Reduzierung des CH<sub>4</sub>-Outputs pro Kilogramm Trockenmasseaufnahme (oder pro Produkteinheit) kann – unter Berücksichtigung der Machbarkeit und Kosten – wie folgt charakterisiert werden:

- aktuell:
  1. weitere Verbesserung der Tiergesundheit sowie Reduzierung der Tierverluste, verlängerte Nutzungsdauer der Milchkühe bei intensiver Milcherzeugung;
  2. Vermeidung extrem schwerer Kühe in der Milcherzeugung zwecks Reduzierung des Energiebedarfs für die Erhaltung.
- zukünftig:
  1. zusätzliche Einbeziehung der Futterraufnahme und der Energiebilanz in Abhängigkeit vom Laktationsstadium zwecks besserer Bewertung des Tierwohls und gleichzeitig besserer Vorhersage der zu erwartenden Methanemission je Tier (3, 10);
  2. direkte Einbeziehung tierindividueller Informationen zum CH<sub>4</sub>-Anfall pro Kilogramm

Trockenmasseaufnahme oder pro Produkteinheit (zum Beispiel in Form von MIR-Daten aus der MLP) nach Folgeabschätzung weiterer anatomisch-physiologischer Veränderungen beim Wirt.

Die Etablierung einer zusätzlichen genetisch-züchterischen Selektion der Wirte (Wiederkäuer) auf den CH<sub>4</sub>-Output pro Kilogramm Trockenmasseaufnahme (oder pro Produkteinheit), wie häufig vereinfachend gefordert, ist äußerst komplex (Abbildung 6).



**Abbildung 6:** Tierindividueller CH<sub>4</sub>-Output in Abhängigkeit vom H<sup>+</sup>-Anfall unter besonderer Berücksichtigung vorhandener ruminaler Bakteriengemeinschaften.

**Quelle:** Eigene Grafik.

*Anmerkung: Die mikrobielle Besiedelung des Intestinaltraktes des Neugeborenen beginnt bereits während des Geburtsvorgangs mit Keimen der Vaginal- und/oder Fäkalflora des Muttertieres.*

Sie dürfte – nach aktuellem Kenntnisstand – somit eher als ergänzende Maßnahme zu verstehen sein, wenn andere indirekte Möglichkeiten bereits weitestgehend ausgeschöpft sind.

Zusätzlich existieren vielschichtige Interaktionen zwischen dem Wirt (Tier), seinem Pansenmikrobiom und dem verabreichten Futter, die bei einer möglichen Zuchtwertschätzung weiter berücksichtigt werden müssen. Bezüglich der Einflussnahme auf die CH<sub>4</sub>-Bildung im Pansen ist weiter zu berücksichtigen, dass das ruminale Mikrobiom offensichtlich zum Teil selbst regulierend ist (Abschnitt 2.2).

Mit der Einführung neuer molekularbiologischer Methoden ist es nun möglich geworden, mikrobielle DNA aus dem Pansen zu extrahieren und direkt zum Beispiel über qPCR (quantitative Echtzeit-PCR (Polymerase-Kettenreaktion)) zu identifizieren und zu quantifizieren (44). Insbesondere die jüngste Entwicklung der schnellen und vollständigen Sequenzierung ganzer Genome erlaubt Einblicke in die Zusammensetzung und Wirkungsweise des Mikrobioms von bislang nicht gegebener Vollständigkeit (42, 44).

Obwohl unser Verständnis bezüglich der vielfältigen Mikrobiom x Fütterung x Wirt-Interaktionen noch relativ gering ist, haben verschiedene archaeelle Methanogene offensichtlich eine Vorliebe, unterschiedliche Substrate zu nutzen, die zusätzlich durch den Wirt und/oder die Fütterung modifiziert werden dürften (Tabelle 7).

