

---

Aus dem Institut für Agrar- und Ernährungswissenschaften  
Professur für Pflanzenzüchtung  
der  
Naturwissenschaftlichen Fakultät III  
der  
Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg



**Genotypendifferenzierung und Erstellung von Kreuzungspopulationen bei  
Hanf (*Cannabis sativa* L.)**

als  
Dissertation  
zur Erlangung des akademischen Grades  
doctor agriculturarum (Dr. agr.)

vorgelegt von:

Diplom-Agraringenieur  
Uta Kriese

geb. am 06. Februar 1973  
in Bad Oldesloe

Gutachter: Prof. Dr. habil W. E. Weber  
Dr. s.c. agr. Roland Hoffmann-Bahnsen  
Prof. Dr. habil Jens Léon

Verteidigung am: 26.03.2007

Halle / Saale 2007

**urn:nbn:de:gbv:3-000012759**

[<http://nbn-resolving.de/urn/resolver.pl?urn=nbn%3Ade%3Agbv%3A3-000012759>]

## Inhaltsverzeichnis

<b>1 Einleitung</b>	<b>1</b>
<b>2 Literaturübersicht</b>	<b>4</b>
2.1 Entwicklungsphysiologie des Hanfes	4
2.2 Die Hanfpflanze als Faserlieferant	8
2.3 Hanföl	12
2.4 Cannabinoide	17
2.5 Züchtungsaspekte und genetische Diversität bei Hanf	23
<b>3 Material und Methoden</b>	<b>28</b>
3.1 Pflanzenmaterial	28
3.2 Methoden	28
3.2.1 Feldversuche	28
3.2.2 Erstellung der Kreuzungspopulationen	31
3.2.2.1 Kreuzungen im Gewächshaus	31
3.2.2.2 Kreuzungen im Freiland	33
3.2.3 Erfassung des Blühbeginns und der morphologischen Merkmale	34
3.2.4 Bestimmung des Fasergehaltes	35
3.2.5 Bestimmung des Ölgehaltes und der Ölzusammensetzung	36
3.2.5.1 Probenvorbereitung	36
3.2.5.2 Bestimmung des Ölgehaltes	36
3.2.5.3 Bestimmung der Ölzusammensetzung	37
3.2.5.3.1 Tocopherol (Vitamin E)	37
3.2.5.3.2 Fettsäurezusammensetzung	37
3.2.5.3.3 Oxidationsstabilität	38
3.2.6 Bestimmung des THC- und des CBD-Gehaltes	39
3.2.7 Genotypendifferenzierung unter Betrachtung der phänotypischen und molekularbiologischen Daten	40
3.2.8. Datenauswertung	40
<b>4 Ergebnisse</b>	<b>41</b>
4.1 Erstellung der Kreuzungspopulationen	41
4.2 Blühbeginn und morphologische Merkmale	42
4.2.1 Blühbeginn	42
4.2.2 Morphologische Merkmale	45
4.3 Fasergehalt	48

---

4.4 Ölgehalt und Ölzusammensetzung	56
4.4.1 Ölgehalt	56
4.4.2 Ölzusammensetzung	63
4.4.2.1 Tocopherole	63
4.4.2.2 Fettsäuremuster	69
4.4.3 Oxidationsstabilität	72
4.5 Cannabinoide	73
4.6 Genotypendifferenzierung unter Betrachtung der phänotypischen und molekularbiologischen Daten	81
<b>5 Diskussion</b>	<b>93</b>
5.1 Blühbeginn, morphologische Merkmale und Fasergehalt	93
5.2 Hanföl	98
5.3 Cannabinoide	106
5.4 Genotypendifferenzierung unter Betrachtung der phänotypischen und molekularbiologischen Daten	112
<b>6 Ausblick</b>	<b>114</b>
<b>7 Zusammenfassung</b>	<b>115</b>
<b>8 Summary</b>	<b>117</b>
<b>9 Literaturverzeichnis</b>	<b>119</b>
<b>10 Abbildungsverzeichnis</b>	<b>136</b>
<b>11 Tabellenverzeichnis</b>	<b>140</b>
<b>12 Anhang</b>	<b>146</b>

**Abkürzungsverzeichnis**

%	Prozent
°C	Grad Celsius
°Cd	Temperatursumme (Gradtage)
AFLP	amplified fragment length polymorphism
BLE	Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
bzw.	beziehungsweise
ca.	zirka
$\text{Ca}_x\text{Co}_x\text{A}_x\text{G}_x$	Blütenformel: <b>Ca</b> : Calyx (Kelchblätter), <b>Co</b> : Corolla (Kronenblätter), <b>A</b> : Androeceum (alle Staubblätter), <b>G</b> : Gynoeceum (alle Fruchtblätter), x = Anzahl der Blätter
CAPS	cleaved amplified polymorphic sequences
CBC	Cannabichromen
CBD	Cannabidiol
CBG	Cannabigerol
CBGV	Propylhomolog des Cannabigerol (CBG)
CBN	Cannabinol
CI	Konfidenzintervall
cm	Zentimeter
CO <sub>2</sub>	Kohlendioxid
CV	Variationskoeffizient
$\Delta^9$ -THC	Delta-9-Tetrahydrocannabinol
d. h.	das heißt
DNA	Desoxyribonucleinsäure
EU	Europäische Union
et al.	und andere
F	Nachkommenschaft
FG	Frischgewicht
g	Gramm
g	Schleuderziffer (bei Zentrifugen Wirkung der Beschleunigungskräfte auf das Zentrifugiergut)
GB	Bezeichnung der Genbankherkünfte
GC	Gaschromatographie
h	Stunden

---

ha	Hektar
HPLC	High Performance Liquid Chromatography
inkl.	inklusive
ISSR	intersimple sequence repeat
kg	Kilogramm
km	Kilometer
l	Liter
L.	Linne, C. von, schwedischer Naturforscher
LSD	least significant difference
µl	Mikroliter
µm	Mikrometer
m	Meter
m <sup>2</sup>	Quadratmeter
MAS	marker-gestützte Selektion
MAX	Maximalwert
Mbp	Megabasenpaare
mg	Milligramm
min	Minuten
MIN	Minimalwert
ml	Milliliter
mm	Millimeter
MUFA	monounsaturated fatty acids
n	Anzahl/Stichprobengröße
N	Newton
N	Stickstoff
NIR	near-infrared spectroscopy
NIRS	near-infrared reflectance spectroscopy
nm	Nanometer
NMR	nuclear magnetic resonance
NN	Normalnull
P	Kreuzungseltern
P-8	Plastochromanol-8
p-Wert	Wahrscheinlichkeit, dass die Nullhypothese (H <sub>0</sub> ) zutrifft

PCR	Polymerase-Kettenreaktion
PSI	Einheit des Gasdruckes: Pfund pro Quadratzoll
PUFA	polyunsaturated fatty acids
r	Korrelationskoeffizient
RAPD	random amplified polymorphic DNA
RFLP	restriction fragment length polymorphism
$\mu\text{S/cm}$	Einheit der elektrischen Leitfähigkeit Siemens pro Meter (S/m), hier Mikrosiemens pro Zentimeter
s	Sekunde
SAFA	saturated fatty acids
SDM	Stängeldurchmesser
SFE	supercritical fluid extraction
SSR	single sequence repeat
STD	Standardabweichung
STS	sequence-tagged site
t	Tonne
THC	Delta-9-Tetrahydrocannabinol
TM	Trockenmasse
u. a.	und andere
UPGMA	unweighted pair group method using an arithmetic average
u.v.m.	und vieles mehr
v. Chr.	vor Christi Geburt
v/v	Volumen/Volumen
VIR	Vavilov Research Institute
z. B.	zum Beispiel
z. T.	zum Teil

## 1 Einleitung

Hanf (*Cannabis sativa* L.), eine annuelle Pflanze, die zur Familie der *Cannabinaceae* gezählt wird, ist eine der ältesten Kulturpflanze der Menschheit (KÖRBER-GROHNE 1994). Ihre Herkunft wird in den feucht temperierten Gebieten Zentralasiens vermutet (ZEVEN und DE WET 1982). Mit dem Hanfanbau wurde 2700 v. Chr. in China begonnen und vor 2000-2200 Jahren erreichte die Kulturpflanze Europa (RANALLI und VENTURI 2004).

Die Nutzungsmöglichkeiten von Hanf sind vielseitig. Die geschichtliche Bedeutung des Hanfes beruht hauptsächlich auf der Nutzung der Hanffasern als technisches Textil. Die Hanffrüchte eignen sich aufgrund ihres Fettgehaltes zur Ölgewinnung und das in den Drüsenhaaren der Pflanzen synthetisierte Delta-9-Tetrahydrocannabinol ( $\Delta^9$ -THC) ist eine Quelle für psychoaktive Drogen in Form von Marihuana und Haschisch.

Im 15. Jahrhundert wurden in Deutschland ungefähr 15.000 ha Hanf angebaut (DIEPENBROCK et al. 1999). Der verstärkte Anbau von Baumwolle, Jute und anderer tropischer Faserpflanzen führte im 19. Jahrhundert weltweit zu einem Einbruch des Hanfanbaues. Dieser setzte sich im 20. Jahrhundert durch die Einführung der synthetischen Fasern fort. Für einen weiteren Rückgang ist außerdem die Papierherstellung aus Holz und die rauscherzeugende Wirkung von Hanf zu nennen (SCHUMANN und WEBER 1997, RANALLI und VENTURI 2004, VAN DER WERF 2004). Nach dem Gesetz zur Neuordnung des Betäubungsmittelrechts von 1981 wurde der Hanfanbau in Deutschland auf Grund der Drogenproblematik verboten. Hanf durfte lediglich für wissenschaftliche Zwecke und bis kurz vor seiner Blüte als Isolierungsstreifen in der Rübenzüchtung angebaut werden (HOFFMANN et al. 1985). Die Aufhebung des Hanfanbauverbotes in Deutschland erfolgte im April 1996 durch das 2. Gesetz zur Änderung des Betäubungsmittelgesetzes (BGBL I 1996). Die zum Anbau zugelassenen Faserhanfsorten durften einen THC-Gehalt von 0,3% nicht überschreiten. Seit 2002 gilt in der Europäischen Union ein THC-Grenzwert von 0,2% (CAPPELLETTO et al. 2001, Council Regulation (EC) No. 1420/98). Die Anbaufläche lag in Deutschland im Jahr 1999 bei 4066 ha. Seit 2000 sind aber wieder rückläufige Tendenzen zu erkennen (NOVA-INSTITUT 2002). In der EU stieg die Hanfanbaufläche von 2762 ha in 1989 auf 41.682 ha in 1998 an (RANALLI und VENTURI 2004), 2004 lag sie bei 15.500 ha (KARUS und VOGT 2004).

In Deutschland und Italien Mitte des letzten Jahrhunderts selektierte Hanflinien wurden europaweit für die Züchtung neuer Sorten eingesetzt (DE MEIJER und VAN SOEST 1992). Besonders die monözische, faserreiche Sorte 'Fibrimon' diente als Ausgangsmaterial für weitere Selektionen in Frankreich und in Italien. Sie wurde zwischen 1951 und 1955 von VON

SENGBUSCH am Max-Planck-Institut für Kulturpflanzenforschung in Hamburg-Volksdorf entwickelt (BREDEMANN et al. 1961), der mit dem faserreichen, diözischen „Bredemann-Hanf“, mit monözischen, relativ faserarmen Hanfformen, die in allen Reifeklassen vorlagen sowie mit spätreifenden und diözischen italienischen, türkischen und argentinischen Herkünften mit normalem Fasergehalt arbeitete. Alle heutigen französischen Sorten sind entweder direkte Selektionen von ‘Fibrimon’ oder aber Selektionen aus Kreuzungen zwischen ‘Fibrimon’ und verschiedenen diözischen, teilweise sogar exotischen Faserlinien als weitere Kreuzungspartner (DE MEIJER 1995).

Nach 1960 gab es in Deutschland keine kommerzielle Hanfzüchtung mehr (SCHUMANN und WEBER 1997). Die vorhandenen Hanfsorten gehen oft auf den oben beschriebenen kleinen Genpool zurück. WATSON und CLARKE (1997) stellen daher folgendes fest: „This is an extremely narrow gene pool for an entire crop plant and explains why industrial hemp varieties are so poorly suited to growing in regions outside Europe.“ Sie haben klare Vorstellungen von zukünftigen Züchtungszielen: „A common goal of the hemp breeders should be to establish a smaller and broader core collection of *Cannabis* germplasm that has been exhaustively characterized agronomically, in the field and at molecular and chemical levels in the laboratory. Only then can we see what diversity really is available for future research“. Auch RANALLI und VENTURI (2004) sehen in einer intensiveren züchterischen Bearbeitung ungeahnte Potenziale für die zukünftige Entwicklung der Hanfpflanze. Als Zuchtziele definieren sie: Steigerung des Fasergehaltes und Verbesserung der Faserqualität (insbesondere der Faserfeinheit), Erhöhung der Biomasseerträge/ha, Senkung des THC-Gehaltes, Entwicklung früher Formen mit hohen Samenerträgen und guter Ölqualität sowie Stabilität der Monözie. Die Züchtung steht ganz am Anfang der Produktionskette und reflektiert die Nutzungsrichtung. So fordern DEFERNE und PATE (1996) eine umfangreiche Evaluierung vorhandener Hanfformen, insbesondere unter Berücksichtigung des Ölgehaltes der Früchte. STRUIK et al. (2000) schlussfolgerten: „Maturity class and photoperiodic response of the cultivars, however, are important and therefore more research on ideotyping and a wider breeding effort are recommended.“

Zur Erfassung der Nutzungsmöglichkeiten von Hanfsorten bzw. Hanfformen wurden unter anderem von MEDIAVILLA et al. (1999) sowie SCHUMANN et al. (1999) agronomische Versuche durchgeführt. Aufbauend auf den Versuchen von SCHUMANN et al. (1999) sollte mit den hier beschriebenen Untersuchungen ein Beitrag zur Wiederbelebung der Hanfzüchtung in Deutschland geleistet werden. Ziele dabei waren:

- (1) die Variabilität aktuell verfügbarer Hanfgenotypen im Hinblick auf nutzbare Merkmale wie Ölgehalt der Früchte, Fasergehalt der Stängel und THC-Gehalt der Pflanzen als Ausgangsmaterial für eine anwendungsorientierte Züchtung zu erfassen,
- (2) auf der Basis der unter (1) experimentell erhaltenen Ergebnisse Genotypen zu kreuzen, die sich in der Ausprägung des jeweiligen Merkmals deutlich unterscheiden, um anhand der Nachkommenschaften Rückschlüsse auf die Vererbung des jeweiligen Merkmals ziehen zu können,
- (3) die untersuchten Hanfgenotypen auf molekularer Ebene hinsichtlich genetischer Ähnlichkeit zu beschreiben und diese Ergebnisse zu den unter (1) erhobenen Daten in Beziehung zu setzen und
- (4) aus den unter (2) erstellten Kreuzungspopulationen aussichtsreiche Genotypen für weitere Züchtungsprozesse zu selektieren.

Die folgende Literaturübersicht soll einen Überblick über bereits durchgeführte Untersuchungen und deren Ergebnisse geben.

## 2 Literaturübersicht

### 2.1 Entwicklungsphysiologie des Hanfes

Hanf ist ursprünglich eine diözische (zweihäusige) Pflanze, d. h., männliche und weibliche Blüten befinden sich auf verschiedenen Pflanzen. Während der züchterischen Bearbeitung konnten auch monözische (einhäusige) Formen selektiert werden, bei denen sich die männlichen und weiblichen Blüten auf einer Pflanze befinden. Subdiözische Hanfformen sind durch das Auftreten von diözischen und monözischen Hanfpflanzen im Bestand gekennzeichnet. Unisexuelle Hanfpopulationen, die erstmals in Ungarn entwickelt wurden, setzen sich hauptsächlich aus weiblichen Pflanzen zusammen.

Hanf als strenger Fremdbefruchter und Windbestäuber weist einen hohen Heterozygotiegrad auf, der durch die Zweihäusigkeit noch zusätzlich verstärkt wird. Hanf besitzt  $2n = 2x = 20$  Chromosomen (HIRATA 1928). Das Hanfgenom hat im haploiden Stadium eine durchschnittliche Genomgröße von ungefähr 830 Mbp (SAKAMOTO et al. 1998). Die Zellen der primären Rinde weisen häufig einen tetraploiden Chromosomensatz auf (RIEDEL 2000). Unterschieden werden 9 Autosomenpaare und ein Heterosomenpaar (HIRATA 1928). Beim diözischen Hanf wird das Geschlecht durch das Vorhandensein von Geschlechtschromosomen gesteuert. Das weibliche Geschlecht ist homogametisch vom Typ XX, und das männliche Geschlecht ist heterogametisch vom Typ XY (NEUER und VON SENGBUSCH 1943). Wuchstyp und Blütendetermination bei monözischen Hanfformen werden nach KÖHLER (1961) durch autosomale Gene gesteuert und können demzufolge durch Umweltfaktoren beeinflusst werden. NEUER und VON SENGBUSCH (1943) sowie VON SENGBUSCH (1952) berichteten hingegen von einer polyallelen Vererbung von Geschlecht und Wuchsform, wobei die Abstufungen innerhalb der Monözie über allelomorphe Serien von Geschlechtsrealisatoren gesteuert werden. In den letzten Jahren wurden wiederholt molekularbiologische Studien zur Entwicklung von Markern, die mit dem Geschlecht gekoppelt sind, durchgeführt (SAKAMOTO et al. 1995, MANDOLINO et al. 1999, RIEDEL 2000, FLACHOWSKY et al. 2001, SAKAMOTO et al. 2000, TÖRJÉK et al. 2002, MANDOLINO et al. 2002, FLACHOWSKY 2003, MOLITERNI et al. 2004, RODE et al. 2005). Als Markersysteme kamen RAPDs (random amplified polymorphic DNAs), STS (sequence-tagged sites), SSRs (single sequence repeats) und AFLPs (amplified fragment length polymorphisms) zum Einsatz.

Die epigäische Keimung nach Aussaat der Hanffrüchte findet innerhalb von 3-7 Tagen statt (CLARKE 1998). Frische Hanffrüchte sind fast alle keimfähig, aber mit zunehmendem Alter nimmt die Keimfähigkeit rapide ab (QUIMBY et al. 1973, CLARKE 1998). Die Keimung wird von der Temperatur beeinflusst (VAN DER WERF et al. 1995a, LISSON et al. 2000a). Der Anteil

gekeimter Hanffrüchte lag im Temperaturbereich 1-33°C bei  $78,8 \pm 4,1\%$ . Im Temperaturbereich von 33-54°C nahm der Anteil gekeimter Früchte linear von 79 auf 18% ab (LISSON et al. 2000a). Die minimale Temperatur für die Keimung liegt bei 0°C (VAN DER WERF et al. 1995a).

Unmittelbar nach der Keimung werden oberhalb der Erdoberfläche das 1-10 cm lange Hypokotyl und die stiellosen Kotyledonen sichtbar, welche an der Basis schmaler und an der Spitze abgerundet sind. Der optimale Temperaturbereich für das Streckungswachstum der Radikula und des Hypokotyls liegt nach LISSON et al. (2000a) zwischen 27,3 und 29,8°C. Bei einer Temperatur zwischen 39,9 und 41,3°C findet kein Streckungswachstum mehr statt. Die minimale Temperatur liegt für das Streckungswachstum der Radikula bei 5°C, die des Hypokotyls wurde bei 1,4°C ermittelt (LISSON et al. 2000a).

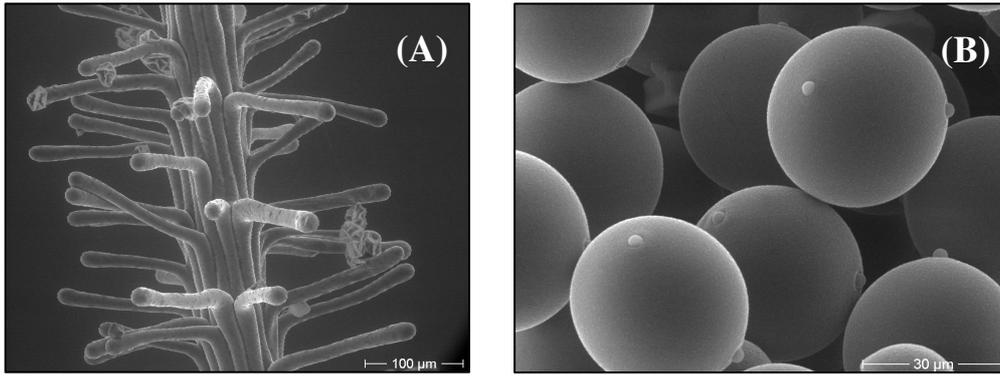
Oberhalb der Kotyledonen erscheinen die ersten sich gegenüberstehenden Primärblätter, welche einen Blattstiel aufweisen und aus einem einzigen Blättchen bestehen. Zu Beginn der vegetativen Phase wächst die Hanfpflanze bis zum fünften gegenständig ausgebildetem Blattpaar durch die Bildung kurzer Internodien zunächst langsam und die Anzahl der Einzelblätter der Blattpaare nimmt zu (MEDIIVILLA et al. 1998). Nach Einsetzen des Streckungswachstums des Stängels werden die Internodien länger. Während des vegetativen Wachstums können sieben bis 12 Blattpaare gebildet werden (MEDIIVILLA et al. 1998). Die nachfolgenden Blattpaare können bis zu 13 Blattnerven entwickeln (VAN DER WERF 1994). LISSON et al. (2000c) beobachteten, dass die Blattflächen pro Nodien zunächst linear bis zur Nodienzahl 5 zunahmten, dann konstant blieben und zwischen dem 10. und 12. Nodien linear abnahmen. Zwischen den heranwachsenden Hanfpflanzen herrscht eine starke Konkurrenz um die vorhandenen Ressourcen, schwächere Pflanzen werden unterdrückt, sterben ab oder bilden den so genannten Unterhanf (HOFFMANN 1961). Dieser Ausdünnungseffekt ist umso intensiver, je stärker die Aussaatdichten und je höher die N-Gaben sind (VAN DER WERF 1994, VAN DER WERF et al. 1995b, MENGE-HARTMANN und HÖPPNER 1995, RANALLI 2004).

Mit Beginn der Blüte der Hanfpflanze verändert sich die Phyllotaxie (Blattstellung) von gegenständig zu wechselständig. Das Längenwachstum wird im Wesentlichen eingestellt (HÖPPNER und MENGE-HARTMANN 1994). Ferner nimmt die Anzahl der Einzelblätter ab. In den Blattachsen am Ansatzpunkt der Blattstiele der Nodien des Hauptsprosses sind zunächst undifferenzierte Primordia (Blütenanlagen) erkennbar, die sich zu männlichen oder weiblichen Blüten entwickeln. MOLITERNI et al. (2004) konnten mikroskopisch bereits 50-60 Tage nach der Keimung den Beginn der sexuellen Differenzierung beobachten.

Männliche Pflanzen gehen bis zu einem Monat schneller in Blüte als die weiblichen Pflanzen. Die männlichen Infloreszenzen sind stark verzweigt mit wenig oder gar keinen Blättern, während die weiblichen Infloreszenzen belaubt, stämmig und unverzweigt sind (VAN DER WERF 1994).

Hanf wird zu den quantitativen Kurztagspflanzen gezählt. Der Zeitpunkt des Beginns der generativen Phase ist neben der Photoperiode von dem Entwicklungsstatus der Pflanzen und der Temperatur abhängig (LISSON et al. 2000b). Die Zeit, die eine Pflanze vom Auflaufen bis zur Blüte benötigt, und die in dieser Phase herrschende Temperatur werden häufig zu einer Temperatursumme (Gradtage, °Cd) zusammengezogen. Bei einer Tageslichtdauer von 7 – 14 h waren bei den Sorten 'Kompolti' und 'Futura 77' etwa 400°Cd zur Blüteninduktion notwendig. Bei Tageslängen von 15 bzw. 16 h benötigten die Pflanzen ca. 650 bzw. 900°Cd, um zur Blüte zu gelangen (LISSON et al. 2000b).

Hanf ist durch einen stark ausgeprägten Geschlechtsdimorphismus gekennzeichnet (HOFFMANN et al. 1985). Die unscheinbaren weiblichen Blüten erscheinen mit zwei langen, weißen, gelben oder rosafarbenen Narben (**Abbildung 1 (A)**), die aus der Hülle eines dünnwandigen, grünen, perigonales Deckblattes herausragen (Blütenformel:  $\text{Ca}_5\text{Co}_0\text{A}_0\text{G}_{(2)}$ ). Das den einsamigen Fruchtknoten vollständig umschließende Deckblatt ist von den Harz absondernden Drüsenhaaren bedeckt. Weibliche Blüten werden paarweise an den Blattknoten gebildet. Bei verspäteter Befruchtung oder Pollenmangel bilden die weiblichen Pflanzen große Mengen an neuen Blüten aus (MEIER und MEDIAVILLA 1998). Die Narben können unter diesen Umständen 10-20 mm lang werden (BÓCSA und KARUS 1997). Eine weibliche Pflanze besitzt unzählige Blüten in unterschiedlichen Entwicklungsstadien, was zu einer ungleichmäßigen Abreife der Hanffrüchte führt (MEDIAVILLA et al. 1998). Bei den männlichen Blüten setzt sich der Blütenkelch aus fünf Kelchblättern, die etwa 5 Millimeter lang und gelb, weiß oder grün sind, zusammen (Blütenformel:  $\text{Ca}_5\text{Co}_0\text{A}_5\text{G}_0$ ). Die äußere Oberfläche der Kelchblätter ist mit Trichomen bedeckt. Sie hängen nach unten und geben fünf an dünnen Filamenten hängende Stamina frei, welche aus Antheren bestehen, die von der herabhängenden Spitze nach oben aufreißen und den Pollen frei geben. Die Pollenkörner sind rund, hellgelb und haben einen Durchmesser von 25-35 µm. Die Oberfläche ist glatt. Auf ihr sind zwei bis vier Aperturen (Keimporen) erkennbar (CLARKE 1998) (**Abbildung 1 (B)**). Die männlichen Hanfpflanzen gehören zu den pollenreichsten landwirtschaftlichen Kulturpflanzen (BÓCSA 2000). Kurz nach der Dehiszenz (Pollenfreisetzung) stirbt die männliche Pflanze ab. Die weiblichen Pflanzen leben 3-5 Wochen länger als die männlichen Pflanzen (VAN DER WERF 1994). Nach der Bestäubung fallen die Narben ab und das Perigon schwillt infolge der



**Abbildung 1:** Hanfnarbe, bestäubt mit Hanfpollen der Drogenhanfsorte ‘Northern Light’ (A) und Hanfpollenkörner der Genbankherkunft GB16 (B)

Vergrößerung des Ovulums an. Die Blütenstruktur des monözischen Hanfes weicht von der des diözischen Hanfes nicht ab. Die männlichen Blüten sind häufig an den Achsen der primären Seitentriebe lokalisiert, während sich die weiblichen Blütenstände oft an der Spitze der Verzweigungen befinden (BÓCSA und KARUS 1997). Nach HOFFMANN et al. (1985) werden vielfach Abweichungen in der Blütenverteilung beobachtet. Sie unterscheiden unterschiedliche Geschlechtstypen in Abhängigkeit von der Blütenausbildung und der Wuchsform. Die Hanfrüchte reifen innerhalb von 3-4 Wochen heran (MEDIÁVILLA et al. 1998). Die Früchte der Hanfpflanzen sind Nussfrüchte, bei denen alle drei Perikarpschichten zu einer harten Schale verholzt sind und jeweils einen einzigen Samen umschließen (FRANKE 1997). Die Früchte sind etwas abgeflacht, haben eine rundlich oder ovale Form und sind bis 6 mm lang und 2-4 mm breit (VAN DER WERF 1994). Das Tausendkorngewicht variiert von 16-26 g (HOFFMANN et al. 1985). Die Fruchtschale ist hellgrau bis braun und erscheint durch den farbigen Abdruck der Blatthüllen oft marmoriert. Die Aussaat der Hanfrüchte erfolgt in Deutschland in den Monaten April und Mai (BUNDESSORTENAMT 1999).

## 2.2 Die Hanfpflanze als Faserlieferant

Die Hanfpflanze kann eine Höhe von 1-4 m erreichen. Der Stängel der anfangs krautig wachsenden Hanfpflanze verholzt während des Wachstums. Seine Stabilität verdankt er dem eingelagerten Festigungsgewebe. Zu den pflanzlichen Festigungsgeweben gehört das Sklerenchym (SITTE et al. 1991). Es besteht aus sehr dickwandigen, englumigen Zellen und tritt nur in ausgewachsenen Pflanzenteilen auf. Bei Hanf können diese Sklerenchymstränge bis zu 2 m lang werden (BICKEL-SANDKÖTTER 2001). Hanf besitzt drei verschiedene Arten von Fasern: Holzfasern sowie primäre (Langfasern) und sekundäre (Kurzfasern) Bastfasern. Die ligninreichen Holzfasern werden vom Kambiumgewebe nach innen differenziert (0,5-0,6 mm lang) und bilden den Holzteil des Stängels. Die primären, in Bündelkomplexen von 2-20 vorliegenden und bis zu 50 mm langen Bastfasern werden nach außen angelegt (VAN DER WERF et al. 1994b, TOONEN et al. 2004). Im unteren Stängelteil können mehrere Bastfaserringe gebildet werden, die die Standfestigkeit der Pflanzen zusätzlich unterstützen sollen (DIEPENBROCK et al. 1999, MEDIAVILLA et al. 2001, VAN DER WERF et al. 1995b). Diese später, meist nach der Blüteninduktion gebildeten sekundären Bastfaserbündel sind im Gegensatz zu den primären Bastfaserbündeln durch einen kleineren Durchmesser, eine geringere Länge der Einzelfasern (2 mm), dickere Zellwände sowie erhöhte Ligningehalte gekennzeichnet (HOFFMANN 1961). Sie haben einen negativen Einfluss auf die Bastfaserqualität bei der Verarbeitung in der Textilindustrie und bei der Papierherstellung (HOFFMANN 1961, VAN DER WERF et al. 1994b).

Die Hanffasern bestehen hauptsächlich aus Cellulosen, Hemicellulosen und Lignin (BICKEL-SANDKÖTTER 2001). Auf Grund des Ligningehaltes sind die Hanffasern zwar weniger elastisch, aber auch dauerhafter als alle anderen Pflanzenfasern (BICKEL-SANDKÖTTER 2001). Im Gegensatz zu Mineralfasern weisen Pflanzenfasern in ihren physikalischen Eigenschaften eine hohe Variabilität auf (DIEPENBROCK et al. 2002). Neben Jahres- und Umwelteinflüssen ist in der Zusammensetzung der Hanfbestände aus unterschiedlichen Fraktionen (Oberhanf, Unterhanf, weibliche, männliche und monözische Pflanzen) ein Grund für die Variabilität der Fasereigenschaften von Hanf zu sehen.

Über den Vererbungsmodus ist nach BREDEMANN (1952) bekannt, dass sich ein hoher Fasergehalt weitgehend dominant vererbt, wobei mehrere Faktoren additiv wirken. Ein hoher Anteil an Primärbündeln wird nach BREDEMANN et al. (1961) rezessiv, ein hoher Anteil an Sekundärbast dagegen dominant durch mehrere Faktoren vererbt. Und auch die Faserqualität resultiert aus dem Zusammenwirken einer Vielzahl von Genen.

Zwischen den verschiedenen Geschlechtstypen von Hanfpflanzen gibt es hinsichtlich Anatomie und Dynamik der Faserentwicklung Unterschiede. Bei den weiblichen Pflanzen kommt es zu einer früheren Bildung der sekundären Bastfasern (MEDIIVILLA et al. 2001). Sie haben auf Grund ihrer längeren Lebensdauer dickere und festere elementare Faserzellen (HOFFMANN 1961, BÓCSA und KARUS 1997). Die männlichen Pflanzen entwickeln im Vergleich zu den weiblichen Pflanzen mit zunehmender Vegetationszeit mehr primäre und weniger sekundäre Fasern (HOFFMANN 1961, BÓCSA und KARUS 1997) und weisen daher oft einen höheren Fasergehalt und eine verbesserte Faserqualität auf (HÖPPNER und MENGE-HARTMANN 1994, MEDIIVILLA et al. 2001). Die monözischen Hanfsorten scheinen im Vergleich zu den diözischen Hanfsorten, insbesondere zu deren männlichen Pflanzen, durch niedrigere Fasergehalte gekennzeichnet zu sein. Dies wurde von HORKAY und BÓCSA (1997) bei der monözischen Sorte 'Fibrimon 21' im Vergleich zu den weiblichen und männlichen Pflanzen der diözischen Sorte 'Kompolti' beobachtet. Im Wuchs und in der Faserdynamik der monözischen Sorte postulierten sie als auch MEDIIVILLA et al. (2001) Ähnlichkeiten zu denen der weiblichen Pflanzen. HÖPPNER und MENGE-HARTMANN (1994) kamen bei einem Vergleich der Fasergehalte der Sorte 'Kompolti' mit der monözischen Sorte 'Félina 34' zu einer ähnlichen Aussage. Diese Tendenz konnte auch von SANKARI (2000) bestätigt werden.

Der größte Zuwachs an Fasern findet in der vegetativen Wachstumsphase statt. Er verringert sich während der Blühzeit und im Stadium der Seneszenz (MEDIIVILLA et al. 2001, BÓCSA und KARUS 1997). Fasereigenschaften wie Reißfestigkeit, Elastizität, Durchmesser, chemische Zusammensetzung und Homogenität werden auch vom Erntezeitpunkt der Pflanzen bestimmt (MEDIIVILLA et al. 2001). Für die optimale Faserqualität und -quantität (die so genannte „technische Reife“) sollte die Ernte zum Zeitpunkt der männlichen Blüte (50% aller männlichen Pflanzen blühen) oder der Blüte der einhäusigen Formen (50% aller monözischen Pflanzen blühen) stattfinden (BÓCSA und KARUS 1997, MEDIIVILLA et al. 1998). MEDIIVILLA et al. (2001) beobachteten maximale Stängel- und Basterträge zum Ende der männlichen Blüte und während des Höhepunktes der weiblichen Blüte. Eine Ernte während des vegetativen Wachstums bis zum frühen Beginn der Blüte ist von Vorteil, um gut voneinander getrennte und glatte Einzelfasern zu gewinnen, was wahrscheinlich bedingt wird durch den zu diesem Stadium geringeren Ligninanteil der Rinde (STRUİK et al. 2000, KELLER et al. 2001). In diesem Stadium dominieren die primären Bastfasern (MEDIIVILLA et al. 2001). Auch der Fasergehalt innerhalb des Stängels variiert. So befinden sich 54% der Fasern

im unteren Drittel der Stängel, 34% im mittleren Teil und 12% im oberen Drittel (MEDIÁVILLA et al. 2001).

Der Bastfasergehalt der Stängel wird neben dem Entwicklungsstadium der Hanfpflanzen zum Zeitpunkt der Ernte auch vom Genotyp der Pflanze, von der Pflanzendichte und von dem Nährstoffangebot während des vegetativen Wachstums mehr oder weniger beeinflusst (HÖPPNER und MENGE-HARTMANN 1994, VAN DER WERF 1994, CROMACK 1998a). Die Fasermenge einer Pflanze wird in erster Linie von der Stängellänge bestimmt und ist daher auch abhängig von den Anbaubedingungen wie Stickstoffdüngung und Pflanzenbestand (HOFFMANN et al. 1985) sowie der Dauer der vegetativen Phase (HOFFMANN 1961). Die Fasergehalte wurden in einer Untersuchung von HÖPPNER und MENGE-HARTMANN (1994) weder durch die Bestandesdichte noch durch die Stickstoffgaben signifikant beeinflusst. STRUIK et al. (2000) beobachteten ebenfalls nur einen geringen Effekt von Stickstoff auf den Ertrag. In Ungarn konnten IVONYI et al. (1997) jedoch einen klaren Anstieg des Ertrages mit zunehmender Stickstoffdüngung (Maximum bei 80 und 160 kg/ha) feststellen. Unter dem Einfluss einer höheren Stickstoffdüngung (bis zu einer Stickstoffgabe von 120 kg N/ha) und einer niedrigen Bestandesdichte ermittelten MENGE-HARTMANN und HÖPPNER (1995) größere Primärfaserdurchmesser, dünnere Primärfaserzellwände und eine Verringerung der Faserfüllung. VAN DER WERF (1994) beobachtete bei einer Stickstoffdüngung von 80 kg/ha einen Stängelertrag von 10,4 t/ha und 11,3 t/ha bei einer Stickstoffdüngung von 200 kg/ha. Der Bastanteil der Stängel lag mit 80 kg N/ha bei 35,6% sowie mit 200 kg N/ha bei 34%. Dieses Ergebnis ist darauf zurückzuführen, dass sich das Verhältnis von Pflanzenhöhe zum Stängeldurchmesser verändert (VAN DER WERF 1995b). Außerdem lag der Pflanzenbestand bei 80 kg/ha N bei 129 Pflanzen/m<sup>2</sup> und lediglich bei 92 Pflanzen/m<sup>2</sup> bei Stickstoffgaben von 200 kg/ha N. Höhere Stickstoffgaben scheinen den Selbstausdünnungseffekt zu fördern (RANALLI 2004). Nach VAN DER WERF (1995b) beeinflussen genetische Faktoren den Bastgehalt des Stängels im Vergleich zur Pflanzendichte stärker. Auch CROMACK (1998a) konnte dies bestätigen. Nach einer chemischer Analyse der Stängel folgerte er, dass die Veränderungen der Bastfasergehalte im Stängel eher auf die genetischen Unterschiede zwischen den untersuchten Genotypen als auf die Bestandesdichte zurückzuführen sei. Die Beobachtung, dass mit steigendem Stängeldurchmesser der Bastfasergehalt abnimmt, scheint nach SANKARI (2000) für den Bastfasergehalt diözischer Sorten stärker zuzutreffen als für den der monözischen Sorten. Letzterer scheint auf Schwankungen des Stängeldurchmessers weniger empfindlich zu reagieren.

Die Trennung der Bastfasern vom Holzkern des Stängels kann auf verschiedene Art und Weise erfolgen. BILCESCU (1965) entwickelte ein chemisches Verfahren, wobei die Stängel in einer Natriumhydroxydlösung gekocht werden. Hierbei werden die Bastfasern vollständig von den Holzfasern getrennt. Beim mechanischen Faseraufschluss durchlaufen die Hanfstängel mehrmals rotierende Walzen, wobei die Stängel durchbrochen werden (KELLER et al. 2001). Die Holzfasern lösen sich dann in Form von Schäben von den Bastfasern ab.

Um den mechanischen Faseraufschluss zu erleichtern, verbleiben die Pflanzen nach der Ernte einige Zeit auf dem Feld (so genannte Rotte/Röste). Die faserverkittenden Substanzen, vor allem Pektine und Lignine, werden während der Röste durch die auf den Pflanzen und im Boden natürlich vorkommenden Mikroorganismen teilweise aufgelöst und abgebaut, so dass die Bestandteile des Stängels mehr oder weniger aufgelöst in einzelnen Fraktionen vorliegen (TAMBURINI et al. 2004). HOBSON et al. (2001) konnten in mechanisch isolierten ungerösteten Hanffasern im Vergleich zu gerösteten keine Qualitätsunterschiede feststellen. Die ungerösteten Hanffasern hatten einen niedrigeren pilzlichen Besatz und eine hellere Farbe. Allerdings waren die Fasern gröber als die der gerösteten Hanffasern und wiesen einen größeren Anteil an Verunreinigungen auf. DIEPENBROCK et al. (2002) erwarteten je nach dem verwendeten Faserisolierungsverfahren und dem Aufschlussgrad durch die Tauröste variierende Fasereigenschaften. Nach MÜSSIG und MARTENS (1998) werden die Hanffaserqualität sowie die -ausbeute auch durch die Röste und durch das jeweilig eingesetzte Beerntungs- und Bergungsverfahren beeinflusst. Eine notwendige Voraussetzung für die Anwendung von Pflanzenfasern in technischen Produkten ist die Reproduzierbarkeit von beschreibbaren Qualitäten (BONATTI et al. 2004). Bei den Qualitätseigenschaften (Fasergehalt, Faserfeinheit und Faserfestigkeit) ist nach MÜSSIG und MARTENS (1998) eine Minimierung der Varianz durch entsprechende Sortenwahl sowie durch die Optimierung der Bestandesdichte und der Düngung zu erreichen.

70-80% der in der EU gewonnenen Hanffasern werden in der Zellstoff- und Papierindustrie verarbeitet, in der Automobilindustrie (ca. 15%) und in der Baubranche (ca. 5%) werden sie hauptsächlich als Dämmstoffe nachgefragt. Die bei der Faserisolierung gewonnenen Hanfschäben werden hauptsächlich als Tiereinstreu vermarktet. Einen Überblick über aktuelle Nutzungsmöglichkeiten von Hanf geben KARUS und VOGT (2004).

### 2.3 Hanföl

Die Samenproduktion bei Hanf wurde als zweitrangiges Ziel der Züchtungsarbeiten der europäischen Hanfzüchter betrachtet und diente hauptsächlich zur Bereitstellung von Saatgut für die folgenden Anbaujahre (PRZYTYK 1999). Eine gezielte Züchtung in den getrennten Produktionsrichtungen „Öl“ und „Faser“, wie sie vergleichsweise bei Lein vorgenommen wurde, hat bei Hanf bisher nicht stattgefunden (HOFFMANN et al. 1985). In Finnland wurde aus Genbankmaterial des Vavilov Research Institute (VIR) in St. Petersburg eine frühreifende, THC-arme Linie speziell für die Körnerproduktion selektiert. Zunächst erhielt die diözische, frost- (bis  $-5^{\circ}\text{C}$ ) als auch trockentolerante sowie kaum verzweigte Linie den Namen 'FIN-314', mittlerweile ist sie als Sorte unter dem Namen 'Finola' zugelassen. Ihr Anbau ist seit 2004 in der EU erlaubt; in Kanada darf sie bereits seit 1998 angebaut werden (CALLAWAY 2004). Die Sorte zeichnet sich durch eine kurze vegetative Phase aus, bereits 21 Tage nach Aussaat sind männliche Blüten erkennbar (CALLAWAY und LAAKKONEN 1996). Fasergehalte und Fasererträge sind infolge der kurzen Wachstumsphase sehr gering, die Stängel weisen aber einen hohen Anteil an den hochwertigen primären Bastfasern auf (CALLAWAY 2004). Die Pflanzen reifen innerhalb von 85-90 Tagen vollständig ab und können auf  $45^{\circ}$  südlicher Breite eine Höhe von 80 bis 100 cm erreichen (PRZYTYK 1999). Unter guten Anbaubedingungen wurden Körnererträge von über 2000 kg/ha beobachtet; der Ölgehalt der Hanffrüchte beläuft sich auf 37% (CALLAWAY et al. 1997, CALLAWAY 2004). Nach DEFERNE und PATE (1996) sollte eine ideale Sorte für den Samenhanfanbau einen verzweigten Habitus aufweisen, einen hohen Samenertrag pro Hektar und einen hohen Prozentsatz an qualitativ hochwertigem Öl liefern. Höchste Samenerträge von bis zu 1-1,5 t pro Hektar sind zur Zeit auch mit unisexuellen Sorten zu erreichen (WATSON und CLARKE 1997, BÓCSA 2001). Bei der Kombinationsnutzung „Faser“ und „Öl“ sind maximale Kornerträge von 0,5 t/ha zu erzielen, wobei sich die diözischen Sorten auf Grund ihres hohen Anteiles an männlichen Pflanzen als nicht effektiv erwiesen haben (HÖPPNER und MENGE-HARTMANN 1996b). MATHIEU (1980) beobachtete beim Anbau monözischer Sorten einen Anstieg des Samenertrages auf 1,5 t/ha, normalerweise werden aber geringere Samenerträge erwartet (HÖPPNER und MENGE-HARTMANN 1994). Für maximale Samenerträge ist im Vergleich zur Fasernutzung eine geringere Aussaatdichte notwendig, wobei dann aber verstärkt mit einem Auftreten von Unkräutern zu rechnen ist (DEFERNE und PATE 1996).

Um unter mitteleuropäischen Klimaverhältnissen akzeptable Samenerträge zu erzielen, sind frühblühende und somit früher reifende Hanfsorten mit geringer Wuchshöhe von Bedeutung. Diese können dann eine zeitige Ernte und eine gute Ölqualität gewährleisten (HÖPPNER und

MENGE-HARTMANN 1996b). Schwierig ist die Bestimmung des optimalen Erntetermines, da die Hanffrüchte sehr ungleichmäßig abreifen (DEFERNE und PATE 1996). Besonders bei der Kombinationsnutzung werden viele unreife Früchte geerntet. Im Öl von unreif geernteten Hanffrüchten sind die ungesättigten Fettsäuren nur unzureichend ausgebildet (DEFERNE und PATE 1996, MÖLLEKEN und THEIMER 2000).