**Tabelle 7: Effekte verschiedener Substrate auf das Wachstum ausgewählter archaeeller Methanogene**

Getestete Methanogene; Spezies (Linie/Genotyp)	Substratkombination	beobachtetes Wachstum*
Methanobrevibacter olleyae (229/11)	H <sub>2</sub> /CO <sub>2</sub>	+++
	H <sub>2</sub> /CO <sub>2</sub> + Acetat	++
Methanobrevibacter smithii (R4C)	H <sub>2</sub> /CO <sub>2</sub>	+
	H <sub>2</sub> /CO <sub>2</sub> + Acetat	+
Methanobrevibacter ruminantium (M1)	H <sub>2</sub> /CO <sub>2</sub>	-
	H <sub>2</sub> /CO <sub>2</sub> + Acetat	+ bis +++
	H <sub>2</sub> /CO <sub>2</sub> + Formiat	++ bis +++
	H <sub>2</sub> /CO <sub>2</sub> + Formiat + Methanol + Acetat	++ bis +++
Methanospaera stadmanae (MCB-3)	H <sub>2</sub> /CO <sub>2</sub>	-
	H <sub>2</sub> /CO <sub>2</sub> + Acetat	-
	H <sub>2</sub> /CO <sub>2</sub> + Formiat	-
	H <sub>2</sub> /CO <sub>2</sub> + Methanol	+++
Methanospaera sp. (A4)	H <sub>2</sub> /CO <sub>2</sub>	-
	H <sub>2</sub> /CO <sub>2</sub> + Acetat	-
	H <sub>2</sub> /CO <sub>2</sub> + Acetat + Methanol	+++

**Quelle:** (29, stark gekürzt).

*Anmerkungen: \* Bedeutung: +++ sehr gutes Wachstum, + wenig Wachstum, - kein Wachstum;*

*Methanobrevibacter ruminantium (M1) wächst nicht in einem ausschließlichen H<sub>2</sub>/CO<sub>2</sub>-Substrat. Diese Species benötigt zusätzlich Acetat oder Formiat und wächst besonders, wenn gleichzeitig neben H<sub>2</sub> und CO<sub>2</sub> zusätzlich eine Kombination von Acetat, Formiat und Methanol vorhanden ist.*

Doch auch bei einer gezielten Einflußnahme auf die Aktivitäten methanogener Archaeen stehen wir erst am Anfang, ihre Beeinflussung im Zusammenhang mit der Verfügbarkeit/Anfall von Wasserstoff (H<sub>2</sub>) bei der anaeroben Gärung zu verstehen (44).

Aktuelle Forschungsaktivitäten lassen zukünftig auf neue Chancen hoffen, die archaeellen Methanogene direkt zu beeinflussen. Beim gegenwärtigen Kenntnisstand sind diese aber noch weit von einer praktischen Nutzung entfernt.

Das Verständnis der symbiotischen Beziehungen innerhalb des ruminalen Mikrobioms sowie zwischen Wirt und seinem ruminalen Mikrobiom ist ein wichtiger Schlüssel, um die Milch- und Fleischerzeugung immer effizienter und umweltgerechter zu gestalten.

Eine intensivere Grundlagenforschung zu dieser äußerst komplexen Thematik wäre auch in Deutschland wünschenswert.



## Zusammenfassung

Die genetische Ausstattung der Wiederkäuer beherbergt keine Gene, die eine eigene Methanbildung ermöglichen. Methan (CH<sub>4</sub>) wird durch methanogene Archaeen als "Nebenprodukt" vorrangig des mikrobiellen Kohlenhydrat-Abbaus unter anaeroben Bedingungen im Vormagensystem der Wiederkäuer (Wirte) produziert.

Es gibt genügend Hinweise, dass es auch eine wirtsspezifische Komponente für variierende CH<sub>4</sub>-Emissionen bei Wiederkäuern gibt. Sie spiegeln sich in "indirekten Heritabilitäten" wieder.

Neue Methoden und Techniken zur schnellen und vollständigen Sequenzierung der Genome des Wirtes und der Mikroorganismen sowie zur Identifizierung und Quantifizierung ihrer Gene und Genprodukte einerseits und zur Bestimmung der CH<sub>4</sub>-Emissionen andererseits liefern neue Erkenntnisse über Zusammenhänge zwischen genetischen und physiologischen Eigenschaften des Wirtes, dem Mikrobiom und dem Fütterungsmanagement.