Fette und Öle sind unpolare und somit wasserunlösliche Speicherstoffe, die als Zwischenlager von Energie und Kohlenstoff fungieren. Sie können in Form von Oleosomen im Cytoplasma von Cotyledonen oder vom Endosperm vieler Samen gespeichert werden (SITTE et al. 1991, JACOB et al. 1994). Fette und Öle sind Triester des Glycerins (1,2,3-Propantriol) mit langkettigen, gesättigten oder ungesättigten Carbonsäuren. Durch Hydrolyse entstehen die entsprechenden Fettsäuren (VOLLHARDT 1990). Fette sind bei Raumtemperatur fest, während Öle auf Grund ihres höheren Anteiles an ungesättigten Fettsäuren bei gleichen Bedingungen eine flüssige Konsistenz haben. Je höher dieser Anteil ist, desto flüssiger ist das entsprechende Öl (VOLLHARDT 1990). Sie neigen auf Grund ihrer instabilen Struktur zur Oxidation mit Luftsauerstoff, was zu einer schnellen Ungenießbarkeit des Öles führt. Besonders die ungesättigten Fettsäuren Öl-, Linol- und Linolensäure sind davon betroffen (SCHWEDT 1999).

Der in der Literatur angegebene Ölgehalt von Hanffrüchten variiert von 25 bis 38% (HOFFMANN et al. 1985, DEFERNE und PATE 1996, KUHN et al. 1997, MÖLLEKEN 1999, KLEIN 1999c, MATTHÄUS et al. 2002, KRIESE et al. 2004, MATTHÄUS et al. 2005). Es wird davon ausgegangen, dass der Ölgehalt, unabhängig von der Kulturpflanze, durch das Zusammenwirken vieler Minorgene bestimmt wird (ECKE et al. 1995, WEIBLEDER 1996). Der Einfluss lokaler Umweltbedingungen auf den Ölgehalt und auf die Ölzusammensetzung von Hanffrüchten ist bisher noch nicht ausreichend untersucht worden. Nach DIEPENBROCK et al. (1999) wird der Ölgehalt bzw. das Fettsäurespektrum von Ölfrüchten hauptsächlich durch Stickstoff und die Temperatur beeinflusst. Mit zunehmendem Stickstoffangebot nimmt der Ölgehalt der Samen/Früchte ab. Eine erhöhte Stickstoffdüngung fördert allerdings durch die Steigerung der Ertragsleistung die Ölmenge je Flächeneinheit. Es ist bekannt, dass der Breitengrad des Anbaugesbietes den Sättigungsgrad der Fettsäuren anderer ölliefernder Pflanzen beeinflusst (CALLAWAY et al. 1997, SCHILLING 2000). CALLAWAY und LAAKKONEN (1996) postulierten eine Korrelation zwischen dem Breitengrad und dem Auftreten ungesättigter Fettsäuren im Öl. Bei einem Vergleich der relativen Fettsäurezusammensetzung verschiedener Hanföle unterschiedlicher geographischer Regionen lassen sich repräsentative globale Unterschiede feststellen (MÖLLEKEN und THEIMER 1997). Der Anteil an

Palmitinsäure (16:0) war in den aus Westeuropa stammenden Sorten niedriger (6,56%) als in den aus Kolumbien stammenden Hanfformen (10,92%). Die größten Abweichungen waren im  $\gamma$ -Linolensäuregehalt (18:3) feststellbar. Hanfformen aus Südamerika und Afrika hatten niedrigere Gehalte an  $\gamma$ -Linolensäure (0,34% Afrika, 0,64% Südamerika) als Hanfsorten aus türkischem und deutschem Ursprungsgebiet (2,52% Türkei, 4,25% Deutschland). SCHILLING (2000) und DIEPENBROCK et al. (1999) berichteten von einem Anstieg des Anteils der ungesättigten Fettsäuren am Gesamtfettsäuremuster bei niedrigen Temperaturen. Möglicherweise hat im Laufe der Evolution in den nördlichen Breiten eine Selektion stattgefunden, wobei Hanfformen mit einem höheren Energiewert pro Molekül oder/und einer höheren Mobilität des in den Hanffrüchten lokalisierten Öles (niedriger Schmelzpunkt) bei niedrigen Temperaturen positiv selektiert wurden (DEFERNE und PATE 1996, CALLAWAY et al. 1997, DIEPENBROCK et al. 1999).

Hanföl kann aus ganzen Hanffrüchten und aus Hanffrüchten ohne Fruchtschale (geschälte Hanffrüchte) gewonnen werden (MÜNZING et al. 1999). Die Fettsäurezusammensetzung des Öles wird nicht durch den Schälprozess beeinflusst (MÖLLEKEN und THEIMER 1997). Das Fettsäuremuster von Hanföl ist durch einen hohen Anteil an einfach und mehrfach ungesättigten Fettsäuren, die insgesamt zwischen 80-90% ausmachen, gekennzeichnet (MÖLLEKEN 1999). Es zeichnet sich durch einen hohen Gehalt an den essentiellen Fettsäuren Linolsäure (18:2, Omega-6) mit 46-60% und Linolensäure mit 14-28% aus, wobei Linolensäure als  $\alpha$ -Linolensäure (18:3, Omega-3) und  $\gamma$ -Linolensäure (18:3, Omega-6) vorliegt (KLEIN 1999a, c). Ebenfalls im Hanföl vorhanden ist die selten vorkommende, vierfach ungesättigte Stearidonsäure (cis-6,9,12,15-octadecatetraenoic acid, Omega-3).

Essentielle Fettsäuren können im menschlichen Organismus nicht synthetisiert werden und müssen täglich mit der Nahrung aufgenommen werden (DEFERNE und PATE 1996). Sie dienen nicht ausschließlich der Energielieferung, sondern sind hauptsächlich Ausgangsstoffe für die Bildung von Zellstrukturen und Vorläufer für die Biosynthese vieler Hormone, wie z. B. der Prostaglandine (CALLAWAY et al. 1997, CALLAWAY 2004). Die Prostaglandine sind hochwirksame funktionsregulierende Gewebshormone in allen Organen, Geweben und Zellen. Sie regulieren die Blutgerinnung sowie Entzündungsprozesse im Körper und spielen bei der Entwicklung der Gehirnfunktion und der Immunabwehr eine wichtige Rolle. Es gibt zwei voneinander getrennte Wege für den Stoffwechsel der  $\omega$ -6 und  $\omega$ -3 Fettsäuren (DE JAGER 2002). Die Prostaglandine der ersten und zweiten Serie werden aus Linolsäure ( $\omega$ -6) mit  $\gamma$ -Linolensäure ( $\omega$ -6) als obligatem Zwischenprodukt ausgebildet. Aus  $\alpha$ -Linolensäure ( $\omega$ -3), mit Stearidonsäure ( $\omega$ -6) als Zwischenprodukt, entstehen die Prostaglandine der dritten

Serie. Auf Grund eines Enzymdefektes der Delta-6-Desaturase können bei einigen Menschen diese Synthesewege gestört sein.  $\gamma$ -Linolensäure und Stearidonsäure müssen dann dem Organismus oral zugeführt werden. Das Verhältnis von Linolsäure zu  $\alpha$ -Linolensäure spielt für den ungestörten Ablauf der Hormonsynthesen eine entscheidende Rolle. Diese beiden Fettsäuren benötigen in einigen Schritten der beiden getrennten Stoffwechselwege die gleichen Enzyme (DE JAGER 2002). Eine zu hohe Linolsäureaufnahme begünstigt oxidative Prozesse im Organismus, was zu einer Schädigung der Erbsubstanz führen kann (JAHREIS und HILLER 2002). Das Verhältnis von  $\omega$ -6 zu  $\omega$ -3 sollte daher aus ernährungsphysiologischer Sicht zwischen 5:1 und 10:1 betragen (WHO & FAO 1995, JAHREIS und HILLER 2002).

Bedingt durch den hohen Anteil an reaktionsfreudigen ungesättigten Fettsäuren ist der Tocopherolgehalt (Vitamin E) des Hanföles entsprechend hoch (KERSCHBAUM und SCHWEIGER 2001). Tocopherole gehören zu den nur in höheren Pflanzen synthetisierten phenolischen Verbindungen und wirken als Vitamin E. Sie kommen in den Samen von Ölpflanzen, in Blättern und anderen grünen Pflanzenteilen als  $\alpha$ -,  $\beta$ -,  $\gamma$ - und  $\delta$ - Tocopherol mit entsprechenden Vorstufen (z. B. Plastochromanol-8) vor (KAMAL-ELDIN und APPELQVIST 1996).  $\alpha$ -Tocopherol befindet sich hauptsächlich in den Chloroplasten der Pflanzenzellen, während  $\beta$ -,  $\gamma$ - und  $\delta$ -Tocopherole außerhalb dieser Organellen vorliegen (KAMAL-ELDIN und APPELQVIST 1996). Die Tocopherole fungieren als Antioxidantien und verhindern die Oxidation ungesättigter Fettsäuren mit Luftsauerstoff (STAUFFER 1996, MÖLLEKEN 1999). Ihre antioxidative Aktivität nimmt bei niedrigen bis mittleren Temperaturen in folgender Reihenfolge ab:  $\alpha > \beta > \gamma > \delta$  (KAMAL-ELDIN und APPELQVIST 1996).  $\alpha$ -Tocopherol ist im Metabolismus der Menschen das wichtigste Antioxidanz (ROTH und KORMANN 2000). Das dominierende  $\gamma$ -Tocopherol bestimmt mit bis zu 94% die Tocopherolstruktur im Hanföl, gefolgt von dem biologisch aktiverem  $\alpha$ -Tocopherol mit einem Anteil von knapp 6% (KLEIN 1999b, c). Plastochromanol-8 ist ein mit den Tocopherolen verwandtes Chromanol-6-Derivat und besitzt ebenfalls antioxidative Eigenschaften (OLEJNIK et al. 1997).

Von besonderer Bedeutung ist, ob im Hanföl  $\Delta^9$ -Tetrahydrocannabinol (THC), welches für die psychoaktive Wirkung von Hanf verantwortlich ist, vorkommt. Zur Bestimmung von THC in Hanföl wurden verschiedene Methoden beschrieben (MÖLLEKEN und HUSMANN 1997, BOESS et al. 2000, ZOLLER et al. 2000). Nach MÖLLEKEN und HUSMANN (1997) war THC innerhalb der Hanffrucht nicht nachweisbar. Aber Spuren von THC können sich außen an der Fruchtschale befinden. Sofern THC in Hanfölen festgestellt wird, muss davon ausgegangen werden, dass dieser durch den THC-Gehalt anhaftender Hüllblätter, die im technischen Gewinnungsprozess nicht vollständig entfernt wurden, verursacht wurde (MÖLLEKEN und

HUSMANN 1997, CALLAWAY 2004). Durch das Entfernen der Fruchtschale der Hanffrüchte (Schälen der Samen) können Randschichtkontaminationen vermieden werden (MÜNZING et al. 1999).

Der Ölgehalt kann mit verschiedenen Methoden ermittelt werden. Zur Ermöglichung einer weltweiten Vergleichbarkeit der Analysenergebnisse wurden verschiedene Standardmethoden zur Bestimmung des Ölgehaltes bei Ölsaaten entwickelt (ISO 1988, AOCS 1993, FOSFA 1998, DGF 2001). Viele dieser Methoden basieren auf dem 1939 von Franz von Soxhlet entwickelten Extraktionsapparat. Die Extraktion von Fett aus festem Material erfolgt durch wiederholtes Waschen mit organischen Lösungsmitteln, gewöhnlich Petroleumäther oder Hexan, in Verbindung mit einer gravimetrischen Bestimmung. Diese Methoden sind jedoch durch eine lange Versuchsdauer und eine große Menge an notwendigen organischen Lösungsmitteln gekennzeichnet. Andere Methoden zur Ölbestimmung sind: supercritical fluid extraction (SFE) (AOCS), nuclear magnetic resonance (NMR) (DGF, ISO, AOCS), near-infrared spectroscopy (NIR) (AOCS) und near-infrared reflectance spectroscopy (NIRS) (VELASCO et al. 1999). Mit NMR, NIR und NIRS ist eine sehr schnelle Bestimmung des Ölgehaltes in Ölsaaten möglich, ohne die Saaten zu zerstören. Diese Methoden benötigen aber eine exakte Kalibrierung der Geräte (Eichkurve). Das SFE-Verfahren zur Bestimmung des Ölgehaltes mit CO<sub>2</sub> als polares Lösungsmittel wurde zunächst nur bei Lebensmitteln angewendet (BIRKELBACH und MÜLLER 2001). Mittlerweile hat es sich aber auch bei vielen Ölsaaten, wie z. B. Flachs, Canola und Sonnenblume, als zeitsparendes aber auch umweltverträgliches Verfahren zur Ölgehaltsbestimmung etabliert (BRÜHL und MATTHÄUS 1999, BOZAN und TEMELLI 2002, BARTHET und DAUN 2002). Des Weiteren existieren alternative, erst in den letzten Jahren entwickelte Extraktionsverfahren. Beispielsweise verwendeten RASIG et al. (1999) den Feststoffextraktor „fexIKA 200 control“ zur Extraktion von Rohfett aus Hanfsaaten. OOMAH et al. (2002) bestimmten den Ölgehalt von Hanfsamen der Sorte ‘Fasamo’ mit Hilfe von Mikrowellen.

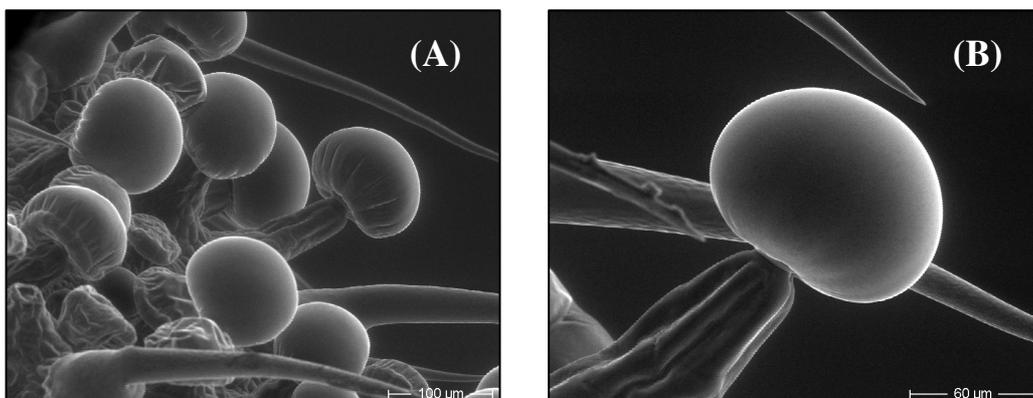
Eine kommerzielle Ölgewinnung kann heute durch das Auspressen der Ölsaaten oder durch das Extrahieren mit fettlöslichen Flüssigkeiten oft in Verbindung mit hohen Temperaturen durchgeführt werden (ROTH und KORMANN 2000). DEFERNE und PATE (1996) befürworteten trotz der im Vergleich zur Extraktion geringeren Ölausbeute eine Kaltpressung der Hanffrüchte mittels einer Schnecken- oder Schraubenpresse, da durch die schonende Pressung die Abbauprozesse im Öl minimiert werden.

Die Verwendungsmöglichkeiten von Hanföl sind vielfältig (CALLAWAY 2004). Auf Grund seiner Inhaltsstoffe gilt es als wertvolles Speiseöl für die menschliche Ernährung. In der

Medizin findet Hanföl Verwendung zur Therapie bestimmter Immunsystemerkrankungen (Neurodermitis u.v.m.) und auch seine cholesterin- und blutdrucksenkende Wirkung ist bekannt (CALLAWAY 2004). Außerdem ist es im technischen Bereich möglich, auf der Basis von Hanföl Farben, Reinigungsmittel, Maschinenöle u.v.m. herzustellen. Hanföl ist ein Bestandteil einer Reihe von Pflegemitteln, wie z. B. Seife, Kosmetika, Vollwaschmittel. Es konnte gezeigt werden, dass  $\gamma$ -Linolensäure der Haut Feuchtigkeit verleiht und gleichzeitig gut in die Haut einzieht (DE JAGER 2002).

## 2.4 Cannabinoide

Auf der gesamten Oberfläche der Hanfpflanze, mit Ausnahme der Samen und Wurzeln, befinden sich gestielte und ungestielte Drüsenhaare (**Abbildung 2 (A), (B)**). Die Sekretzellen eines reifen Drüsenhaares erzeugen eine harzige Flüssigkeit, die sich unterhalb einer membranartigen Haut ansammelt und unter anderem aus Cannabinoiden besteht (KIM und MAHLBERG 1997, CLARKE 1998). An den weiblichen Blütenständen befindet sich die größte



**Abbildung 2:** Drüsenzellen (A) und einzelne Drüsenzelle (B) auf den Hüllblättern einer weiblichen Hanfpflanze der Sorte ‘Skunk 1’

Anzahl der cannabinoid-produzierenden Drüsenhaare, vor allem an den perigonalen Deck- bzw. Hüllblättern (MENGE-HARTMANN und HÖPPNER 1996). Aber auch in den männlichen Blütenständen konnten Cannabinoide nachgewiesen werden (FETTERMANN et al. 1971, SMALL und BECKSTEAD 1973, PARIS et al. 1975, BEUTLER und DER MANDEROSIAN 1978). Harzdrüsen, die neben Cannabinoiden auch Terpene enthalten, können als Anpassungsleistung zur Reduzierung von Angriffen durch Insekten und Pilze angesehen werden (PATE 1994). Allerdings ist auch bekannt, dass Hanfpflanzen unter Gewächshausbedingungen von einer Vielzahl von Schädlingen befallen werden können

(MCPARTLAND et al. 2000). KREJCI (1970) postulierte eine mögliche antibiotische Wirkung der Cannabinoide, insbesondere des Cannabidiols (SYTNIK und STELMAH 1999). Außerdem könnte nach CLARKE (1998) die vermehrte Produktion des Harzes in den weiblichen Blütenständen einen Schutz für den heranwachsenden Embryo darstellen. PATE (1994) geht davon aus, dass Hanfgenotypen mit höheren THC-Gehalten in wärmeren Gebieten auf Grund ihres erhöhten Schutzes gegen ultraviolette Strahlung, Schädlingsbefall und Wasserverlust positiv selektiert wurden.

Bisher sind 66 Cannabinoide bekannt, wobei das Delta-9-Tetrahydrocannabinol ( $\Delta^9$ -THC, erstmals 1964 isoliert) als das psychoaktivste Cannabinoid in Pflanzen beschrieben wird (HIRST et al. 1998, GROTENHERMEN 2001, PERTWEE 2004). Neben dem  $\Delta^9$ -THC ist das Cannabidiol (CBD) ein weiteres Hauptcannabinoid (GRASSI und RANALLI 1999). Es galt lange Zeit im Biosyntheseweg als Vorläufer des  $\Delta^9$ -THC und verfügt über keinerlei psychoaktive Wirkung (FETTERMANN et al. 1971, SHOYAMA et al. 1974). Als Vorläufer im Biosyntheseweg spielt dagegen das Cannabigerol (CBG) mit seinem Propylhomolog CBGV eine bedeutende Rolle. FOURNIER und PARIS (1980) postulierten den Syntheseweg CBG über CBD zu THC nur für Faserhanflinien. Für Drogenhanflinien wurde der direkte Weg von CBG zu THC angenommen. Heute geht man davon aus, dass THC als auch CBD direkt aus CBG gebildet werden (DE MEIJER et al. 2003, MANDOLINO und CARBONI 2004). Die für diesen Syntheseweg verantwortlichen Enzyme THC-Synthase und CBD-Synthase wurden bereits identifiziert (TAURA et al. 1995, 1996). Die Nukleinsäuresequenz des Gens für die Tetrahydrocannabinolsäuresynthase konnte von TAURA et al. (2000) sequenziert werden, was den Nachweis des Gens mittels PCR möglich macht. Die Sequenzen der Gene für die CBD- und THC-Synthasen befinden sich in der NCBI Datenbank und sind durch eine japanische Firma (Taisho Pharmaceuticals Company) patentiert worden (MANDOLINO und CARBONI 2004). Des Weiteren kommt Cannabinol (CBN) als ein Abbauprodukt des  $\Delta^9$ -THC vor.

Das Verhältnis von  $\Delta^9$ -THC zu CBD bestimmt das psychoaktive Potenzial der Phänotypen und wird von einigen Autoren als Klassifizierungskriterium angesehen.  $\Delta^9$ -THC-Gehalte von 0,3 bzw. 0,5% gelten als Schwellenwerte für die psychoaktive Wirksamkeit (FETTERMANN et al. 1971, SMALL und BECKSTEAD 1973, FOURNIER und PARIS 1979, DE MEIJER et al. 1992). DE MEIJER et al. (1992) unterscheiden drei Phänotypen: den Drogen-Typ, den intermediären Typ und den Nicht-Drogen-Typ (**Tabelle 1**). CBD ist bei den nicht psychoaktiven Faserhanfsorten das dominierende Cannabinoid, während es bei den Drogen-Typen meist nicht oder nur in geringer Konzentration zu finden ist (HÖPPNER und MENGE-HARTMANN 1996a).