Mit der vorliegenden Übersichtsarbeit wird der aktuelle Kenntnisstand aus der Blickrichtung möglicher tierseitiger Einflussnahmen auf die CH<sub>4</sub>-Emission bei Wiederkäuern einschließlich deren Grenzen aufgezeigt.

## Summary

### **Methane reduction potentials in ruminants**

The genetic make-up of ruminants contains no genes which would allow them to form methane on their own. Methane (CH<sub>4</sub>) is produced by methanogenic archaea as a by-product of microbial carbohydrate breakdown under anaerobic conditions in the forestomach system of ruminants (hosts).

There are numerous indications that there is a host-specific component for varying CH<sub>4</sub> emissions in ruminants. They are reflected in the "indirect heritabilities".

New methods and techniques for the rapid and complete sequencing of the genomes of the host and of the microorganisms and to identify and quantify their genes and gene products provide further insight into the connections between genetic and physiological characteristics of the host, the microbiome and feeding management.

This publication presents the current state of knowledge regarding the influence of animal-related CH<sub>4</sub> emissions in ruminants and includes a discussion of their possible limits.

## Résumé

### **Le potentiel de réduction des émissions de méthane chez les ruminants**

La structure génétique des ruminants ne contient pas de gènes qui permettraient qu'ils forment de la méthane eux-mêmes. Le méthane (CH<sub>4</sub>) est produit par les archaeas méthanogènes en tant que sous-produit surtout de la dégradation microbienne de glucides sous des conditions anaerobes dans le système des pré-estomacs des ruminants (hôtes).

Quant aux émissions CH<sub>4</sub> variables chez les ruminants, il y a assez d'indicateurs qui suggèrent qu'il existe aussi une composante spécifique à l'hôte. Elles sont reflétées dans des « héritabilités indirectes ».

De nouvelles méthodes et techniques pour un séquençage rapide et complet des génomes du hôte et des microorganismes ainsi que pour l'identification et la quantification de leurs gènes et leurs produits géniques d'un côté et pour la détermination des émissions CH<sub>4</sub> de l'autre fournissent de nouvelles connaissances sur les relations entre les caractéristiques génétiques et physiologiques du hôte, du microbiome et la gestion de l'alimentation animale.

Le présent travail illustre le niveau de connaissances sur une influence éventuelle que des facteurs liés aux animaux pourraient avoir sur les émissions CH<sub>4</sub> des ruminants et il inclut une discussions de ses limites.

## LITERATUR

1. BERNDT A, BOLAND MH, DEIGHTON M, GERE JI, GRAINGER C, HEGARTY RS, IWAASA AD, KOOLAARD JP, LASSEY KR, LUO D, MARTIN RJ, MARTIN C, MOATE PJ, MOLANO G, PINARES-PATIÑO C, RIBAUX BE, SWAINSON NM, WAGHORN GC, WILLIAMS SRO (2014): Guidelines for use of sulphur hexafluoride (SF<sub>6</sub>) tracer technique to measure enteric methane emissions from ruminants. Pages 166. M. G. Lambert, ed. New Zealand Agricultural Greenhouse Gas Research Centre, New Zealand.
2. BRADE W (2014): Das ruminale Mikrobiom des Rindes: neuere Erkenntnisse und Ziele aktueller Forschungsaktivitäten. *Prakt. Tierarzt* 95: 67-74.
3. BRADE W (2015): Phänotypisierung des ruminalen Mikrobioms bei Wiederkäuern – eine aktuelle interdisziplinäre Herausforderung. Vortrag. ÖAW-Symposium "Phänotypisierung – vom Schein zum Sein", 19. bis 20. März 2015 in A-1010 Wien.
4. CARBERRY CA, WATERS SM, KENNY DA, CREEVEY CJ (2014): Rumen Methanogenic Genotypes Differ in Abundance According to Host Residual Feed Intake Phenotype and Diet Type. *Appl. and Environ. Microbiol.*, 80, 586-594. doi:10.1128/AEM.03131-13.
5. CAPPER JL, CADY RA, BAUMAN DE (2009): The environmental impact of dairy production: 1944 compared with 2007. *J. Anim. Sci.* 87: 2160-2167.
6. CHAGUNDA MG (2013): Opportunities and challenges in the use of the Laser Methane Detector to monitor enteric methane emissions from ruminants. *Animal* 7 (Suppl. 2), 394-400.
7. CHAGUNDA, MG, ROSS D, ROBERTS DJ (2009): On the use of a laser methane detector in dairy cows. *Comp. Electr. Agric.* 68: 157–160.
8. DÄMMGEN U, BRADE W, HAENEL H-D, RÖSEMANN C, DÖHLER H (2009): Modelling CO<sub>2</sub> footprints and trace gas emissions for milk protein produced under varying performance and feeding conditions. European Association for Animal Production, Proc. of the 60th Annual Meeting, Barcelona, Spain, 24 to 27 August 2009. ► [http://www.eaap.org/Barcelona/Papers/published/38\\_Daemmgen.pdf](http://www.eaap.org/Barcelona/Papers/published/38_Daemmgen.pdf).
9. DEHARENG F, DELFOSSE C, FROIDMONT E, SOYEURT H, MARTIN C, GENGLER N, VANLIERDE A, DARDENNE P (2012): Potential use of milk mid-infrared spectra to predict individual methane emission of dairy cows. *Animal* 6: 1694-1701.
10. DE HAAS Y, WINDIG JJ, CALUS MPL, DIJKSTRA J, DE HAAN M, BANNINK A, VEERKAMP RF (2011): Genetic parameters for predicted methane production and potential for reducing enteric emissions through genomic selection. *J. Dairy Sci.*: 94, 6122-6134.
11. EUGÈNE M, MASSÉ D, CHIQUETTE J, BENCHAAAR C (2008): Metaanalysis on the effects of lipid supplementation on methane production in lactating dairy cows. *Canadian Journal of Animal Science* 88: 331-334.
12. FLACHMANN C, MAYER H (2014): Methan – und Lachgasemissionen von Nahrungsgütern – 2012. Stat. Bundesamt, Wiesbaden, 2014, 1-13. ► [https://www.destatis.de/DE/Publikationen/Thematisch/UmweltoekonomischeGesamtrechnungen/MethanErnaehrungsgueter5851307129004.pdf?\\_\\_blob=publicationFile](https://www.destatis.de/DE/Publikationen/Thematisch/UmweltoekonomischeGesamtrechnungen/MethanErnaehrungsgueter5851307129004.pdf?__blob=publicationFile) (Zugriff am 23. März 2015).
13. FLACHOWSKY G, BRADE W (2007): Potenziale zur Reduzierung der Methan-Emissionen bei Wiederkäuern. *Züchtungskunde* 79: 417-465.
14. FLACHOWSKY G, BRADE W, FEIL A, KAMPHUES J, MEYER U, ZEHETMEIER M (2011): Carbon (CO<sub>2</sub>)-Footprints bei der Primärerzeugung von Lebensmitteln tierischer Herkunft: Datenbasis und Reduzierungspotentiale. *Übers. Tierernährung* 39: 1-45.