**Tabelle 1:** Klassifizierung der Hanfchemotypen (verändert nach DE MEJIER et al. 1992)

Phänotyp	[THC] (%)	[CBD] (%)	[THC]/[CBD]
Nicht-Drogen-Typ	<0.5	≥0.5	<1
Intermediärer Typ	≥0.5	≥0.5	
Drogen-Typ	≥0.5	<0.5	>1

Der Cannabinoidgehalt wird sowohl von genetischen Faktoren als auch von den Umweltbedingungen beeinflusst (FETTERMANN et al. 1971, HANEY und KUTSCHEID 1973, DE MEJIER et al. 2003). HANEY und KUTSCHEID (1973) berichteten über eine zunehmende Cannabinoidproduktion der Pflanzen infolge von Stresseinwirkungen. Nährstoffmangel und Störungen im Wasserhaushalt stellen hierbei entscheidende Einflussfaktoren dar. Standorte, die durch Trockenheit und eine geringe Luftfeuchte in Verbindung mit einer starken Sonneneinstrahlung gekennzeichnet sind, scheinen die THC-Synthese, insbesondere bei Drogenhanftypen, zu verstärken (TURNER et al. 1978). Faserhanfsorten produzieren in trockenen kontinentalen Regionen höhere THC-Gehalte als bei maritimen Klima (MURARI et al. 1983). BRAUT-BOUCHER (1986) beobachtete allerdings, dass kühle Temperaturen zu intensiver Blüte und zu hohen THC-Gehalten führen können. SCHEIFELE (1999) berichtete von niedrigeren THC-Gehalten in höheren Breitengraden. Der THC-Gehalt der Pflanzen scheint auch mit der Höhe über dem Meeresspiegel anzusteigen. Dies konnte allerdings von MEDIAVILLA und BRENNEISEN (1996) nicht bestätigt werden. Nach FETTERMANN et al. (1971) scheint aber eine Umwandlung eines Faserhanftypes in einen Drogenhanftyp durch pflanzenbauliche Maßnahmen nicht möglich. Allerdings bestimmt der geographische Ursprung der Hanfgenotypen die Höhe des  $\Delta^9$ -THC-Gehaltes. Proben aus Indien, Nepal und Pakistan wiesen deutlich höhere  $\Delta^9$ -THC-Gehalte auf als Proben aus dem mittleren Osten und dem Mittelmeerraum (TURNER et al. 1973).

Auch der Einfluss erhöhter Stickstoffdüngung auf den THC-Gehalt wird kontrovers diskutiert. BÓCSA et al. (1997) und SCHWEIGER (1998) beobachteten bei einer Erhöhung der Stickstoffgaben eine Abnahme der THC-Gehalte. SCHWEIGER (1998) machte für diese Tatsache den verstärkten Ertragszuwachs und die Reifeverzögerung infolge erhöhter Stickstoffgaben verantwortlich. COFFMAN und GENTNER (1977) als auch HÖPPNER und MENGE-HARTMANN (1996a) berichteten ebenfalls von einer Steigerung der Pflanzenerträge infolge erhöhter Stickstoffdüngung, was eine Erhöhung der THC-Erträge zur Folge hat, aber nicht zu einer Erhöhung der THC-Gehalte der Einzelpflanzen führte. Eine signifikante

Erhöhung des THC-Gehaltes der Pflanzen infolge erhöhter Stickstoffgaben konnte aber wiederum von HANEY und KUTSCHEID (1973) festgestellt werden.

Die Cannabinoidgehalte der Pflanzen sind auch abhängig von ihrem jeweiligen Entwicklungsstadium und werden so vom Zeitpunkt der Probenentnahme entscheidend beeinflusst (RUSTICHELLI et al. 1998, HÖPPNER und MENGE-HARTMANN 1996a). Ein starker Anstieg der Cannabinoidgehalte in den Brakteen (Hochblätter) erfolgte mit beginnender Fruchtreife (HÖPPNER und MENGE-HARTMANN 1996a). Die höchsten  $\Delta^9$ -THC-Gehalte waren nach BACIGALUPO et al. (1999) sowie HÖPPNER und MENGE-HARTMANN (1996a) in den blühenden Triebspitzen nachweisbar. In Blättern und Stängeln war deutlich weniger THC enthalten. HEMPHILL et al. (1980) sowie HÖPPNER und MENGE-HARTMANN (1996a) beobachteten ein Konzentrationsgefälle bei den THC- und CBD-Gehalten innerhalb einer Einzelpflanze von den oberen zu den unteren Stängelabschnitten. Auch FETTERMANN et al. (1971) beschrieben eine Abnahme des Cannabinoidgehaltes in der Reihenfolge: Brakteen > Blüten > Blätter > Stängel > Wurzeln. COFFMAN und GENTNER (1975) beobachteten eine negative Korrelation zwischen der Pflanzenhöhe zur Ernte und den THC-Gehalten.

FETTERMANN et al. (1971) fanden heraus, dass die  $\Delta^9$ -THC-Gehalte der männlichen mit denen der weiblichen Pflanzen einer Sorte vergleichbar sind. Diese Aussage trifft nach SMALL und BECKSTEAD (1973) und SMALL und CHAN (1975) nur für Sorten zu, deren Ursprung südlich des Breitengrades 30°N liegt. Nördlich davon wiesen die weiblichen Pflanzen höhere THC-Gehalte als die männlichen auf. Sie beobachteten allerdings starke geschlechtsspezifische Abweichungen in den CBD-Gehalten. BEUTLER und DER MANDEROSIAN (1978) berichteten von einer geschlechtsunabhängigen Cannabinoidproduktion. Bei den männlichen Pflanzen konnte nach PARIS et al. (1975) der Pollen zur Cannabinoidgehaltsbestimmung herangezogen werden. Dies wiederum wurde von HEMPHILL et al. (1980) nicht bestätigt.

Nach einer Untersuchung von DE MEIJER et al. (1992) variierten die CBD-Gehalte innerhalb einer Akzession stärker als die THC-Gehalte. Der mittlere Cannabinoidgehalt der Akzessionen wurde stark vom Anbaujahr beeinflusst, wobei die THC-Gehalte deutlich stabiler reagierten.

Trotz der starken Beeinflussung der Cannabinoidgehalte durch die Umwelt scheint das Cannabinoidprofil, also das Verhältnis von THC zu CBD, streng genetisch kontrolliert zu sein (FETTERMANN et al. 1971). Für BEUTLER und DER MANDEROSIAN (1978) ist das Verhältnis von THC zu CBD ein wichtiges Merkmal von taxonomischer Bedeutung. Das Cannabinoidprofil hängt laut FOURNIER et al. (1987) hauptsächlich von genetischen Faktoren

ab. Hierbei behält jede Pflanze im Laufe ihres Lebenszyklus ihren Chemotyp strikt bei und zeigt dabei keinerlei Variation.

MECHTLER et al. (2004) beprobten sechs Hanfpopulationen mit jeweils 30-60 Pflanzen, um die Verteilung der THC-Gehalte abschätzen zu können. Jede Hanfpopulation zeigte eine individuelle Verteilung der THC-Gehalte, so dass von einer populationspezifischen THC-Verteilung ausgegangen wurde. Des Öfteren wurden bei den untersuchten Sorten Einzelpflanzen mit abweichenden THC-Werten gefunden.

Auch die Bestimmung der Dichte der Drüsenhaare pro Flächeneinheit mit Hilfe eines Rasterelektronenmikroskopes kann keine verlässliche Prognose des psychoaktiven Potenzials von Hanfsorten gewährleisten (MENGE-HARTMANN und HÖPPNER 1996). Berichte über einen Zusammenhang zwischen Drüsenhaardichte und Cannabinoidgehalt sind widersprüchlich (TURNER et al. 1978, PETRI et al. 1988, MENGE-HARTMANN und HÖPPNER 1996). Bei einer zweijährigen Untersuchung von MENGE-HARTMANN und HÖPPNER (1996) führte die gleiche Drüsenhaardichte zu unterschiedlich hohen Gesamtgehalten an Cannabinoiden bei 'Kompolti'. PETRI et al. (1988) beobachteten hingegen bei fünf Hanfsorten einen klaren positiven Zusammenhang zwischen der Anzahl der Drüsenhaare und dem Cannabinoidgehalt. Die Vererbung der Cannabinoide wurde von verschiedenen Autoren näher untersucht. BEUTLER und DER MANDEROSIAN (1978) erstellten kontrollierte Kreuzungen zwischen *Cannabis sativa* L. und *Cannabis ruderalis*, die durch Unterschiede in ihren THC-Gehalten gekennzeichnet sind. Die THC-Gehalte der F<sub>1</sub>-Nachkommenschaft lagen zwischen denen der Eltern. Die Beobachtung eines intermediären Erbganges konnte von DE MEIJER et al. (1992) bestätigt werden. FOURNIER und PARIS (1979, 1980) sowie FOURNIER (1981) beobachteten eine klare Trennung der THC/CBD Verhältnisse in französischen Faserhanfsorten, wobei hier der intermediäre und der Nicht-Drogen-Typ auftraten. BECU et al. (1998) untersuchten eine spaltende F<sub>2</sub>-Nachkommenschaft und postulierten einen monogenen Erbgang bezüglich des THC/CBD Verhältnisses. Nach SYTNIK und STELMAH (1999) wird der Gehalt jedes Cannabinoids von mehreren voneinander unabhängigen gekoppelten Genen gesteuert. Sie gehen von einem polygenen und geschlechtsgekoppelten Erbgang aus. Durch Selektion auf niedrige THC-Gehalte scheint es möglich, die psychoaktiven Inhaltsstoffe auf ein Minimum zu reduzieren (VIROVETS 1996, SYTNIK und STELMAH 1999, MANDOLINO und CARBONI 2004). DE MEIJER et al. (2003) erarbeiteten ein Modell zur Vererbung des THC/CBD-Verhältnisses der drei bereits beschriebenen Phänotypen (siehe **Tabelle 1**).

Die Analyse der Cannabinoide kann mittels Gaschromatographie (GC), High Performance Liquid Chromatography (HPLC) sowie immunologischer Verfahren mit Hilfe von

polyklonalen oder monoklonalen Antikörpern durchgeführt werden (GRASSI und RANALLI 1999).

Für eine quantitative Bestimmung der Cannabinoidkonzentrationen und eine anschließende Klassifizierung sind die bis zur Gewichtskonstanz getrockneten weiblichen Blütenstände am besten geeignet (DE MEIJER et al. 1992). Sie entwickelten dafür ein gaschromatographisches Verfahren. RUSTICHELLI et al. (1998) bestimmten den  $\Delta^9$ -THC-Gehalt dagegen mit einer HPLC-Methode. Ausgangspunkt dieser Untersuchungen waren getrocknete Hanfblätter des oberen Drittels der Pflanze. Mit Hilfe eines Fluoroimmunoassays gelang BACIGALUPO et al. (1999) ein schneller und einfacher Nachweis von THC im getrockneten Blattmaterial. Diese Methode eignet sich besonders für ein schnelles Screening großer Pflanzenmengen. Beispielsweise sollten bei der Selektion auf niedrigen  $\Delta^9$ -THC-Gehalt geeignete Genotypen in einem Kreuzungsprogramm so schnell wie möglich erkannt und selektiert werden. Diese Methode sollte jedoch nur als Ergänzung zu der traditionellen gaschromatographischen Bestimmung genutzt werden, wobei der Probenumfang und somit Kosten und Zeit effektiv gesenkt werden können.

Die Wirkung der Cannabinoide auf den menschlichen Organismus wurde in zahlreichen Studien untersucht (CLARKE und PATE 1994, ABRAHAMOV et al. 1995, HIRST et al. 1998, GROTENHERMEN 2001, PERTWEE 2004, STOTT und GUY 2004). Der gezielte medizinische Einsatz von Cannabinoiden kann zur Linderung bestimmter Krankheiten (z. B. Augenleiden, Multiple Sklerose, Epilepsie, Asthma, Morgenübelkeit) beitragen.

In der Drogenfahndung werden molekularbiologische Methoden eingesetzt (RAPDs - random amplified polymorphic DNAs, AFLPs – amplified fragment length polymorphisms, CAPS – cleaved amplified polymorphic sequences und ISSRs – intersimple sequence repeats), um Hanf eindeutig nachweisen zu können (JAGADISH et al. 1996, LINACRE und THORPE 1998, SINISCALCO GIGLIANO 1999, KOJOMA et al. 2002, COYLE et al. 2003). Die Versuche, Drogenhanf mittels Marker eindeutig von Nicht-Drogenhanf zu unterscheiden sind bisher noch nicht zufrieden stellend verlaufen. Oftmals ist nur ein geringer Anteil (6%) an Variation chemotypisch bedingt, so dass keine klare Trennung zwischen den beiden Gruppen vorgenommen werden kann (MANDOLINO und CARBONI 2004).

## 2.5 Züchtungsaspekte und genetische Diversität bei Hanf

Hanf gehört zu den Pflanzen, deren züchterische Bearbeitung nicht ganz einfach ist. Die Pflanze ist ein klassischer Fremdbefruchter. Durch die natürlich vorhandene Diözie können keine Selbstungen durchgeführt werden und somit keine Selbstungsnachkommenschaften erstellt werden, welche den Züchtungsfortschritt erheblich vereinfachen würden. Die Selbstung von monözischen Pflanzen führt oft zu stark ausgeprägten Inzuchtdepressionen (BÓCSA 1958, HOFFMANN 1961). Außerdem reagiert die Hanfpflanze auf die Tageslänge, was sich letztendlich erheblich auf den Ertrag auswirkt.

Als einem der ersten Hanfzüchter gelang DEWEY (1927) spätreifende Sorten aus chinesischen Landrassen zu entwickeln ('Kymington', 'Chington', 'Arlington'). Durch das Hanfanbauverbot in der USA gingen diese Sorten jedoch verloren. Im Mittelpunkt der Züchtungsarbeiten der europäischen Hanfzüchter standen die Erhöhung der Fasergehalte und Fasererträge, die Entwicklung von monözischen Faserhanfsorten und die Senkung des THC-Gehaltes (HOFFMANN 1941, BREDEMANN 1942, HUHNE et al. 1951, VON SENGBUSCH 1952, BÓCSA 1958, 2001, BILESCU 1965, PRZYTYK 1999, GRABOWSKA et al. 2005b). In Frankreich, Deutschland, Polen, Rumänien und der Ukraine wurden primär monözische Sorten gezüchtet, während Ungarn und Italien ihren Schwerpunkt auf die Entwicklung diözischer Sorten legten. Züchtung nutzt die genetische Variabilität innerhalb der zu bearbeitenden Kulturpflanze. Zur Schaffung neuer Variabilität ist unter anderem die Durchführung von Kreuzungen erforderlich. Bei Hanf können Kreuzungen wie folgt durchgeführt werden (HOFFMANN et al. 1985): bei diözischem Hanf werden die Kreuzungseltern reihenweise nebeneinander gepflanzt und die Männchen nach der Blüte entfernt (so genanntes „femeln“); bei monözischem Hanf müssen die Pflanzen zur Kreuzung kastriert werden.

Die Methode der Populationsverbesserung offen bestäubender Sorten hat die größte Bedeutung in der Hanfzüchtung. Aus vorhandenen Sorten können durch Individualauslese Ertragssteigerungen erzielt werden. Für die Erstellung von Selektionsmaterial wird auf die Kreuzungszüchtung zurückgegriffen, wobei die Eltern verwandtschaftlich weit entfernt sein sollten, um die genetische Basis für die Auslese zu erweitern.

Heterosiswirkung nach Sortenkreuzungen ist bekannt (DEWEY 1927, RATH 1967, RANALLI 2004). Besonders bei genetisch weit voneinander entfernten Kreuzungspartnern (geographische Formenkreise) sind die auftretenden Heterosiseffekte umso ausgeprägter. DEWEY (1927) konnte bei seinen Versuchen erhöhte Fasergehalte und Fasererträge in den F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften feststellen. RATH (1967) überprüfte fünf in- und ausländische Hanfsorten und Zuchtstämme auf ihre spezielle Kombinationseignung in der F<sub>1</sub>-Generation.

Die Mehrleistung der Hybriden nahm mit steigender Leistung der Elternsorten signifikant ab. Trotz alledem setzte sich lediglich in Ungarn die Heterosiszüchtung durch. Daraus resultierten einige F<sub>1</sub>-Hybrid-Sorten wie der unisexuelle Einfach-Hybrid 'Uniko-B' ('Kompolti' × 'Fibrimon 21') und der Drei-Wege-Hybrid 'Kompolti Hybrid TC' (('Kinai Ketlaki' × 'Kinai Eglylaki') × 'Kompolti'). Mit pollensterilen monözischen Formen würde sich die Erstellung von Hybridsaatgut wesentlich vereinfachen. Bis jetzt ist noch nichts über solche Formen berichtet worden. Problematisch ist die Erzeugung großer Mengen an F<sub>1</sub>-Saatgut. Daher sollte nach BÓCSA (1958) unisexueller Hanf für die Erzeugung des Hybridsaatgutes eingesetzt werden. Dieser entsteht, wenn eine weibliche Pflanze einer diözischen Sorte mit einem Monözisten gekreuzt wird. In der F<sub>1</sub> entstehen 70-85% weibliche, 10-15% monözische und nur 1-2% männliche Pflanzen. Die weiblichen Pflanzen können als Muttersorte für eine zweite Kreuzung zum Erzeugen von „Mehrfachhybriden“ im Sinne einer Dreiwege-Kreuzung verwendet werden. Lediglich beim ersten Kreuzungsschritt müssen die 1-2% männlichen Pflanzen der diözischen Muttersorte entfernt werden. Beim zweiten Kreuzungsschritt entfällt das Femeln.

*(Fasergehalt)* Der Fasergehalt einer Pflanze wird von der Pflanzenlänge beeinflusst, wobei diese je nach den spezifischen Anbaubedingungen variiert. Nach BREDEMANN et al. (1961) lassen sich genetische Unterschiede im Fasergehalt besser bei geringen Bestandesdichten (= große Pflanzenabstände, z. B. 50 × 10 cm) ermitteln. BREDEMANN (1924, 1942, 1952) erzielte bei diözischem Hanf bedeutende Selektionserfolge, indem er vor der Blüte phänotypisch interessante weibliche und männliche Pflanzen unter dem Blütenstand anschnitt und bis zum Kotyledonenansatz halbierte, um die abgespaltene Stängelhälfte auf Fasergehalt zu untersuchen. So blieben nur die faserreichsten Genotypen zum Abblühen stehen. BREDEMANN war der erste Züchter, der sich mit der Erhöhung des Fasergehaltes beschäftigte und erreichte in 30 Jahren eine Verdreifachung des Fasergehaltes (RANALLI 2004). Eine weitere Möglichkeit zur Selektion von faserreichen Kreuzungspartnern besteht darin, nach der Fasergehaltsbestimmung der Pflanzen die Restsaatgutmethode als auch die Einlagerung von Pollen zu praktizieren (NEUER et al. 1946, HOFFMANN 1961). Restsaatgut und Pollen stehen dann zur Erzeugung von neuen Generationen zur Verfügung.

(*Monözie*) Es ist eine Tatsache, dass männliche Pflanzen diözischer Hanfsorten zeitiger abreifen als weibliche. Dies wirkt sich negativ auf den Ertrag, sowohl qualitativ als auch quantitativ, aus. Erstmals wurden monözische und gleichzeitig reifende diözische Hanfsorten von den russischen Hanzüchtern GRISHKO und MALUSHA entwickelt (RANALLI 2004). HOFFMANN (1941), HUHNEKE et al. (1951), NEUER UND VON SENGBUSCH (1943), BÓCSA (1958) und BREDEMANN et al. (1961) erkannten ebenfalls die Notwendigkeit, „gleichzeitig reifende Hanfsorten“ zu züchten. Somit konnten einheitliche Faserqualitäten und gleichmäßige Abreife im Feld gewährleistet werden. Dazu wurden monözische Pflanzen im Bestand ausgelesen und miteinander gekreuzt. Die aus den Kreuzungen resultierenden monözischen Nachkommen wurden anschließend mit faserreichen diözischen Sorten rückgekreuzt. So konnten in Deutschland der 50er und 60er Jahre Sorten gezüchtet werden, die als gleichzeitig reifender bzw. als monözischer Hanf einen großen Züchtungsfortschritt gegenüber dem ursprünglich diözischen Hanf darstellten. Von diesen Fortschritten hat die ausländische Züchtung profitiert (HOFFMANN et al. 1985). Die in Deutschland von VON SENGBUSCH gezüchtete Sorte 'Fibrimon' wurde in den späten 50er Jahren unter anderem in Frankreich erfolgreich in den Züchtungsprozess integriert (DE MEIJER 1995).

(*Untersuchungen zur genetischen Diversität bei Hanf*) In Abhängigkeit von der geographischen Herkunft der Hanfformen existieren unterschiedliche Formenkreise (**Tabelle 2**), die durch charakteristische Merkmale gekennzeichnet sind (HOFFMANN 1961, BÓCSA und KARUS 1997).

In einigen wenigen öffentlich zugänglichen Genbanken sind Hanfakzessionen eingelagert. So erhalten z. B. die Genbank des Institutes für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung Gatersleben (IPK) 19, die Genbank des Institute of Natural Fibers in Poznan 110 und die Genbank des VIR in St. Petersburg 496 Hanfformen (KUTUZOVA 1997, GRABOWSKA et al. 2005a). DE MEIJER und KEIZER (1996) führten eine umfassende Diversitätsuntersuchung an 206 Hanfformen durch, um deren Eignung für die Papierherstellung zu testen. Diese wurden sowohl morphologisch als auch agronomisch beschrieben. Um die vorhandene Diversität umweltneutral erfassen zu können, wurden die Samenproteine der untersuchten Hanfformen elektrophoretisch aufgetrennt. Die für die jeweiligen Hanfformen analysierten Banden waren charakteristisch und blieben über Generationen hinweg stabil. Auch LUCCHESI et al. (2001) führten Proteinelektrophoresen an 36 Hanfsorten durch. Für die Erfassung der genetischen Distanz wurde anschließend eine hierarchische Clusteranalyse (UPGMA - unweighted pair group method using an arithmetic average) durchgeführt. Hierbei wird zwischen den

untersuchten Genotypen ein Ähnlichkeits- oder Distanzmaß unter Verwendung verschiedener Berechnungsmethoden ermittelt. Es gelang, die Hanfsorten nach geographischer Herkunft sowie Verwandtschaftsverhältnissen zu gruppieren. HILLIG (2005) untersuchte 150 Hanfformen auf Isoenzym-Variationen.