15. GERBER P, VELLINGA T, DIETZE K, FALCUCCI A, GIANNI G, MOUNSEY J, MAIORANO L, OPIO C, SIRONI D, THIEME O, WEILER V (2010): Greenhouse Gas Emissions from the Dairy Sector. A Life Cycle Assessment. A report of FAO, Animal Production and Health Division, FAO 2010.  
► <http://www.fao.org/docrep/012/k7930e/k7930e00.pdf> (Zugriff am 13. September 2013).
16. GOOPY JP, DONALDSON A, HEGARTY R, VERCOE PE, HAYNES P, BARNETT, M, ODDY VH (2014): Low-methane yield sheep have smaller rumens and shorter rumen retention time. *British Journal of Nutrition* 111: 578-585.
17. GRAINGER C, CLARKE T, MCGINN SM, AULDIST MJ, BEAUCHEMIN KA, HANNAH MC, WAGHORN GC, CLARK H, ECKARD RJ (2007): Methane emissions from dairy cows measured using the sulfur hexafluoride (SF<sub>6</sub>) tracer and chamber techniques. *J Dairy Sci.* 90: 2755-2766.
18. GUAN H, WITTENBERG KM, OMINSKI KH, KRAUSE D (2006): Efficacy of ionophores in cattle diets for mitigation of enteric methane. *J. Anim. Sci.* 84: 1896-1906.
19. GUYADER J, EUGÈNE M, NOZIÈRE P, MORGAVI DP, DOREAU M, MARTIN C (2014): Influence of rumen protozoa on methane emission in ruminants: a meta-analysis approach. *Animal* 8: 1816-1825.
20. HEGARTY RS, GOOPY JP, HERD RM, MCCORKELL B (2007): Cattle selected for lower residual feed intake have reduced daily methane production. *J. Anim. Sci.* 85: 1479-1486.
21. HÖHLING A (2000): Auswirkungen von verschimmeltem Futter, chronischer Pansenazidose sowie Schwefelzulagen auf die Protozoenpopulation im Pansen (in vitro). Diss. Tierärztl. Hochschule Hannover, 219 S.
22. HOOK SE, WRIGHT A-DG, MCBRIDE BW (2010): Methanogens: Methane Producers of the Rumen and Mitigation Strategies. *Archaea*, Article ID 94578, 11 pages ► <http://dx.doi.org/10.1155/2010/945785> (Zugriff am 1. März 2014).
23. HUNGATE RE (1966): The rumen and its microbes. Academic Press, New York, 4, 533.
24. JAMI E, MIZRAHI I (2012): Composition and Similarity of Bovine Rumen Microbiota across Individual Animals. *PLoS ONE* 7(3): e33306. doi:10.1371/journal.pone.0033306.
25. JAMI E, WHITE BA, MIZRAHI I (2014): Potential Role of the Bovine Rumen Microbiome in Modulating Milk Composition and Feed Efficiency. *PLoS ONE* 9(1): e85423. doi:10.1371/journal.pone.0085423.
26. JANSSEN PH, KIRS M (2008): Structure of the archaeal community of the rumen. *Appl. Environ. Microbiol.* 74: 3619-3625.
27. KANDEL PB, VANROBAYS ML, VANLIERDE A, DEHARENG F, FROIDMONT E, DARDENNE P, LEWIS E, BUCKLEY F, DEIGHTON MH, MCPARLAND S, GENGLER N, SOYEURT H (2013): Genetic parameters for methane emissions predicted from milk mid-infrared spectra in dairy cows. *Advances in Animal Biosciences* 4: 279.
28. KHIAOSA-ARD R, ZEBELI Q (2014): Cattle's variation in rumen ecology and metabolism and its contributions to feed efficiency. *Livestock Science* 162: 66-75.
29. KIM CC (2012): Identification of rumen methanogens, characterization of substrate requirements and measurement of hydrogen threshold. Master-Thesis. Massey-University, Palmerston North, New Zealand, 141 pp.
30. KITTELMANN S, PINARES-PATIÑO CS, SEEDORF H, KIRK MR, GANESH S, MCEWAN J, JANSSEN P (2014): Two different bacterial community types are linked with the low-Methane emission trait in sheep. *PLOS ONE* 9(7): e103171. doi:10.1371/journal.pone.0103171.
31. KREUZER M (1986): Methodik und Anwendung der Defaunierung beim wachsenden Wiederkäuer. *Journal of Veterinary Medicine Series A*, 33: 721-745.