**Tabelle 2:** Formenkreise des Hanfes (in Anlehnung an BÓCSA und KARUS 1997)

Formenkreis	Geographische Herkunft	Anbaugebiete	Vegetationszeit bis zur Samenreife	Samenertrag	Faserertrag	Stängellänge/ Verzweigung
Nördlich	Europa >60° nördl. Breite	Russland, Finnland	< 90 Tage	hoch	mittel	< 1,5 m leicht verzweigt
Mittlerrussisch	Europa 50-60° nördliche Breite	Russland, Ukraine, Polen, Nord- deutschland	90-110 Tage	hoch	mittel	1,25-3 m, leicht verzweigt
Südlich	Mittel-, Südost-, Südeuropa	Ungarn, Rumänien, Italien, Spanien, Türkei, Südrussland	130-150 Tage	mittel	hoch	2,5-4 m, verzweigt
Asiatisch	Asien	China, Japan, Korea, Thailand	150-170 Tage und länger	-	-	2-3 m, stark verzweigt

Als umweltneutrale Merkmale werden auch molekulare Marker für Diversitätsuntersuchungen herangezogen. Shirota et al. (1998) wendeten erfolgreich RAPDs und RFLPs (restriction fragment length polymorphisms) an, um drei verschiedene Stämme von *Cannabis sativa* voneinander zu trennen. Faeti et al. (1996) analysierten 13 Hanfsorten mittels RAPDs. Italienische, ungarische und koreanische Herkünfte konnten mittels „Principal Coordinate Analysis“ klar voneinander getrennt werden, während Linien mit gemeinsamen Vorfahren gemeinsame Cluster bildeten (verwendetes Ähnlichkeitsmaß war der Dice-Koeffizient). Forapani et al. (2001) verwendeten das gleiche Markersystem zur Differenzierung von 6 Hanfsorten. Hierbei konnten nur die italienischen diözischen Sorten ‘Carmagnola’ und ‘CS’ nicht voneinander getrennt werden, da eindeutige, die Sorten trennende Allele fehlten. Der genetische Grad des Polymorphismus lag bei Faeti et al. (1996) und bei Forapani et al. (2001) bei der Sorte ‘Fibranova’ bei 85%. Gilmore und Peakall (2003) waren in der Lage, 15 Mikrosatelliten zu identifizieren, die bei Faserhanf zwischen Individuen als auch zwischen Herkünften differenzierten. Die beim Hanf seither beschriebenen 27 Mikrosatelliten sind bei

Mandolino und Carboni (2004) gelistet. Die mittels Mikrosatelliten gefundene Variabilität war sehr hoch. Bei Gilmore et al. (2003) konnten von insgesamt 93 untersuchten Pflanzen nur vier nicht voneinander unterschieden werden. Die Heterozygotie oder Gendiversität lag bei 83%. Alghanim und Almirall (2003) beobachteten neben einer hohen Variabilität auch eine gute Übereinstimmung zwischen ihren Mikrosatelliten-Daten und den vorher erhobenen AFLP-Daten. Gilmore und Peakall (2003), Forapani et al. (2001) und Wielgus und Plawuszewski (2005) stellten einen hohen Grad an Polymorphismus für Hanf fest, wobei die Variation innerhalb der Hanfformen gleich bzw. höher war als die Variation zwischen den Hanfformen. Die Allelfrequenzen waren im Mittel niedrig, teilweise unter 30%, nur bei stark ingezüchteten Linien konnten für einige Allele höhere Frequenzen beobachtet werden (Gilmore und Peakall 2003).

Klein (2003) erarbeitete an 40 Hanfgenotypen, die auch in dieser Arbeit Bestandteil der Untersuchungen waren, mit Hilfe der AFLP-Technik eine Differenzierung hinsichtlich ihrer geographischen Herkunft, Verwandtschaft und Geschlechtsform.

### 3 Material und Methoden

#### 3.1 Pflanzenmaterial

Zweijährig (2000 und 2001) wurde eine Kollektion, bestehend aus 67 Hanfformen (**Tabelle 3**), angebaut. Zum einen waren das 35 Hanfsorten von verschiedenen Forschungs- und Züchtungsinstitutionen. Zum anderen handelte es sich um 24 Hanfakzessionen aus zwei Genbanken (GB14–37), die züchterisch noch weitgehend unbearbeitet sind und somit auch keine Sortenprüfung durchlaufen haben. Die Hanfgenotypen können 13 Herkunftsländern zugeordnet werden, wobei von drei Genbankakzessionen die Herkunft unbekannt ist. 33 der 59 Hanfgenotypen (Sorten/Akzessionen) waren diözisch, 23 monözisch, zwei subdiözisch und eine unisexuell. Einige Hanfgenotypen standen bereits im Jahre 1999 für die Bestimmung der Cannabinoidgehalte zur Verfügung. Des Weiteren konnten acht Kreuzungspopulationen aus Ungarn (P51-P60, Landwirtschaftliches Forschungsinstitut, Kompolt) sowie F<sub>1</sub>-, F<sub>2</sub>- und F<sub>3</sub>-Nachkommenschaften (2000 - 2002) aus selbst durchgeführten Kreuzungen in die Untersuchungen einbezogen werden (siehe Kapitel **3.2.2**, **Tabelle 6, 7**). Da Pflanzen der ungarischen diözischen Sorte 'B-7' und der italienischen diözischen Sorte 'Eletta Campana' lediglich als intermediäre Hanfchemotypen bei den Kreuzungen zum Einsatz kamen, wurden sie in **Tabelle 3** nicht berücksichtigt.

#### 3.2 Methoden

##### 3.2.1 Feldversuche

Der Anbau der Hanfkollektion erfolgte 2000 (Aussaat: 4. Mai) und 2001 (Aussaat: 9. Mai) im Versuchsfeld Hohenthurm, 12 km von Halle/Saale entfernt (51.29° nördliche Breite, 11.58° östliche Länge, degradierte Schwarzerde, Höhe über NN: 97 m), in einer einfaktoriellen randomisierten vollständigen Blockanlage mit zwei Blöcken. Der Faktor Genotyp wurde innerhalb der Blöcke randomisiert. Die einzelnen Blöcke waren 7 × 14,5 m groß. Jeder Block bestand aus 30 Parzellen mit einer Größe von 1 × 2 m. Der Abstand zwischen den Parzellen betrug jeweils 0,5 m. In jeder Parzelle wurden 4 Reihen Hanf (Reihenabstand 50 cm) ausgesät. Die beiden Außenreihen waren jeweils 25 cm vom Ende der Parzellen entfernt. 56 Hanfgenotypen konnten in beiden Versuchsjahren untersucht werden, während die in **Tabelle 3** mit <sup>1</sup> und <sup>2</sup> gekennzeichneten Hanftypen nur in den Versuchsjahren 2000 bzw. 2001 angebaut wurden. Pro Parzelle wurden 2 Hanfgenotypen in jeweils zwei nebeneinander liegenden Reihen ausgesät. Jede Reihe innerhalb einer Parzelle war 1 m lang und sollte aus 20

**Tabelle 3:** In den Versuchsjahren 2000 und 2001 angebaute Hanfgenotypen

<b>Genotyp</b>	<b>Herkunfts- land</b>	<b>Geschlechtsform</b>	<b>Saatgut erhalten von</b>
<b>Sorten</b>			
Beniko	Polen	monözisch	Saatbau Linz
Bialobrezeskie	Polen	monözisch	Saatbau Linz
Carmagnola <sup>2</sup>	Italien	diözisch	ISCI
CS <sup>2</sup>	Italien	diözisch	ISCI
Dneprovskaya odnodomnaya 14	Ukraine	monözisch	IBC
Epsilon 68	Frankreich	monözisch	LAP
Fasamo	Deutschland	monözisch	FAL
Fédora 17 <sup>1</sup>	Frankreich	Hybridpopulation <sup>3</sup>	LAP
Fédora 19	Frankreich	Hybridpopulation <sup>3</sup>	FAL
Fédrina 74	Frankreich	Hybridpopulation <sup>3</sup>	FAL
Féline 34	Frankreich	Hybridpopulation <sup>3</sup>	FAL
Férimon	Frankreich	monözisch	FAL
Fibranova <sup>2</sup>	Italien	diözisch	ISCI
Fibrimon	Frankreich	monözisch	BAZ
Fibrimon 56	Frankreich	monözisch	BAZ
Futura	Frankreich	monözisch	FAL
FxT	Ungarn	monözisch	FAL (Schweiz)
Glera	Ukraine	monözisch	LAP
Gluchivski-33	Ukraine	monözisch	IBC
Gluchivski-46	Ukraine	monözisch	IBC
Helvetica	Schweiz	diözisch	FAL (Schweiz)
Juso 14	Ukraine	monözisch	LAP
Juso 31	Ukraine	monözisch	FAL
Kompolti	Ungarn	diözisch	FAL, LAP, GATE
Lipko	Ungarn	Hybridpopulation <sup>3</sup>	GATE, DSV
Lovrin 110	Rumänien	diözisch	FAL
Northern Light <sup>1</sup>	USA	diözisch	INTERPOLM
Ramo	Deutschland	diözisch	BAZ
Skunk 1 <sup>1</sup>	USA	diözisch	INTERPOLM
The Passion 1 <sup>1</sup>	USA	diözisch	Dutch Passion
Uniko-B (F <sub>1</sub> )	Ungarn	unisexuell	GATE
Uso 14	Ukraine	monözisch	IBC
Uso 31	Ukraine	monözisch	IBC
White Widow <sup>1</sup>	USA	diözisch	INTERPOLM
Zolotonoshskaya-11	Ukraine	monözisch	IBC
<b>Genbankakzessionen</b>			
GB14	Türkei	diözisch	BAZ
GB15	Türkei	diözisch	BAZ
GB16	Slowakei	diözisch	IPK
GB17	Ungarn	diözisch	IPK
GB18	Deutschland	diözisch	IPK
GB19 <sup>2</sup>	Italien	subdiözisch	IPK
GB20	Korea	diözisch	IPK
GB21	Rumänien	diözisch	IPK
GB22	Georgien	diözisch	IPK
GB23	Korea	diözisch	IPK

**Fortsetzung Tabelle 3:** In den Versuchsjahren 2000 und 2001 angebaute Hanfgenotypen

<b>Genotyp</b>	<b>Herkunfts- land</b>	<b>Geschlechtsform</b>	<b>Saatgut erhalten von</b>
GB24	Italien	diözisch	IPK
GB25 <sup>2</sup> ('Rastislavicke')	Slowakei	diözisch	IPK
GB26	Türkei	diözisch	IPK
GB27	Unbekannt	diözisch	IPK
GB28 ('Forose')	Unbekannt	diözisch	IPK
GB29	Rumänien	diözisch	IPK
GB30 ('Bernburger Einhäusiger')	Deutschland	subdiözisch	IPK
GB31	Rumänien	diözisch	IPK
GB32	Rumänien	diözisch	IPK
GB33	Rumänien	diözisch	IPK
GB34	Rumänien	diözisch	IPK
GB35	Rumänien	diözisch	IPK
GB36	Unbekannt	diözisch	IPK
GB37	Frankreich	diözisch	IPK
<b>Ungarische Kreuzungspopulationen</b>			
P51 (T. belt × Sz. belt)	Ungarn	nicht bekannt	GATE
P52 (Kinai unisex × Kompolti) <sup>4</sup>	Ungarn	diözisch	GATE
P53 (F. belt × T. belt)	Ungarn	nicht bekannt	GATE
P54 (Kinai unisex × Uniko-B)	Ungarn	nicht bekannt	GATE
P56 (Fibrimon × T. belt) <sup>2</sup>	Ungarn	nicht bekannt	GATE
P57 (Fibrimon × (F×T))	Ungarn	nicht bekannt	GATE
P59 (Kinai unisex)	Ungarn	unisexuell	GATE
P60 (Fibrimon × Kinai unisex)	Ungarn	nicht bekannt	GATE

<sup>1</sup>Anbau nur im Versuchsjahr 2000<sup>2</sup>Anbau nur im Versuchsjahr 2001<sup>3</sup>Hybridpopulationen mit 50% monözischen und 50% weiblichen Pflanzen<sup>4</sup>'Kompolti Hybrid TC'

BAZ Genbank der Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen, Braunschweig

DSV Deutsche Saatveredelung Lippstadt-Bremen GmbH, Lippstadt

Dutch Passion, Samenhandel, Niederlande

FAL Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft, Braunschweig

FAL (Schweiz) Eidgenössische Forschungsanstalt für Agrarökologie und Landbau, Zürich

**GATE „Fleischmann Rudolf“ Landwirtschaftliches Versuchsinstitut, Kompolt, Ungarn**

IBC Institute of Bast Crops of Ukrainian Academy of the Agrarian Sciences, Glukhov, Ukraine

INTERPOLM Amsterdam

IPK Genbank des Institutes für Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung, Gatersleben

ISCI Instituto Sperimentale per le Colture Industriali, Bologna, Italien

LAP Landesanstalt für Pflanzenbau, Forchheim

Saatbau Linz, Österreich

Pflanzen bestehen, was auf Grund mangelnder Keimfähigkeit mancher Hanfsamen nicht immer realisiert werden konnte. Die Kreuzungsnachkommenschaften wurden in den Versuchsjahren 2000-2002 in langen Reihen mit einem Abstand von 50 cm angebaut. Alle Versuche wurden generell ohne Düngung und Pflanzenschutzmitteleinsatz durchgeführt. Im Frühjahr 2000 betrug der Stickstoffgehalt im Boden 77 kg/ha. **Tabelle 4** enthält die Angaben zur entsprechenden Jahreswitterung der einzelnen Versuchsjahre.

**Tabelle 4:** Kenndaten der Witterung in den Versuchsjahren (Wetterstation in Seeben)

	Mai-September 2000	Mai-September 2001	Mai-September 2002
Niederschlag			
Gesamtzeitraum	369,5 mm	340,3 mm	306,0 mm
Mai-Juni	92,6 mm	87,7 mm	73,2 mm
Mai	43,3 mm	31,2 mm	42,6 mm
mittlere Tagestemperatur			
Mai-Juni	16,25°C	14,29°C	15,61°C
Juli-September	16,18°C	16,98°C	17,43°C

### 3.2.2 Erstellung der Kreuzungspopulationen

#### 3.2.2.1 Kreuzungen im Gewächshaus

Zur Durchführung von Kreuzungen wurden im Winter 1999 / Frühjahr 2000 Einzelpflanzen verschiedener diözischer Hanfgenotypen im Gewächshaus angezogen. Sobald das Geschlecht dieser Pflanzen erkennbar war, wurden ausgewählte Kreuzungspartner gemeinsam in Isolierkabinen gestellt, um die Bestäubung zu gewährleisten (**Abbildung 3, Tabelle 5**). Von



**Abbildung 3:** Hanfkreuzungen im Gewächshaus in Isolierkabinen (die männliche Hanfpflanze ist durch einen gelben Kreis gekennzeichnet)

**Tabelle 5:** Im Winter/Frühjahr 1999/2000 erstellte F<sub>1</sub>-Kreuzungsnachkommenschaften (00/01-00/37) aus den Kreuzungen verschiedener Hanfgenotypen (Angaben in Klammern entsprechen der vegetativen Kennung der jeweiligen Einzelpflanzen)

Nummer	Kreuzungspartner (P <sub>1</sub> × P <sub>2</sub> )		
00/01	(B1)GB22	×	(C1)Kompolti
00/02	(B2)GB22	×	(C1)Kompolti
00/04	(B4)B-7	×	(C1)Kompolti
00/05	(B5)GB19	×	(C1)Kompolti
00/06	(B6)GB19	×	(C1)Kompolti
00/07	(B7)GB19	×	(C1)Kompolti
00/08	(B8)GB17	×	(C1)Kompolti
00/09	(B9)GB16	×	(C1)Kompolti
00/10	(B10)Kompolti	×	(C2)GB16
00/11	(B11)Kompolti	×	(C2)GB16
00/12	(B12)GB19	×	(C2)GB16
00/13	(B13)GB19	×	(C2)GB16
00/14	(B14)GB19	×	(C2)GB16
00/15	(B15)GB22	×	(C2)GB16
00/16	(B16)GB22	×	(C2)GB16
00/17	(B17)Kompolti	×	White Widow (Pfl.5)
00/18	(B18)Kompolti	×	Skunk 1 (Pfl.2)
00/19	(B19)Kompolti	×	Skunk 1 (Pfl.2)
00/20	(B20)GB22	×	Skunk 1 (Pfl.2)
00/21	(B21)GB22	×	(C3) B-7
00/22	(B22)Kompolti	×	(C3) B-7
00/23	(B23)GB22	×	(C3) B-7
00/24	(B24)Eletta Campana	×	(C3) B-7
00/25	White Widow (Pfl.7)	×	(C4)Kompolti
00/26	White Widow (Pfl.9)	×	(C4)Kompolti
00/27	White Widow (Pfl.10)	×	(C4)Kompolti
00/31	(B29)GB24	×	(C9)Skunk 1
00/32	(B36)Kompolti	×	(C9)Skunk 1
00/34	(B40)Kompolti	×	(C9)Skunk 1
00/35	(B35)Skunk 1	×	(C5)Kompolti
00/36	(B32)Skunk 1	×	(C5)Kompolti
00/37	(B37)GB36	×	(C9)Skunk 1

potenziellen Pollenspendern wurde außerdem reifer Pollen bei  $-80^{\circ}\text{C}$  gelagert. Dadurch stand immer genügend Pollen für geplante Bestäubungen zur Verfügung. Das war erforderlich, wenn auf Grund einer unterschiedlichen individuellen Entwicklung der vorgesehenen Kreuzungspartner eine Blühsynchronisation nicht vorhanden war. Vorzugsweise wurden Kreuzungen zwischen Kreuzungspartnern mit extremen Merkmalsausprägungen hinsichtlich Blühbeginn, Fasergehalt, Ölgehalt und THC-Gehalt durchgeführt, um Aussagen über die am Erbgang beteiligten Gene ableiten zu können.

### 3.2.2.2 Kreuzungen im Freiland

Die F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften aus den Kreuzungen im Gewächshaus wurden in Reihen mit einem Reihenabstand von 0,5 m im Versuchsfeld ausgesät. Zusätzlich wurde auch die Faserhanfsorte 'Kompolti', die in vielen Kreuzungen als ein Kreuzungspartner diente, als Standard angebaut. Um eine F<sub>2</sub>-Generation zu erzeugen, wurden ausgewählte F<sub>1</sub>-Pflanzen miteinander gekreuzt (**Abbildung 4 (A-C), Tabelle 6**). Die Isolierung der Pflanzen erfolgte



**Abbildung 4:** Hanfkreuzungen im Freiland: (A) Stützgestelle aus Eisen, (B) Isolierhülle aus Baumwolle, (C) Isolierhülle aus Schlauchfolie (Polyethylen)

**Tabelle 6:** Pärchenkreuzungen in den F<sub>1</sub>-Kreuzungsnachkommenschaften

F <sub>2</sub> -Kreuzungsnummer	F <sub>1</sub> -Nachkommenschaft	Nr_Mutter	Nr_Vater
00/43	00/10 – Kompolti × GB16	8	6
00/48	00/10 – Kompolti × GB16	20	21
00/49	00/09 – GB16 × Kompolti	12	8
00/50	00/09 – GB16 × Kompolti	13	8
00/75	00/36 – Skunk 1 × Kompolti	17	18
00/78	00/36 – Skunk 1 × Kompolti	49	48

mit einer Hülle entweder aus Baumwolle (Länge: 1,80 m, maximale Porengröße: 100  $\mu\text{m}$ ) oder aber aus transparenter, wasserdampfdurchlässiger Schlauchfolie aus Polyethylen mit einer Schichtdicke von 0,05 mm (Baumann Saatzucht, Waldenburg).

Für eine Kreuzung wurden jeweils eine männliche Pflanze gemeinsam mit einer oder mehreren weiblichen Pflanzen separat eingehüllt. Um die Standfestigkeit der Pflanzen zu gewährleisten, wurden 2,5 m hohe und 0,5 m breite Drahtgestelle aus Eisen um diese Kreuzungspflanzen aufgestellt (**Abbildung 4 (A)**). Zur Überprüfung der Eignung der beiden verwendeten Isoliermaterialien als Barriere für Fremdpollen und somit mögliche Fremdeinstäubungen wurden Negativkontrollen durchgeführt. Für diesen Zweck wurden rein weibliche Pflanzen mit den entsprechenden Stoff- bzw. Foliehüllen isoliert und auf Samenansatz kontrolliert.

Wie die  $F_2$ -Kreuzungsgenerationen wurden auch die  $F_3$ -Kreuzungsnachkommenschaften (**Tabelle 7**) erzeugt.

**Tabelle 7:** Pärchenkreuzungen in den  $F_2$ -Kreuzungsnachkommenschaften

<b><math>F_3</math>-Kreuzungsnummer</b>	<b><math>F_2</math>-Nachkommenschaft</b>	<b>Nr_Mutter</b>	<b>Nr_Vater</b>
00/80	00/50 – GB16 $\times$ Kompolti	26	32
00/81	00/49 – GB16 $\times$ Kompolti	1	2
00/82	00/43 – Kompolti $\times$ GB16	10	11
00/83	00/48 – Kompolti $\times$ GB16	50	51
00/84	00/75 – Skunk 1 $\times$ Kompolti	27	29
00/85	00/75 – Skunk 1 $\times$ Kompolti	30	33
00/86	00/75 – Skunk 1 $\times$ Kompolti	32	33
00/87	00/75 – Skunk 1 $\times$ Kompolti	37	40
00/88	00/75 – Skunk 1 $\times$ Kompolti	39	40
00/89	00/75 – Skunk 1 $\times$ Kompolti	62	59
00/90	00/75 – Skunk 1 $\times$ Kompolti	96	95

### 3.2.3 Erfassung des Blühbeginns und der morphologischen Merkmale

(*Blühbeginn*) In jedem Versuchsjahr begann die Erfassung des Blühbeginns mit dem Auftreten der ersten männlichen Blüten gegen Ende Juni. Täglich wurde der Entwicklungsgrad der männlichen Blüten an den Einzelpflanzen bonitiert. Der Blühbeginn einer Sorte oder Hanfakzession war der Tag, an dem etwa 10% der männlichen bzw. monözischen Pflanzen sichtbare Antheren aufwiesen. Die erhaltenen Daten zum Blühbeginn wurden in 13 Klassen eingeteilt, wobei eine Klasse den Zeitraum von 3 Tagen umfasste.

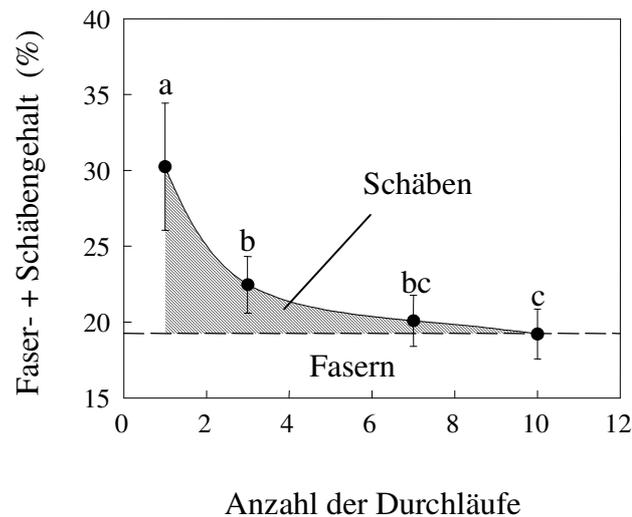
*(Morphologische Merkmale)* Bei der Ernte der Versuchspflanzen im Jahr 2000 (auch bei den F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften) wurde die Pflanzenlänge (in cm) mit dem Höhenmesser Messfix, Messbereich: 0–5,00 m (Hermann Meyer, Rellingen) gemessen. Der Stängeldurchmesser (in mm) wurde mit einem digitalen Mess-Schieber ABS 150 (Mitutoyo Messgeräte, Leonberg) bestimmt, wobei die Messung zwischen dem zweiten und dritten Nodium von der Pflanzenbasis aus erfolgte. Durch Auszählen der Nodien konnte der Blattstellungswechsel (von gegen- zu wechselständig) bonitiert werden. Außerdem wurde die Frischmasse (in g) durch Wiegen (Waagen-Typ: Profiline CWE 7745, Messbereich: 0,02 – 4 kg, Soehnle GmbH & Co.) erfasst. Bei den angebauten diözischen und subdiözischen Hanfgenotypen wurde auch das Geschlecht der Einzelpflanzen zur Ermittlung der Geschlechterverteilung bonitiert.

### 3.2.4 Bestimmung des Fasergehaltes

Die Bestimmung des Fasergehaltes der Hanfpflanzen erfolgte generell mittels mechanischer Faserisolierung. 14 Tage nach Beginn der männlichen Blüte einer Hanfform wurden Pflanzen aller Geschlechtsformen dieser Hanfform geerntet. Nach einer Lufttrocknung wurden die Pflanzen entblättert. Vor der mechanischen Faserisolierung wurden die Pflanzen mindestens 24 Stunden bei 23°C und einer relativen Luftfeuchte von 50% gelagert.

Die Isolation der Bastfasern aus dem Stängel erfolgte mittels des Laborflachsbrechers BLFB Flaksy (Bahmer Maschinenbau GmbH, Steinheim-Söhnstetten). Vor der Passage wurde die Trockenmasse des Hanfstängels ermittelt. Durch die mehrmalige Passage jedes Hanfstängels durch die rotierenden Walzen des Laborflachsbrechers wurden die Fasern mechanisch von den Schäben getrennt. Die Anpresskraft der vier gegenläufigen Walzenpaare betrug 10 N, die Isolierungsgeschwindigkeit 13 m/min. Je häufiger die Hanfstängel den Flachsbrecher durchliefen, desto mehr Schäben wurden von den Fasern getrennt. Begonnen wurde mit 10 Passagen, wobei jeweils die Trockenmasse nach einem, drei, sieben und zehn Durchläufen festgehalten wurde. Eine Erhöhung der Anzahl der Durchläufe von sieben auf zehn führte nicht mehr zu einer signifikant höheren Abtrennung der Schäben (**Abbildung 5**), so dass der Gehalt an Fasern für alle Hanfgenotyen immer nach sieben Durchläufen ermittelt wurde. Für jeden Hanfgenotyp wurden 10 zufällig ausgewählte Stängel untersucht, vorausgesetzt, es standen 10 hinsichtlich Fasergehalt auswertbare Hanfstängel zur Verfügung.

Die F<sub>1</sub>-Kreuzungsnachkommenschaften wurden stichprobenartig analysiert, die F<sub>2</sub>- (00/43, 00/48, 00/49, 00/50, 00/75, 00/78) und die F<sub>3</sub>-Nachkommenschaften (00/80-00/90) wurden komplett bewertet.



**Abbildung 5:** Fasergehalt in Abhängigkeit von der Anzahl der Durchläufe durch den Flachsbrecher. Mittelwertvergleiche wurden mit dem Tukey-Test ( $p = 0,05$ ) durchgeführt. Genbankherkunft GB29, Saison 2000,  $n = 12$ , Fehlerbalken = Standardabweichung

### 3.2.5 Bestimmung des Ölgehaltes und der Ölzusammensetzung

#### 3.2.5.1 Probenvorbereitung

Zur Bestimmung von Ölgehalt und Ölzusammensetzung wird eine definierte Saatgutmenge benötigt. Um im Freiland genügend Hanffrüchte zu ernten, war es unbedingt nötig, die Pflanzen während der Samenreife vor Vogelfraß zu schützen. Hierfür wurden selbst gefertigte Hauben aus leichtem Gardinstoff verwendet. Die Pflanzen wurden Ende Oktober geerntet, um eine vollständige Abreife unter mitteleuropäischen Klimabedingungen zu gewährleisten. Die Hanffrüchte wurden manuell von Stängel- und Blatteilen getrennt. Für die Analysen wurden Samenmischproben aus mehreren Pflanzen eines Hanfgenotypes hergestellt. Die Genbankherkunft GB37 konnte auf Grund eines zu geringen Samenansatzes nicht in die Untersuchungen einbezogen werden.

#### 3.2.5.2 Bestimmung des Ölgehaltes

Der Ölgehalt wurde gravimetrisch mittels SFE (supercritical fluid extraction) mit  $\text{CO}_2$  als Lösungsmittel bestimmt. Hierzu wurden jeweils 2 g der mit einer Mühle (Retsch, Haan) gemahlene Hanffrüchte und 2 g Seesand (Isco, Lincoln, Nebraska, USA) in Extraktionshülsen eingewogen und in die Extraktionskammer des SFE-Gerätes (FastFat™ HAT, Isco, Lincoln, Nebraska, USA) eingespannt. Reagenzgläser mit Stopfen aus Glaswolle (Merck Eurolab GmbH, Darmstadt) wurden, nachdem ihr Leergewicht bestimmt wurde, am

Gerät positioniert, um das Öl aufzufangen. Folgende Extraktionsparameter wurden eingestellt: 517 bar, 100°C und eine CO<sub>2</sub>-Durchflussrate von 120 ml/min. Es erfolgte jeweils eine Doppelbestimmung. Die Reagenzgläser wurden zur Berechnung des Ölgehaltes nach der Extraktion gewogen.

Zusätzlich wurden Hanffrüchte von 11 Genotypen mit einer Schneckenpresse (Monforts, Mönchengladbach) kalt gepresst, um die Oxidationsstabilität der gewonnenen Öle untersuchen zu können.

### **3.2.5.3 Bestimmung der Ölzusammensetzung**

#### **3.2.5.3.1 Tocopherol (Vitamin E)**

Die Bestimmung der Tocopherole wurde in Anlehnung an BALZ et al. (1992) durchgeführt. Dazu wurden jeweils 50 mg Hanföl pro Genotyp in Vials (1 ml Volumen, Carl Roth GmbH & Co., Karlsruhe) eingewogen und in 1 ml Heptan (Carl Roth GmbH & Co., Karlsruhe) gelöst. Die Identifizierung der Tocopherole erfolgte durch Vergleich mit Retentionszeiten von entsprechenden Standardsubstanzen (Merck, Darmstadt).

Die Tocopherole wurden mittels Hochdruck-Flüssigkeitschromatographie (HPLC) bestimmt, wobei ein Niederdruckgradientensystem (L-6000, Merck-Hitachi) in Kombination mit einem Fluoreszenz-Detektor (F-1000, Merck-Hitachi mit einer Anregungswellenlänge von 295 nm und einer Emmissionswellenlänge von 330 nm) verwendet wurde. Die Auswertung erfolgte mit einem D-2500 Integrationssystem (Merck, Darmstadt). Jeweils 20 µl der Probe wurden mit einem 655-A40 Autosampler (Merck, Darmstadt) auf eine HPLC-Säule (Diol-Phase, 25 cm x 4,6 mm ID, Merck, Darmstadt) injiziert. Als mobile Phase wurde ein Gemisch aus Heptan/tert. Butylmethylether (99+1, v/v) bei einer Flussrate von 1,3 ml/min verwendet. Es wurden pro Probe zwei Messwiederholungen durchgeführt.

#### **3.2.5.3.2 Fettsäurezusammensetzung**

Die Fettsäurezusammensetzung der gewonnenen Öle wurde gaschromatographisch als Fettsäuremethylester (ISO 1998) bestimmt. Hierbei wurde jeweils ein Tropfen Öl in 1 ml Heptan (Carl Roth GmbH & Co., Karlsruhe) gelöst und dann 50 µl Natriummethylat-Lösung, bestehend aus 0,5 ml 30%iger NaOCH<sub>3</sub> Lösung (Carl Roth GmbH & Co., Karlsruhe) und 0,85 ml Methanol (Carl Roth GmbH & Co., Karlsruhe), hinzugefügt. Die Lösung wurde eine Minute geschüttelt, zur besseren Phasentrennung 100 µl Wasser (für die Gaschromatographie, Carl Roth GmbH & Co., Karlsruhe) hinzugefügt und anschließend bei 4500 g zentrifugiert.

Die untere wässrige Phase wurde mit einer Pipette abgezogen und verworfen. Zur Sicherstellung eines sauren pH-Wertes wurden 20 µl HCl (1 mol) mit Indikator Methylorange hinzugefügt und die Lösung anschließend erneut geschüttelt, wobei der saure pH-Wert der Lösung durch die rote Färbung der wässrigen Phase angezeigt wurde. Durch den sauren pH-Wert wird verhindert, dass die Fettsäuremethylester zu freien Fettsäuren hydrolysiert werden. Die Lösung wurde dann durch Zugabe einer Spatelspitze Natriumsulfat getrocknet, nochmals zentrifugiert und die obere organische Phase in Vials (1 ml Volumen, Carl Roth GmbH & Co., Karlsruhe) abgefüllt. Die Identifizierung der einzelnen Fettsäuren erfolgte durch Vergleich der Retentionszeiten mit Standardsubstanzen (Sigma, Deisenhofen) mit Hilfe des Gaschromatographen HP 6890 (Hewlett-Packard). Die folgenden Reaktionsbedingungen wurden verwendet: Kapillarsäule CP-Sil 88, 100 m lang, 0,25 mm ID, Filmdicke 0,2 µm; Temperaturprogramm: von 155°C hochheizen auf 220°C (1,5°C/min), 10 min isotherm. Injektortemperatur: 250°C; Detektortemperatur: 250°C; Trägergas: 36 cm/s Wasserstoff; Split 1:50; Detektorgas: 30 ml/min Wasserstoff; 300 ml/min Luft und 30 ml/min Stickstoff; manuelle Injektion: weniger als 1 µl. Es wurde jeweils eine Doppelbestimmung vorgenommen.

### 3.2.5.3.3 Oxidationsstabilität

Die Oxidationsstabilität wurde mit dem Rancimat 743 (Metrohm, CH-Herisau) bestimmt. Dazu wurden 3,6 g selbst-kaltgepresstes Hanföl von 11 verschiedenen Hanfgenotypen und von einem handelsüblichen Hanföl in Reaktionsgefäße eingewogen. Diese wurden mit Verbindungsschläuchen an mit destilliertem Wasser gefüllte Messgefäße angeschlossen. Die Proben wurden bei einer Temperatur von 120°C einem Luftstrom von 20 l/min ausgesetzt (Autooxidation), wobei die leichtflüchtigen Oxidationsprodukte, insbesondere Ameisensäure, mit dem Luftstrom von den Reaktionsgefäßen in die Messgefäße transferiert und dort in die Messlösungen (destilliertes Wasser) absorbiert wurden. Durch die kontinuierliche Aufzeichnung der Leitfähigkeit der Messlösungen erhält man Oxidationskurven, deren Knickpunkt als Induktionszeit bezeichnet wird und eine gute Kenngröße für die Oxidationsstabilität darstellt. Es wurden jeweils Doppelbestimmungen durchgeführt. Für die 11 kaltgepressten Hanföle wurden anschließend der Gesamttocopherolgehalt und die Tocopherolzusammensetzung sowie die Fettsäurezusammensetzung bestimmt.

### 3.2.6 Bestimmung des THC- und des CBD-Gehaltes

Die Bestimmung des THC-Gehaltes in den Versuchsjahren 1999-2002 wurde in Anlehnung an DE MEIJER et al. (1992) durchgeführt. Die Probennahme erfolgte während der Blüte zum Zeitpunkt der beginnenden Samenreife. Als Probe diente der fruchttragende Teil des Haupttriebes. Um die Verteilung der Cannabinoide innerhalb der Pflanzen zu untersuchen, wurden an ausgewählten Pflanzen an jedem Nodium Proben entnommen. Dies erfolgte von der Pflanzenbasis beginnend aufwärts zählend. Die Sorten wurden zum größten Teil im Versuchsjahr 2000 untersucht. Bei den F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften 00/43, 00/48, 00/49, 00/50, 00/75 wurden alle weiblichen Pflanzen und bei 00/78 zusätzlich die männlichen Pflanzen auf ihre Cannabinoidgehalte hin untersucht. Alle weiblichen Pflanzen der F<sub>3</sub>-Nachkommenschaften 00/86-00/89 wurden ebenfalls untersucht.

Nach der Probennahme erfolgte die Trocknung im Trockenschrank (bei ca. 35°C für 10-12 Tage). Nach Entfernung der Samen und Stängelstücke wurden die Proben zu einem feinen Blattpulver vermahlen, welches kurz vor der Extraktion 4 Stunden bei 103°C getrocknet wurde. 100 mg dieses Pulvers wurden auf 1 mg genau in 50 ml Falcon Tubes (Rotilabo<sup>®</sup>, Carl Roth GmbH & Co., Karlsruhe) eingewogen. Anschließend wurden 5 ml Extraktionslösung hinzu gegeben. Dies ist ein Hexan-Squalan-Gemisch, bestehend aus 100 ml n-Hexan (Carl Roth GmbH & Co., Karlsruhe) und 35 mg Squalan (für die Gaschromatographie, Merck Eurolab GmbH, Darmstadt). Die Extraktion des THC erfolgte 20 Minuten im Ultraschallbad. Anschließend wurden die Proben zentrifugiert und der Überstand in Vials (1 ml Volumen) mit Schraubdeckel und entsprechendem Septum (Carl Roth GmbH & Co., Karlsruhe) überführt. Die Analyse der Cannabinoide erfolgte mittels Gaschromatographie. Verwendet wurde ein Hewlett-Packard-Gaschromatograph HP 5890 mit dem Autosampler 3773A, einem split-splitless-Injektor (Splitverhältnis: 30:1) und einem FID (Flammenionisationsdetektor) mit einer Kapillarsäule HP 5 (30 m Länge, innerer Durchmesser 0,32 mm) mit 5% Phenyl-Methyl-Silicon (Filmdicke 0,25 µm). Als Trägergas kam Stickstoff zur Anwendung, wobei der Säulenvordruck 7 PSI, der Gesamtdurchfluss 25 ml/min und die Septumpülung 2,8 ml/min betragen. Das Temperaturprogramm war wie folgt eingestellt: Der Ofen sollte 240°C für drei Minuten halten und anschließend mit einer Rate von 15°C /min 280°C erreichen, die für weitere 5 Minuten gehalten werden sollten. Die THC- und CBD-Konzentrationen der Proben wurden auf Basis der Pulver-Trockenmassen mit einer HP 3365 Serie II ChemStation Vers. A.03.34 nach der Internen-Standard-Methode berechnet.

### 3.2.7 Genotypendifferenzierung unter Betrachtung der phänotypischen und molekularbiologischen Daten

Alle erhobenen phänotypischen und molekularbiologischen Daten wurden einer Clusteranalyse unterzogen. Für die Erhebung molekularbiologischer Daten wurde eine Diplomarbeit zum Thema: „Differenzierung von Hanfgenotypen mittels AFLP“ mit 40 Hanfgenotypen aus der hier beschriebenen Hanfkollektion angefertigt (Klein 2003). 16 Primer-Kombinationen wurden an DNA-Bulks (Mischproben) aus 5 Einzelpflanzen je Hanfgenotyp getestet. Aus der so entstandenen 0/1 Datenmatrix (mit 0 keine Bande und 1 Bande vorhanden) wurden Ähnlichkeitskoeffizienten (Dice) berechnet und ein Dendrogramm erstellt (UPGMA). Die Gruppierungen aus dem Dice-Dendrogramm sollten anhand der phänotypischen Daten verifiziert werden. Hierzu wurden Mittelwertvergleiche durchgeführt. Die durch die AFLP-Analyse erzeugten Banden wurden mit den in dieser Arbeit erhobenen phänotypischen Daten mit Hilfe eines t-Testes verrechnet. Die An- bzw. Abwesenheit der Banden wurde hierbei als Klassifizierungsvariable (unabhängige Variable) verwendet. Als Zielgrößen fungierten die metrischen Daten.

### 3.2.8 Datenauswertung

Für die statistische Auswertung der Versuchsdaten wurden Varianz- und Korrelationsanalyseverfahren angewendet. Im Anschluss an die Varianzanalyse wurden in einigen Fällen multiple Mittelwertvergleiche durchgeführt. Für diese Prozeduren wurden die Programm-Pakete SPSS und SAS verwendet. Die Berechnung der Heritabilitäten wurde mit dem Programm PLABSTAT (UTZ 2002) durchgeführt:

mit 2 Wiederholungen:

$$h^2 = V_G / (V_G + (V_{G*J}/j) + (V_{ERR}/j*r))$$

mit 1 Wiederholung:

$$h^2 = V_G / (V_G + (V_{G*J}/j))$$

mit:

j - Anzahl der Jahre; r - Anzahl der Wiederholungen;  $V_G$  - genotypische Varianz;  $V_{G*J}$  - Interaktionsvarianz Genotyp\*Jahr,  $V_{ERR}$  - Fehlervarianz

Die Clusteranalyse der molekularen Daten wurde mit NTSYS, die Clusteranalyse der phänotypischen Daten mit R erstellt (R DEVELOPMENT CORE TEAM 2005).

Im Folgenden wird die Standardabweichung als Streuungsmaß angegeben. Signifikanzen für  $p = 0,05$ ;  $0,01$  oder  $0,001$  werden mit \*, \*\* oder \*\*\* gekennzeichnet.

## 4. Ergebnisse

### 4.1 Erstellung der Kreuzungspopulationen

Die in den Isolierkabinen des Gewächshauses bestäubten Hanfpflanzen zur Produktion der F<sub>1</sub>-Generationen zeigten einen deutlichen Samenansatz sowohl bei natürlicher Bestäubung als auch bei Bestäubung mit den tiefgefrorenen Hanfpollen. Es konnte beobachtet werden, dass eine Pollenlagerung bei  $-80^{\circ}\text{C}$  über einen Zeitraum von mindestens 6 Monaten ohne Vitalitätsverlust der Pollen möglich war. Die Anzahl der geernteten Samen war auf Grund der niedrigeren Pflanzenlänge der Gewächshauspflanzen im Vergleich zu normal entwickelten Pflanzen gering. Während der Abreife der Pflanzen in den Isolierkabinen trat ein starker Blattlausbefall auf.

Die zwei unterschiedlichen im Freiland verwendeten Isolationsmaterialien unterschieden sich stark hinsichtlich ihrer Durchlässigkeit für Hanfpollen. Die mit Hilfe von Baumwollstoff isolierten rein weiblichen Pflanzen zeigten einen deutlichen Samenansatz. Es muss davon ausgegangen werden, dass Hanfpollen diese Isolierung durch eine Gewebepassage überwinden kann (Gewebeporen bis  $100\ \mu\text{m}$  Durchmesser, Hanfpollen ca.  $30\ \mu\text{m}$  Durchmesser) und somit eine Isolierung mit diesem Gewebestoff ungeeignet ist (vergleiche **Abbildung 6 (A)**). Aus diesem Grunde wurden die so erstellten Kreuzungsgenerationen verworfen und nicht weiter bearbeitet. Die rein weiblichen Pflanzen, die mittels Schlauchfolie isoliert waren, zeigten keinen Samenansatz. Das bedeutet, dass Schlauchfolie als Isolationsmaterial voll geeignet ist. Allerdings trat hier eine starke Kondenswasserbildung auf, was einen Befall mit *Botrytis cinera* begünstigte.



**Abbildung 6:** (A) Pore des Gewebestoffes im Vergleich zum Hanfpollen, (B) Durchwuchs der Hanfpflanzen durch die Isolationsmaterialien

Neben dem Krankheitsbefall traten aber noch weitere Probleme auf. Auf Grund des starken Höhenwachstums der Pflanzen kam es in einigen Fällen zu einem „Durchwuchs“ der Pflanzen durch die verwendeten Isolationsmaterialien (**Abbildung 6 (B)**). Außerdem musste in einigen Fällen beobachtet werden, dass die für die Stabilität der Pflanzen verwendeten Eisengestelle bei starkem Wind in Verbindung mit Niederschlag umfielen. Dadurch bedingt konnten dann keine Isolationsbedingungen mehr gewährleistet werden.

## 4.2 Blühbeginn und morphologische Merkmale

### 4.2.1 Blühbeginn

In den Versuchsjahren 2000 und 2001 wurden alle 59 Hanfsorten und -akzessionen im Freiland hinsichtlich des Blühbeginns analysiert, wobei aber nur 49 davon zweijährig geprüft werden konnten. Sieben von acht ungarischen Kreuzungspopulationen wurden ebenfalls zweijährig beurteilt.

Die Hanfgenotypen zeigten bezüglich des Blühbeginns eine breite Variation (**Tabelle 8**). Es konnten 13 verschiedene Blühklassen gebildet werden, wobei eine Klasse den Zeitraum von drei aufeinander folgenden Tagen darstellt. In **Abbildung 7** wird die enge lineare Beziehung zwischen den Jahren beim Blühbeginn der zweijährig angebauten Hanfgenotypen deutlich. Unterschiede im Blühbeginn zwischen beiden Versuchsjahren konnten statistisch nicht nachgewiesen werden ( $p = 0,366$ ). Zuerst blühte die slowakische Genbankakzession GB16 (mittlerer Blühbeginn 52 Tage nach Aussaat) und am spätesten blühten die italienischen Sorten ‘Carmagnola’, ‘CS’ und ‘Fibranova’ sowie die koreanische Genbankakzession GB23 (Blühbeginn > 99 Tage nach Aussaat). 55-58 Tage nach Aussaat kamen unter mitteleuropäischen Klimabedingungen die monözische Hanfsorten aus dem mittlrussischen Formenkreis (‘Uso 14’, ‘Uso 31’, ‘Juso 14’, ‘Juso 31’), die deutsche Faserhanfsorte ‘Fasamo’ sowie die beiden Genbankakzessionen GB27 (unbekannt) und GB30 (‘Bernburger Einhäusiger’) zur Blüte, gefolgt von den monözischen ukrainischen und polnischen Sorten (z. B. ‘Gluchivski-33’, ‘Bialobrezeskie’). Daran schlossen sich die aus Frankreich stammenden Genotypen (beginnend mit ‘Fédora 19’) sowie letztendlich die aus dem südlichen (‘FxT’, ‘Lovrin 110’) und asiatischen (GB20, GB23) Formenkreisen an. Zu den spät blühenden Genotypen gehörten alle Drogen-Typen (11. und 12. Klasse).