32. KREUZER M (2012): Technische Maßnahmen und deren Potenzial zur Reduktion der Treibhausgase Methan und Lachgas aus der Schweizer Tierhaltung. Wissenschaftlicher Schlussbericht. 20 Seiten.  
▶ <http://www.bafu.admin.ch/klima/13879/13880/14577/15536/index.html?lang=en> (Zugriff am 12. September 2014).
33. KREUZER M, SOLIVA CR (2008): Nutrition: Key to methane mitigation in ruminants. *Proc. Soc. Nutr. Physiol.* 17: 168-171.
34. LIN C, RASKIN L, STAHL DA (1997): Microbial community structure in gastrointestinal tracts of domestic animals: comparative analyses using rRNA targeted oligonucleotide probes. *FEMS Microbiol. Ecol.* 22: 281-294.
35. MACHMÜLLER A, SOLIVA CR, KREUZER M (2003): Effect of coconut oil and defaunation treatment on methanogenesis in sheep. *Reproduction Nutrition Development* 43: 41-55.
36. MARTIN C, ROUEL J, JOUANY JP, DOREAU M, CHILLIARD Y (2008): Methane output and diet digestibility in response to feeding dairy cows crude linseed, extruded linseed, or linseed oil. *Journal of Animal Science* 86: 2642-2650.
37. MCCARTNEY CA, BULL ID, YAN T, DEWHURST RJ (2013): Assessment of archaeol as a molecular proxy for methane production in cattle. *J. Dairy Sci.* 96: 1211-1217.
38. MILLS J, DIJKSTRA J, BANNINK A, CAMMELL SB, KEBREAB E, FRANCE J (2001): A mechanistic model of whole-tract digestion and methanogenesis in the lactating dairy cow: model development and evaluation, and application. *J. Anim. Sci.* 79: 1584-1597.
39. NAGARAJA TG (2012): A Microbiologist's View on Improving Nutrient Utilization in Ruminants.  
▶ <http://dairy.ifas.ufl.edu/rns/2012/11NagarajaRNS2012.pdf> (Zugriff am 15. August 2014).
40. PICKERING NK, CHAGUNDA MG, BANOS G, MRODE R, MCEWAN JC, WALL E (2015): Genetic parameters for predicted methane production and laser methane detector measurements. *J. Anim. Sci.* 92: 11-20.
41. PINARES-PATIÑO CS, HICKEY SM, YOUNG EA, DODDS KG, MACLEAN S, MOLANO G, SANDOVAL E, KJESTRUP H, HARLAND R, HUNT C, PICKERING NK, MCEWAN JC (2013): Heritability estimates of methane emissions from sheep. *Animal* 7: 316-321.
42. PITTA DW, KUMAR S, VECCHIARELLI B, SHIRLEY DJ, BITTINGER K, BAKER LD, FERGUSON JD, THOMSEN N (2014): Temporal dynamics in the ruminal microbiome of dairy cows during the transition period. *J. Anim. Sci.* 92(9): 4014-4022. doi: 10.2527/jas.2014-7621.
43. POULSEN M, SCHWAB C, JENSEN B, ENGBERG RM, SPANG A, CANIBE N, HØJBERG O, MILINOVICH G, FRAGNER L, SCHLEPER C, WECKWERTH W, LUND P, SCHRAMM A, URICH T (2013): Methylophilic methanogenic Thermoplasmata implicated in reduced methane emissions from bovine rumen. 5. Februar 2013, *Nature Communications*. DOI: 10.1038/ncomms2432.  
▶ <http://www.nature.com/ncomms/journal/v4/n2/full/ncomms2432.html>.
44. SHI W, MOON CD, LEAHY SC, KANG D, FROULA J, KITTELMANN S, FAN C, DEUTSCH S, GAGIC D, SEEDORF H, KELLY WJ, ATUA R, SANG C, SONI P, LI D, PINARES-PATIÑO CS, MCEWAN JC, JANSSEN PH, CHEN F, VISEL A, WANG Z, ATTWOOD GT, RUBIN EM (2014): Methane yield phenotypes linked to differential gene expression in the sheep rumen microbiome. *Genome Res.*, doi:10.1101/gr.168245.113.
45. SOLIVA CR (2003): Ruminal methanogens and their methanogenic activity: response to mixtures of dietary lauric and myristic acid and coherences with other rumen microbes. Zürich, Diss, ETH-Nr.15311.
46. STOLZ A (1997): Infrarot-Absorptionsspektroskopie zur Bestimmung der Luftkonzentration von Spurengasen. Dipl.-Arbeit, Fakultät für Physik und Astronomie der Ruprecht-Karls-Universität Heidelberg, 62 S.