Der mittlere Blühbeginn der ungarischen Kreuzungspopulationen konnte den Klassen 8 bis 13 zugeordnet werden. P53 (F. belt × T. belt) blühte bereits 79 Tagen nach der Aussaat, während bei den beiden Kreuzungspopulationen P52 (Kinai unisex × ‘Kompolti’) und P59 (Kinai unisex) erst zum Ende der Vegetationsdauer erste Blüten erkennbar waren, letztere gehören

somit in die Klasse 13. P54 (Kinai unisex × ‘Uniko-B’) ist wie P53 (F. belt x T. belt) in die 8. Klasse einzuordnen. P56 (‘Fibrimon’ × T. belt), P57 (‘Fibrimon’ × ‘F×T’) und P60 (‘Fibrimon’ × Kinai unisex) konnten der 9. Klasse und P51 (T. belt × Sz. belt) der 10. Klasse zugeordnet werden.

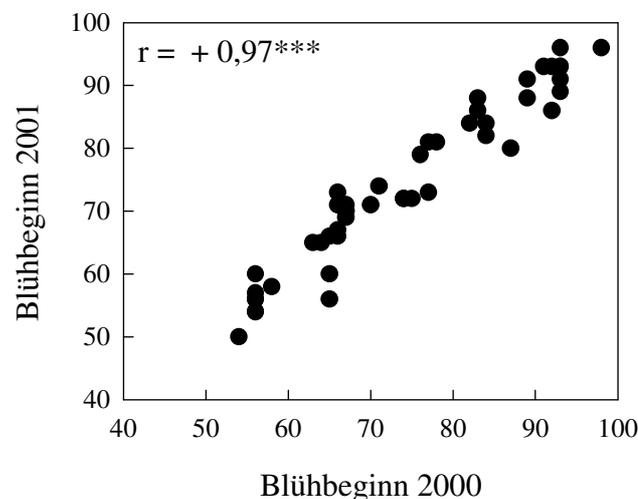
**Tabelle 8:** Mittlerer Blühbeginn der 59 Hanfgenotypen und 8 ungarischen Kreuzungspopulationen in den Jahren 2000 und 2001, eingeteilt in 13 Klassen

Klasse	Herkunft/Sorte	Anzahl Tage nach Aussaat
1	GB16	52
2	Juso 14, Juso 31, GB30, Uso 14, Uso 31, GB27, Fasamo	55–58
3	Gluchivski-33	59–62
4	Gluchivski-46, Bialobrezeskie, GB37, GB18 <sup>3</sup> GB17, GB31	63–66
5	Fédora 19, Fédora 17 <sup>1</sup> , GB22, Beniko, GB36, Férimon, GB28, GB35	67–70
6	Glera, Zolotonoshskaya-11, GB32, Fibrimon, Fibrimon 56	71–74
7	GB33, Dneprovskaya odnodomnaya 14	75–78
8	FxT, Lovrin 110, GB19 <sup>2</sup> , P53, P54	79–82
9	GB34, Fédrina 74, GB21, Ramo, Félina 34, Futura, GB25 <sup>2</sup> , P56 <sup>2</sup> , P57, P60	83–86
10	Lipko, GB29, Epsilon 68, P51	87–90
11	GB14, White Widow <sup>1</sup> , The Passion 1 <sup>1</sup> , GB15, GB20, Uniko-B, GB24, Helvetica	91–94
12	GB26, Northern Light <sup>1</sup> , Skunk 1 <sup>1</sup> , Kompolti	95–98
13	GB 23, Fibranova <sup>2</sup> , CS <sup>2</sup> , Carmagnola <sup>2</sup> , P52, P59	>99

<sup>1</sup>Anbau nur in 2000

<sup>2</sup>Anbau nur in 2001

<sup>3</sup>zweijähriger Anbau, Bonitur nur in 2001 möglich



**Abbildung 7:** Blühbeginn von 48 Hanfgenotypen (ohne ungarische Kreuzungspopulationen) in den Versuchsjahren 2000 und 2001 (in Tagen nach der Aussaat)

Die als Kreuzungseltern verwendete Genbankakzession GB16 und die ungarische Faserhanfsorte ‘Kompolti’ waren durch einen sehr starken Unterschied beim Blühbeginn gekennzeichnet.

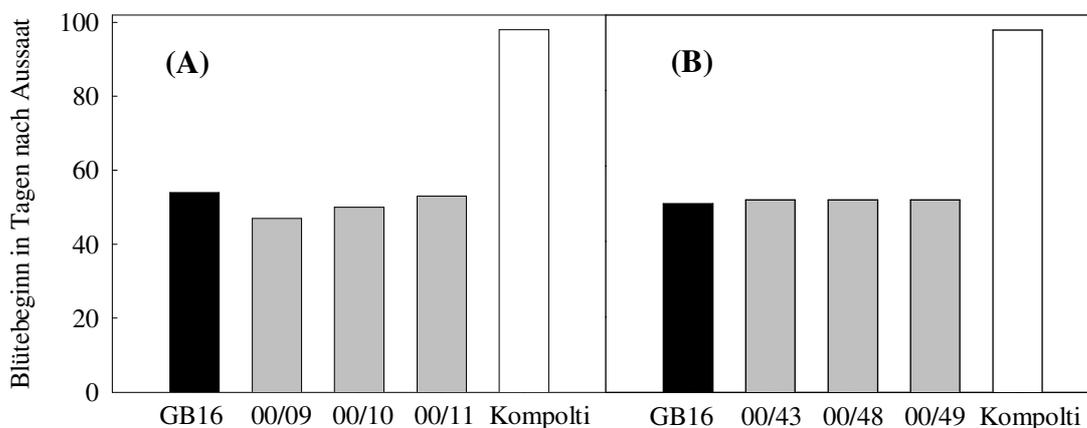
GB16 wies bereits 52 Tage nach Aussaat (im Mittel) offene männliche Blüten auf (Klasse 1), während ‘Kompolti’ erst 95-98 Tage nach Aussaat blühte (Klasse 12). Innerhalb der Kreuzungspopulationen ( $F_1$ : 00/09, 00/10, 00/11,  $F_2$ : 00/43, 00/48, 00/49, 00/50) wurde der Blühbeginn aller vorhandenen männlichen Pflanzen bonitiert. Der Blühbeginn der  $F_1$ -Nachkommenschaften der Kreuzung 00/09 (GB16  $\times$  ‘Kompolti’) sowie der reziproken Kreuzungen 00/10 und 00/11 (‘Kompolti’  $\times$  GB16) lag im Bereich des Kreuzungspartners GB16, unabhängig davon, ob die Akzession als väterlicher oder mütterlicher Elter eingesetzt wurde (**Abbildung 8**, **Tabelle 9**). Das Blühverhalten der innerhalb der  $F_1$ -Nachkommenschaften in der Saison 2000 durch Pärchenkreuzungen erstellten  $F_2$ -Nachkommenschaften war mit dem der  $F_1$ -Nachkommenschaften vergleichbar.

**Tabelle 9:** Blühbeginn (in x Tagen nach Aussaat) der Eltern ( $P_1$  und  $P_2$ ) in der Saison 2000 und 2001 sowie der  $F_1$ - (2000) und der  $F_2$ -Nachkommenschaften (2001). 10% der männlichen Pflanzen wiesen zum angegebenen Termin offene Blüten auf

Kreuzungspartner ( $P_1 \times P_2$ )	$P_1^1$	$P_2^1$	$F_1^2$	$F_2^2$
GB16 $\times$ Kompolti	54/50	98/96	00/09: 47 (8)	00/43: 51 (44)
Kompolti $\times$ GB16	98/96	54/50	00/10: 50 (10)	00/48: 51 (52) 00/49: 51 (61)
Kompolti $\times$ GB16	98/96	54/50	00/11: 53 (11)	-

<sup>1</sup>Der erste Wert gibt den Blühbeginn in 2000, der zweite den Blühbeginn in 2001 an

<sup>2</sup>Werte in Klammern geben den Stichprobenumfang an



**Abbildung 8:** Blühbeginn (in Tagen nach Aussaat) der Kreuzungseltern GB16 und ‘Kompolti’ sowie der  $F_1$ -Nachkommenschaften (Saison 2001, (A)) und der  $F_2$ -Nachkommenschaften (Saison 2002, (B))

Auch der Blühbeginn der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften lag im Bereich des Elters GB16. Bei allen drei Kreuzungen hatten 10% der männlichen Pflanzen bereits 51 Tage nach der Aussaat offene Antheren. Das Merkmal Blühbeginn war durch ein enges Zeitfenster gekennzeichnet. Variation war nicht messbar, da die Daten in einer Parzelle erhoben wurden.

#### 4.2.2 Morphologische Merkmale

Im Versuchsjahr 2000 konnten 48 Hanfgenotypen der vorhandenen Hanfkollektion hinsichtlich morphologischer Merkmale charakterisiert werden (**Tabelle 10**). Auf Grund ihres abweichenden Pflanzenwuchses (niedrige Pflanzenlänge und Verzweigungen) blieben alle Drogenhanftypen unberücksichtigt. Die analysierten Hanfformen unterschieden sich in den untersuchten Merkmalen Pflanzenlänge, Frischgewicht, Stängeldurchmesser und Blattstellungswechsel hochsignifikant ( $p = 0,001$ ) voneinander. Eine maximale mittlere Pflanzenlänge, ein maximales mittleres Frischgewicht sowie einen maximalen mittleren Stängeldurchmesser erreichte die unisexuelle ungarische Sorte 'Uniko-B'. Die ukrainischen Sorten 'Juso 31' und 'Juso 14' zeigten das kleinste mittlere Längenwachstum sowie, zusammen mit der Genbankakzession GB16, das niedrigste mittlere Frischgewicht. Der niedrigste bzw. höchste mittlere Blattstellungswechsel (Anzahl Nodien) wurde u. a. bei der Genbankakzession GB31 bzw. der Schweizer Sorte 'Helvetica' beobachtet. Die detaillierte Gruppierung der Sorten, Akzessionen und Kreuzungspopulationen hinsichtlich dieser 4 Merkmale befindet sich in den **Tabellen im Anhang A1 bis A4**.

Es bestanden u. a. signifikante positive Korrelationen zwischen dem Blattstellungswechsel und der Pflanzenlänge, dem Frischgewicht und der Pflanzenlänge, dem Frischgewicht und dem Stängeldurchmesser sowie zwischen der Pflanzenlänge und dem Stängeldurchmesser (**Tabelle 11**).

Die morphologischen Daten der F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften sind in der **Tabelle A5** im Anhang ausführlich dargestellt. Auffällig war bei den F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften ein hochsignifikanter Unterschied in der Pflanzenlänge zwischen den Kreuzungen mit 'Kompolti' als Elter und ohne 'Kompolti' als Elter. Die Nachkommenschaften mit 'Kompolti' als Kreuzungspartner waren signifikant länger als die Kreuzungen ohne 'Kompolti' (siehe **Abbildung 9** und **Tabelle A6** im Anhang). Die Kreuzungspopulationen aus Ungarn waren mit Ausnahme von P57, P59 und P60 länger als Kreuzungen mit 'Kompolti' als Kreuzungselter.

**Tabelle 10:** Deskriptive Statistik der morphologischen Merkmale von 48 untersuchten Hanfgenotypen im Versuchsjahr 2000

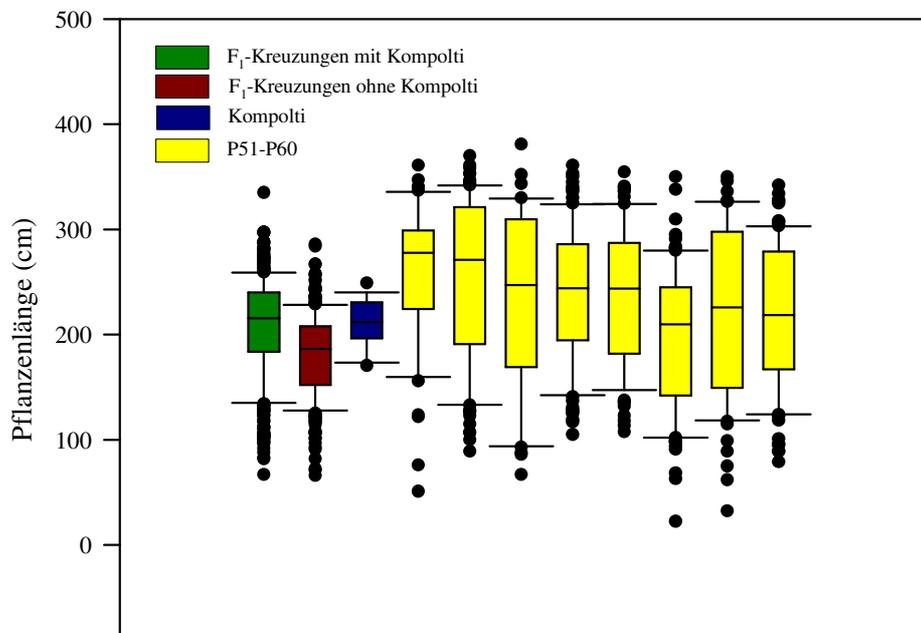
Genotypen	Pflanzenlänge (cm)		Frischgewicht (g)		Stängeldurchmesser (mm)		Blattstellungswechsel (Nodium)	
	Mittel	STD	Mittel	STD	Mittel	STD	Mittel	STD
Beniko	180	60	149	188	10	5	12	2
Bialo. <sup>1</sup>	189	68	176	231	10	6	12	2
D.o. 14 <sup>2</sup>	178	63	144	163	10	5	12	1
Epsilon 68	209	74	197	216	12	6	11	1
Fasamo	158	40	101	73	9	3	12	1
Fédora 17	221	16	189	55	13	2	12	1
Fédora 19	182	51	145	172	10	4	12	2
Fédrina 74	206	77	205	274	12	7	11	2
Félina 34	196	66	210	271	11	6	11	1
Férimon	169	57	124	165	9	5	11	2
Fibrimon	185	62	234	597	11	6	12	2
Fibrimon 56	233	53	460	380	17	6	10	2
Futura	200	75	197	3	11	9	12	2
FxT	213	64	200	288	12	6	13	2
Glera	159	52	99	108	9	4	11	1
Glu.-33 <sup>3</sup>	165	69	156	212	10	6	10	1
Glu.-46 <sup>4</sup>	180	65	154	194	10	6	11	2
Helvetica	291	65	332	315	17	8	14	2
Juso 14	138	43	89	87	8	4	11	1
Juso 31	146	47	78	76	8	3	11	1
Kompolti	263	70	242	300	14	7	13	2
Lipko	226	66	200	210	12	5	13	3
Lovrin 110	213	61	185	318	11	6	13	2
Ramo	231	53	259	362	14	6	12	1
Uniko-B	315	52	1039	566	30	8	13	3
Uso 14	181	60	151	194	10	5	10	1
Uso 31	175	46	105	102	9	4	11	1
Zolo.-11 <sup>5</sup>	194	60	182	225	11	6	13	1
GB15	239	68	360	501	14	7	12	2
GB16	149	33	66	67	8	3	9	1
GB17	213	64	400	465	16	9	11	2
GB20	221	61	228	252	13	6	12	2
GB21	202	65	245	362	12	7	12	2
GB22	220	60	179	273	12	6	12	2
GB23	224	54	377	437	15	8	12	2
GB24	188	48	159	216	11	5	12	2
GB26	215	62	185	207	12	7	14	2
GB27	169	40	110	117	9	4	11	1
GB28	192	77	191	227	10	6	12	1
GB29	241	48	206	281	12	6	13	1
GB30	173	58	141	147	11	4	11	2
GB31	168	43	192	151	12	5	9	2
GB32	168	45	184	124	13	5	9	1
GB33	203	61	259	278	14	7	10	1
GB34	207	59	240	374	17	27	9	2
GB35	171	52	186	262	10	6	9	1
GB36	148	44	298	358	13	7	14	2
GB37	171	47	196	243	12	7	13	2

<sup>1</sup> Bialobrezeskie<sup>3</sup> Gluchivski-33<sup>5</sup> Zolotonoshskaya-11<sup>2</sup> Dneprovskaya odnodomnaya 14<sup>4</sup> Gluchivski-46

**Tabelle 11:** Korrelationen zwischen den morphologischen Merkmalen der 56 untersuchten Hanfgenotypen in der Saison 2000

Variable	Korrelationskoeffizient 2000			
	Blattstellungswechsel (Nodium)	Frischgewicht (g)	Pflanzenlänge (cm)	Stängeldurchmesser (mm)
Blattstellungswechsel				
Frischgewicht	0,25			
Pflanzenlänge	0,52**	0,70**		
Stängeldurchmesser	0,23	0,91**	0,75**	
Blühbeginn	0,47**	0,46**	0,75**	0,53**

\*\* Signifikanz der Korrelationskoeffizienten bei  $p = 0,01$



F<sub>1</sub>-Nachkommenschaft und Kreuzungen aus Ungarn

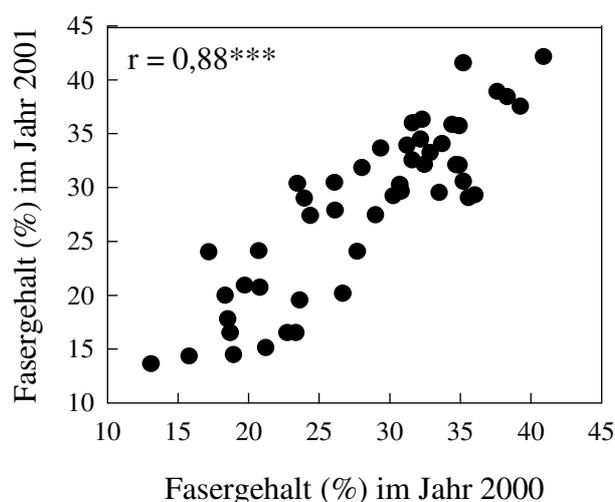
**Abbildung 9:** Pflanzenlänge (cm) der F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften, gruppiert in Kreuzungen mit 'Kompolti' als Elter und in Kreuzungen ohne 'Kompolti' als Elter, sowie 'Kompolti' und der acht ungarischen Kreuzungspopulationen (dargestellt in folgender Reihenfolge von rechts nach links: P51, P52, P53, P54, P56, P57, P59, P60) im Versuchsjahr 2000 (Daten von P56 aus Versuchsjahr 2001)

### 4.3 Fasergehalt

An 47 Hanfgenotypen (2000: 55, 2001: 53 Hanfformen) konnten in beiden Versuchsjahren Fasergehaltsbestimmungen durchgeführt werden.

Eine Varianzanalyse ergab hochsignifikante Unterschiede zwischen den ermittelten Fasergehalten ( $p = 0,001$ ). Die Variationskoeffizienten lagen im Jahr 2000 bei 29,01% und im Jahr 2001 bei 28,87%. Der Einfluss des Jahres war hinsichtlich des Fasergehaltes nicht signifikant ( $p = 0,997$ ). Es konnte eine Wechselwirkung zwischen Genotyp  $\times$  Jahr ( $p = 0,001$ ) beobachtet werden. Die Fasergehalte der zweijährig analysierten 47 Genotypen waren in den Versuchsjahren 2000 und 2001 positiv korreliert mit  $r = 0,88^{***}$  (**Abbildung 10**). Die mittleren Fasergehalte der Genbankherkünfte lagen deutlich unter den der bereits auf hohen Fasergehalt selektierten Faserhanfsorten (**Tabelle 12, Tabelle A7**). Bei der ungarischen diözischen Sorte ‘Kompolti’ konnte in beiden Versuchsjahren der höchste mittlere Fasergehalt mit 40,89% (2000) bzw. 42,15% (2001) festgestellt werden. Die Drogenhanfsorten ‘Skunk 1’ (11,94%) und ‘White Widow’ (15,44%) zeichneten sich bei einjähriger Prüfung (2000) durch niedrige Fasergehalte aus (**Tabelle 12, Tabelle A7**).