47. VANLIERDE A, DEHARENG F, FROIDMONT E, DARDENNE P, KANDEL PB, GENGLER N, DEIGHTON MH, BUCKLEY F, LEWIS E, MCPARLAND S, BERRY D, SOYEURT H (2013): Prediction of the individual enteric methane emission of dairy cows from milk mid-infrared spectra. *Advances in Animal Biosciences*. 4: 433.
48. VAN LINGEN HJ, CROMPTON LA, HENDRIKS WH, REYNOLDS CK, DIJKSTRA J (2014): Meta-analysis of relationships between enteric methane yield and milk fatty acid profile in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 97: 7115-7132.
49. VAN ZIJDERVELD SM, GERRITS WJJ, APAJALAHTI JA, NEWBOLD JR, DIJKSTRA J, LENG RA, PERDOK HB (2010): Nitrate and sulphate: effective alternative hydrogen sinks for mitigation of ruminal methane production in sheep. *J. Dairy Sci.* 93: 5856-5866.
50. WALLACE RJ, ROOKE RJ, DUTHIE C-A, HYSLO JJ, ROSS DR, MCKAIN N, DE SOUZA SM, SNELLING TS, WATERHOUSE A, ROEHE R (2014): Archaeal abundance in post-mortem ruminal digesta may help predict methane emissions from beef cattle. *Sci. Reports* 4: 1-8.  
DOI: 10.1038/srep05892. ► <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/25081098> (Zugriff am 23. September 2014).
51. WEIMER PJ (2015): Redundancy, resilience, and host specificity of the ruminal microbiota: implications for engineering improved ruminal fermentations. *Front. Microbiol.* 6: 296. doi: 10.3389/fmicb.2015.00296. ► <http://journal.frontiersin.org/article/10.3389/fmicb.2015.00296/abstract> (Zugriff am 16. April 2015).
52. WEIMER PJ, STEVENSON DM, MANTOVANI HC, MAN SLC (2010): Host specificity of the ruminal bacterial community of the dairy cow following near total exchange of ruminal contents. *J. Dairy Sci.* 93, 5902-5912.
53. WIMMERS K, MURANI E, TRAKOOLJUL N, OSTER M, JAEGER A, REYER H, PONSUKSILI S (2015): OMICS-Profiles – neue molekulare Phänotypen als Werkzeuge für Tierzucht und -haltung. *Züchtungskunde* 87: 14-20.
54. WRIGHT ADG, KENNEDY P, O'NEILL CJ et al. (2004): Reducing methane emissions in sheep by immunization against rumen methanogens. *Vaccine* 22: 3976-3985.
55. ZHOU M, HERNANDEZ-SANABRIA E, GUAN LL (2010): Characterization of variation in rumen methanogenic communities under different dietary and host feed efficiency conditions, as determined by PCR-denaturing gradient gel electrophoresis analysis. *Appl. Environ. Microbiol.* 76: 3776-3786.

## Autorenanschrift

Prof. Dr. Wilfried Brade

TiHo Hannover

zurzeit: Leibniz-Institut (FBN) für Nutztierbiologie Dummerstorf

Wilhelm-Stahl-Allee 2

18196 Dummerstorf

Email: ► [brade@fbn-dummerstorf.de](mailto:brade@fbn-dummerstorf.de)

Prof. Dr. K. Wimmers

Leibniz-Institut (FBN) für Nutztierbiologie Dummerstorf

Institut für Genombiologie

Wilhelm-Stahl-Allee 2

18196 Dummerstorf