Beim Vergleich der monözischen mit den diözischen Faserhanfsorten konnte kein Unterschied im mittleren Fasergehalt ( $p = 0,564$ ) festgestellt werden (**Abbildung 11 (A)**). Bei den diözischen Sorten unterschieden sich die männlichen nicht von den weiblichen Pflanzen ( $p = 0,817$ ) hinsichtlich Fasergehalt (**Abbildung 11 (B)**). Aber bei den Genbankherkünften wiesen die männlichen Pflanzen einen leicht erhöhten Fasergehalt im Vergleich zu den weiblichen Pflanzen ( $p = 0,003$ ) auf (**Abbildung 11 (C)**), wobei für die männlichen Pflanzen



**Abbildung 10:** Mittlerer Fasergehalt (% der Trockenmasse) von 47 zweijährig (2000, 2001) geprüften Hanfgenotypen

**Tabelle 12:** Deskriptive Statistik des Fasergehaltes (%) von 53 untersuchten Hanfgenotypen und den ungarischen Kreuzungspopulationen in den Jahren 2000 und 2001

	Fasergehalt (%) im Jahr 2000					Fasergehalt (%) im Jahr 2001				
	Mittel	STD	Min	Max	N	Mittel	STD	Min	Max	N
Beniko	38,30	2,64	32,26	41,03	11	38,43	6,93	21,14	47,45	10
Bialobrezeskie	32,46	3,67	26,65	38,46	10	32,13	2,39	28,28	34,72	10
Carmagnola						28,73	4,24	20,00	35,96	11
CS						26,10	4,79	14,06	31,42	13
D.o. 14 <sup>1</sup>	30,82	6,40	23,43	46,13	16	29,66	2,85	25,16	35,52	10
Epsilon 68	29,35	4,85	24,56	39,95	10	33,66	3,21	28,81	40,00	10
Fasamo	24,37	2,35	20,85	27,17	11	27,40	3,64	23,23	35,45	10
Fédora 19	26,07	2,07	22,99	29,24	10	30,47	2,89	25,62	34,01	12
Fédrina 74	34,91	7,57	25,50	45,78	8	32,09	4,14	26,04	38,16	10
Félina 34	33,51	6,57	25,82	44,77	11	29,52	2,32	25,00	33,33	10
Férimon	30,71	2,74	26,20	36,05	11	30,27	3,18	25,22	33,56	10
Fibranova						26,70	4,60	19,43	32,69	10
Fibrimon 56	24,91	3,74	20,28	29,37	6					
Fibrimon	28,98	2,82	26,21	34,31	9	27,46	5,05	20,34	37,93	10
Futura	30,23	3,21	24,43	34,21	10	29,22	2,33	25,32	33,33	10
FxT	31,23	3,51	24,85	36,89	10	33,91	3,25	27,68	39,73	10
GB15	18,52	5,12	13,76	30,83	10	17,79	3,18	13,43	22,35	12
GB16	23,35	2,78	19,50	28,21	12	16,52	2,57	14,29	22,22	10
GB19						23,16	5,78	9,09	28,75	13
GB20	15,93	3,76	7,65	21,45	10					
GB21	26,66	5,52	18,20	34,01	10	20,18	3,61	16,33	27,24	10
GB22	18,33	3,55	14,16	23,70	10	19,98	6,48	12,93	29,82	10
GB23	18,92	5,37	12,76	30,09	8	14,49	2,45	11,27	18,97	10
GB24	20,01	5,92	11,48	34,48	14					
GB25						21,74	2,42	17,88	26,32	10
GB26	21,21	5,06	13,67	26,70	9	15,12	2,91	10,26	18,75	12
GB27	17,18	2,72	12,83	22,46	13	24,01	2,61	20,36	27,62	10
GB28	30,11	6,47	22,78	48,08	13					
GB29	20,71	1,70	17,20	24,08	19	24,13	2,74	20,61	28,00	10
GB30	26,12	2,86	20,47	30,77	10	27,89	3,01	23,64	32,85	10
GB31	22,72	4,29	16,48	26,28	4	16,52	2,74	12,64	21,58	10
GB32	20,80	2,09	17,68	22,19	4	20,73	5,19	13,92	28,68	10
GB33	23,62	1,66	21,76	26,62	10	19,55	1,89	17,24	22,60	10
GB34	18,70	4,39	10,93	26,90	12					
GB35	22,46	4,39	14,99	31,44	11					
GB36	15,78	4,33	9,76	23,97	17	14,34	3,71	10,00	21,54	10
GB37	13,09	5,06	9,51	16,67	2	13,63	1,28	11,24	15,79	10
Glera	32,86	2,13	29,76	37,28	12	33,25	1,69	30,74	36,36	11
Gluchivski-33	31,59	2,22	28,00	33,97	8	32,54	4,08	27,21	38,61	10
Gluchivski-46	36,02	4,88	30,99	48,80	10	29,31	3,30	25,00	35,16	10
Helvetica	37,61	3,59	30,60	40,48	6	38,92	4,59	33,02	47,06	10
Juso 14	32,28	2,97	28,31	37,10	11	36,32	4,05	30,82	42,07	10
Juso 31	34,70	2,90	29,56	38,57	10	32,12	2,65	28,67	35,95	10
Kompolti	40,89	3,80	34,95	47,12	13	42,15	2,75	37,07	46,72	10
Lipko	35,57	3,92	29,81	44,38	11	29,06	2,15	25,95	31,79	10
Lovrin 110	27,69	2,98	22,36	30,93	10	24,06	4,15	19,12	33,64	10
P51	23,94	2,73	18,01	27,70	10	29,01	3,28	24,62	33,33	10
P52	39,25	3,86	33,84	46,76	13	37,53	2,68	32,64	42,22	10
P53	23,45	2,53	20,61	27,06	5	30,38	1,86	27,33	33,55	10
P54	35,20	3,12	28,99	41,46	17	41,56	5,85	33,71	51,82	10
P56						31,83	2,43	27,12	34,72	10
P57	34,91	3,51	30,94	40,00	5	35,73	4,75	30,34	47,00	10
P59	34,41	3,30	28,93	41,72	10	35,84	4,51	26,62	40,93	10
P60	35,22	2,44	31,51	39,84	11	30,58	3,17	26,19	36,05	10

**Fortsetzung Tabelle 12:** Deskriptive Statistik des Fasergehaltes (%) von 53 untersuchten Hanfgenotypen und den ungarischen Kreuzungspopulationen in den Jahren 2000 und 2001

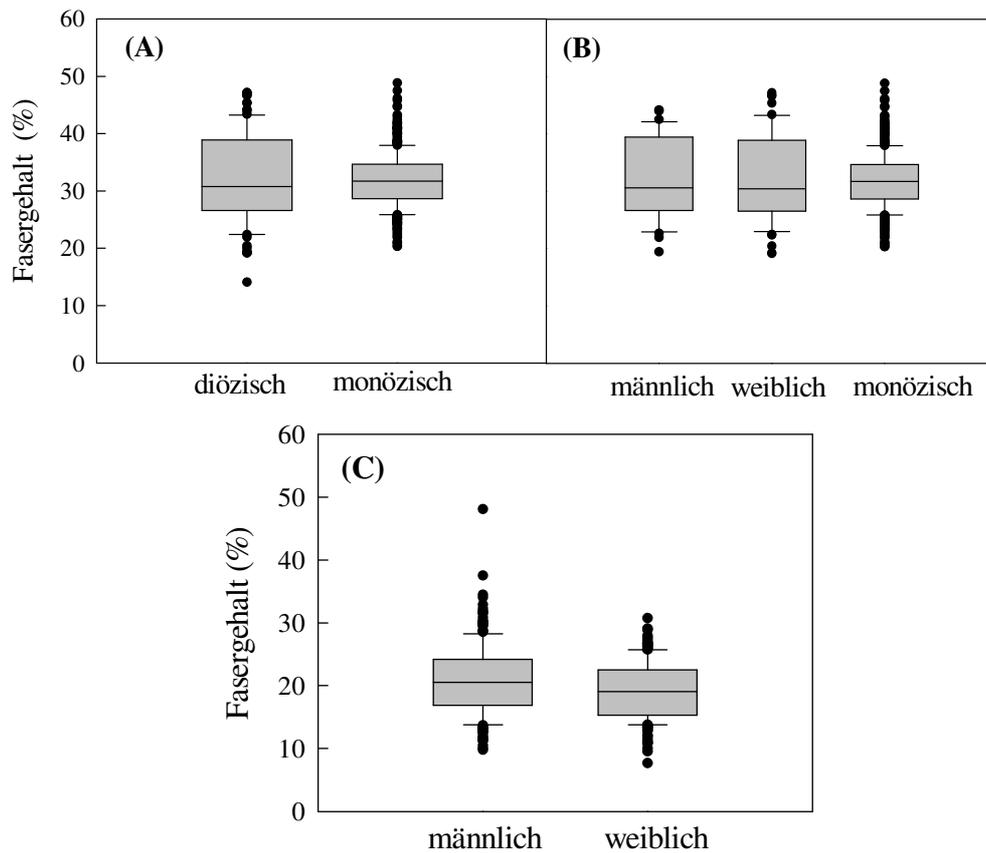
	Fasergehalt (%) im Jahr 2000					Fasergehalt (%) im Jahr 2001				
	Mittel	STD	Min	Max	N	Mittel	STD	Min	Max	N
Ramo	19,72	1,42	16,98	21,74	10	20,92	3,51	16,72	28,87	10
Skunk 1	11,94	1,82	10,25	14,33	4					
Uniko-B						34,84	5,36	29,33	44,76	9
Uso 14	31,60	2,02	28,11	35,01	11	35,99	4,64	29,29	43,00	10
Uso 31	32,18	2,00	28,65	35,16	10	34,49	2,88	29,43	39,07	10
White Widow	15,44	0,49	15,10	15,79	2					
Zolo.-11 <sup>2</sup>	33,70	3,84	28,23	41,12	13	34,07	3,97	28,74	40,66	10

<sup>1</sup>Dneprovskaya odnodomnaya 14

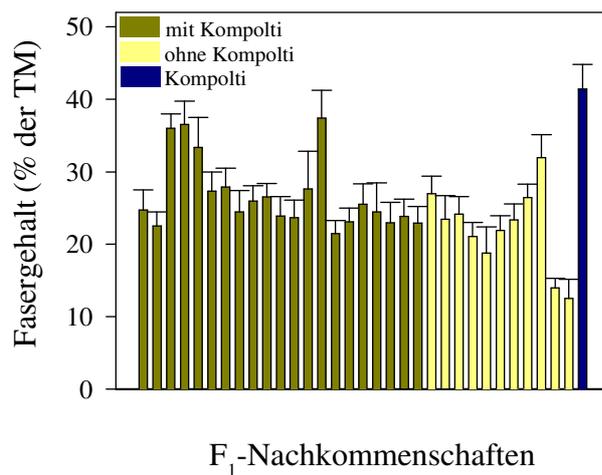
<sup>2</sup>Zolotonoshskaya-11

Mittelwerte von  $20,89\% \pm 5,72$  und für die weiblichen Pflanzen von  $19,24\% \pm 4,69$  ermittelt werden konnten. Die Heritabilität des Fasergehaltes betrug 0,91. Es gab keine signifikanten Beziehungen zwischen Fasergehalt und Pflanzenlänge ( $r = 0,09$ ), Frischmasse ( $r = 0,02$ ) und Stängeldurchmesser ( $r = 0,02$ ). Eine schwach positive Korrelation mit  $r = 0,13^{**}$  konnte lediglich beim Blattstellungswechsel beobachtet werden.

Die Fasergehalte der  $F_1$ -Kreuzungen im Jahr 2000 sind in **Tabelle A8** aufgelistet. Die selbst erstellten Kreuzungen (00/01-00/37) unterscheiden sich bezüglich des Fasergehaltes hochsignifikant voneinander. Der Fasergehalt schwankte zwischen  $12,53\%$  (00/37) und  $37,41\%$  (00/22). Auch beim Vergleich der Kreuzungen mit und ohne 'Kompolti' als Kreuzungspartner gab es deutliche Unterschiede (**Abbildung 12, Tabelle A9**). Die Kreuzungen mit 'Kompolti' als Elter hatten signifikant höhere Fasergehalte. Die ungarischen Kreuzungspopulationen wiesen mit Ausnahme von P51 und P53 hohe Fasergehalte von 30-35% auf; P52 mit  $39,25\%$  (2000) sowie P54 mit  $41,56\%$  (2001) erreichten beim Fasergehalt das Niveau von 'Kompolti' (**Tabelle A8**).

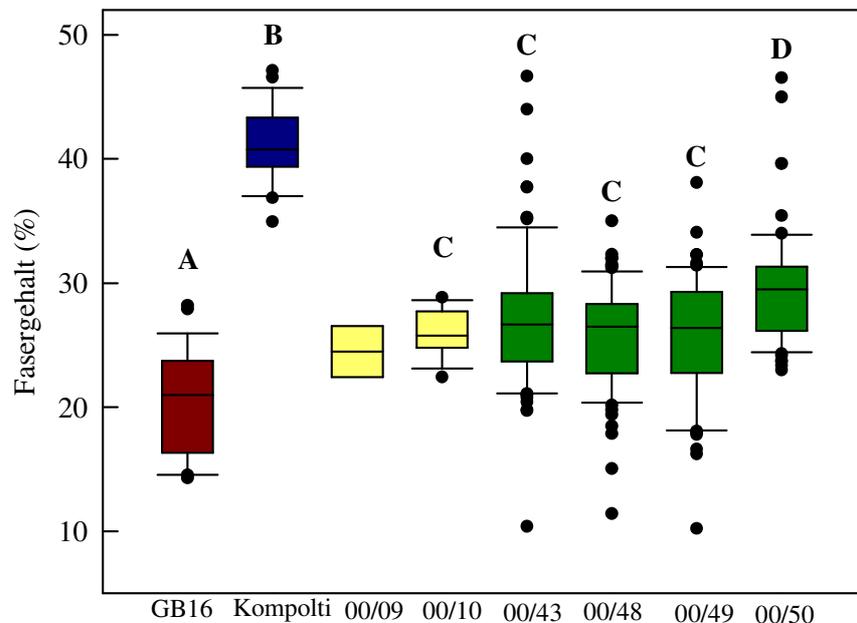


**Abbildung 11:** Mittlerer Fasergehalt (%) in den Jahren 2000 und 2001 (A) 6 diözische und 21 monözische (inklusive der vier französischen Hybridpopulationen) Faserhanfsorten, (B) männliche und weibliche Pflanzen der diözischen Sorten separat dargestellt, (C) männliche und weibliche Pflanzen der 21 Genbankakzessionen



**Abbildung 12:** Mittlerer Fasergehalt (in % der Trockenmasse) der selbst erstellten  $F_1$ -Nachkommenschaften im Versuchsjahr 2000, gruppiert nach Kreuzungen mit und ohne den Elter 'Kompolti' sowie Fasergehaltswerte von 'Kompolti' (Daten aus 2000 und 2001)

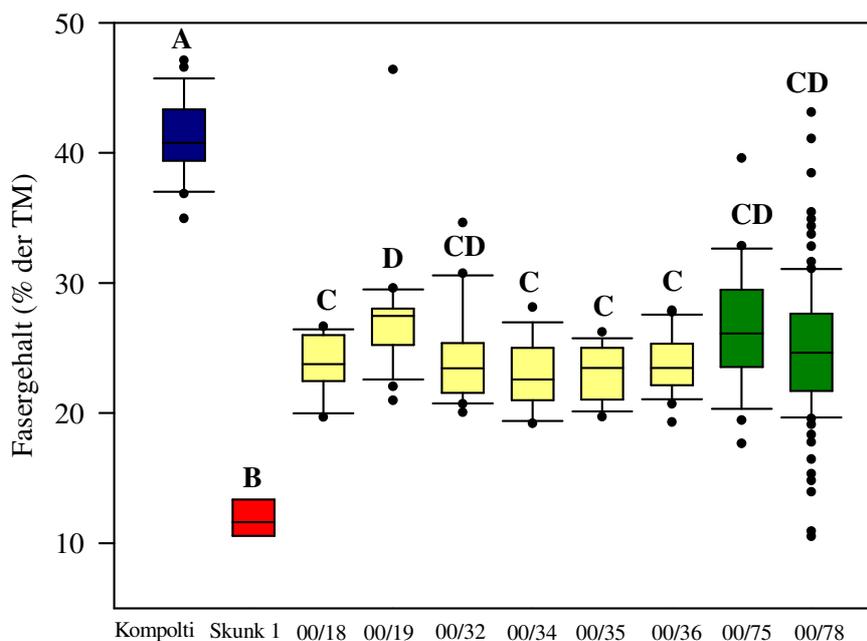
Die als Kreuzungseltern verwendeten Hanfgenotypen ‘Kompolti’ und GB16 unterschieden sich stark hinsichtlich mittlerer Fasergehalt (41,44% bzw. 20,25%,  $p = 0,001$ , **Abbildung 13**, **Tabelle 13**). Der mittlere Fasergehalt der  $F_1$ -Nachkommenschaften aus den Kreuzungen GB16  $\times$  ‘Kompolti’ (00/09) und ‘Kompolti’  $\times$  GB16 (00/10) war 4,22% bzw. 5,73% höher als der mittlere Fasergehalt der Genbankherkunft GB16, aber 16,97% bzw. 15,46% niedriger als der mittlere Fasergehalt der Faserhanfsorte ‘Kompolti’. Der mittlere Fasergehalt der  $F_2$ -Nachkommenschaften aus der Kreuzung 00/09 schwankte zwischen 25,63% (00/49) und 29,52% (00/50) bzw. aus der Kreuzung 00/10 zwischen 25,70% (00/48) und 27,25% (00/43). Die  $F_2$ -Nachkommenschaft 00/50 hatte signifikant höhere Fasergehalte im Vergleich zu den anderen  $F_2$ -Nachkommenschaften. Der Variationskoeffizient lag bei den  $F_1$ -Nachkommenschaften bei 12 und 8% und bei den  $F_2$ -Nachkommenschaften zwischen 15 und 22% (**Tabelle 13**).



**Abbildung 13:** Mittlerer Fasergehalt (in % Trockenmasse) der Kreuzungseltern GB16 und ‘Kompolti’ sowie der  $F_1$ -Nachkommenschaften 00/09 (kein Signifikanztest, da nur 2 Werte vorliegen) und 00/10, der  $F_2$ -Nachkommenschaften 00/43 und 00/48 (aus 00/10) sowie 00/49 und 00/50 (aus 00/09), Boxplots mit gleichen Buchstaben sind nach dem Student Newman Keuls Test ( $p = 0,05$ ) nicht unterschiedlich

Der mittlere Fasergehalt der als Kreuzungseltern verwendeten Faserhanfsorte ‘Kompolti’ (41,44%) und der Drogenhanfsorte ‘Skunk 1’ (11,94%) war ebenfalls unterschiedlich ( $p = 0,001$ , **Tabelle 13**). Der mittlere Fasergehalt der  $F_1$ -Nachkommenschaften schwankte zwischen 22,94% (00/35) und 27,61% (00/19). Die  $F_1$ -Nachkommenschaften aus ‘Kompolti’  $\times$  ‘Skunk 1’ (00/18, 00/19, 00/32, 00/34) bzw. aus ‘Skunk 1’  $\times$  ‘Kompolti’ (00/35, 00/36) hatten 11,0-15,67% höhere mittlere Fasergehalte als der Elter ‘Skunk 1’ und 13,83-18,50%

niedrigere mittlere Fasergehalte als der Elter ‘Kompolti’. Die F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften 00/35 und 00/36 der Kreuzung ‘Skunk 1’ × ‘Kompolti’ lagen im Vergleich zum mittleren Fasergehalt des weiblichen Elters ‘Skunk 1’ 11,0 bzw. 11,91% höher, im Vergleich zum mittleren Fasergehalt des männlichen Elters ‘Kompolti’ um 18,5 bzw. 17,59% niedriger (**Abbildung 14**).



**Abbildung 14:** Mittlerer Fasergehalt (% der Trockenmasse) der Kreuzungseltern ‘Kompolti’ und ‘Skunk 1’ sowie der F<sub>1</sub>-Generationen (K x S: 00/18, 00/19, 00/32, 00/34; S x K: 00/35, 00/36) und der F<sub>2</sub>-Generationen aus ‘Skunk 1’ x ‘Kompolti’ (00/75, 00/78), Boxplots mit gleichem Buchstaben sind nach dem Student Newman Keuls Test ( $p = 0,05$ ) nicht unterschiedlich

Die beiden dort dargestellten F<sub>2</sub>-Nachkommenschaft (00/75, 00/78) resultierten aus der Kreuzung von ‘Skunk 1’ x ‘Kompolti’. Die F<sub>2</sub>-Nachkommenschaft 00/75 hatte einen mittleren Fasergehalt von 26,59% bei einem Variationskoeffizient von 19%. In der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaft 00/78 variierte der Fasergehalt der Einzelpflanzen von 10,52% bis 43,13% bei einem Variationskoeffizienten von 22%. Hier wurde ein mittlerer Fasergehalt von 24,94% ermittelt. Wie bei den F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften lagen die mittleren Fasergehalte dieser Nachkommenschaften zwischen den Fasergehalten der Eltern.

Die Fasergehalte der durch Pärchenkreuzungen innerhalb der F<sub>2</sub> erstellten F<sub>3</sub>-Nachkommenschaften sind in **Tabelle 14** aufgeführt. Die Kreuzungen 00/80-00/83 mit den

**Tabelle 13:** Fasergehalt (%) der Kreuzungseltern ‘Kompolti’ und GB16 (gemittelt über zwei Versuchsjahre) und ‘Skunk 1’ in der Saison 2000 sowie der F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften (00/09, 00/10, 00/18, 00/19, 00/32, 00/35 und 00/36) im Jahr 2000 und der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften (00/43, 00/48, 00/49, 00/50, 00/75 und 00/78) im Jahr 2001

	Eltern			F <sub>1</sub> -Nachkommenschaften							
	Kompolti	GB16	Skunk 1	00/09	00/10	00/18	00/19	00/32	00/34	00/35	00/36
<b>Kreuzungspartner</b>				(B9) GB16 × (C1) Kompolti	(B10) Kompolti × (C2) GB16	(B18) Kompolti × Skunk 1 Pfl.2	(B19) Kompolti × Skunk 1 Pfl.2	(B36) Kompolti × (C9) Skunk 1	(B40 ) Kompolti × (C9) Skunk 1	(B35) Skunk 1 × (C5) Kompolti	(B32) Skunk 1 × (C5) Kompolti
<b>Fasergehalt (%)</b>											
<b>Mittelwert</b>	41,44	20,25	11,94	24,47	25,98	23,64	27,61	24,46	22,97	22,94	23,85
<b>Standardabweichung</b>	3,37	4,36	1,82	2,92	2,11	2,47	5,23	4,00	2,83	2,26	2,39
<b>Minimum</b>	34,95	14,29	10,25	22,41	22,43	19,68	20,97	20,05	19,21	19,72	19,31
<b>Maximum</b>	47,12	28,21	14,33	26,54	28,85	26,65	46,41	34,63	28,14	26,23	27,89
<b>CV</b>	0,08	0,22	0,15	0,12	0,08	0,10	0,19	0,16	0,12	0,10	0,10
<b>N</b>	22	22	4	2	8	10	18	16	11	11	20

	F <sub>2</sub> -Nachkommenschaften					
	00/43	00/48	00/49	00/50	00/75	00/78
<b>Kreuzungspartner</b>	00/10-8 × 00/10-6	00/10-20 × 00/10-21	00/09-12 × 00/09-8	00/09-13 × 00/09-8	00/36-17 × 00/36-18	00/36-49 × 00/36-48
<b>Fasergehalt (%)</b>						
<b>Mittelwert</b>	27,25	25,70	25,63	29,52	26,59	24,94
<b>Standardabweichung</b>	5,68	4,27	5,08	4,56	5,18	5,51
<b>Minimum</b>	10,39	11,41	10,22	23,00	17,66	10,52
<b>Maximum</b>	46,67	35,00	38,10	46,54	39,60	43,13
<b>CV</b>	0,21	0,17	0,20	0,15	0,19	0,22
<b>N</b>	79	69	56	61	19	97

Elternkomponenten GB16 und ‘Kompolti’ unterschieden sich signifikant voneinander ( $p = 0,001$ ), ebenso wie die Kreuzungen 00/84-00/90 mit den Eltern ‘Skunk 1’ und ‘Kompolti’. Mit Abstand hat die Kreuzung 00/90 den höchsten mittleren Fasergehalt von 33,58%. In **Tabelle A10** sind die multiplen Vergleiche der Kreuzungen untereinander dargestellt.

**Tabelle 14:** Fasergehalte (% der TM) der F<sub>3</sub>-Nachkommenschaften

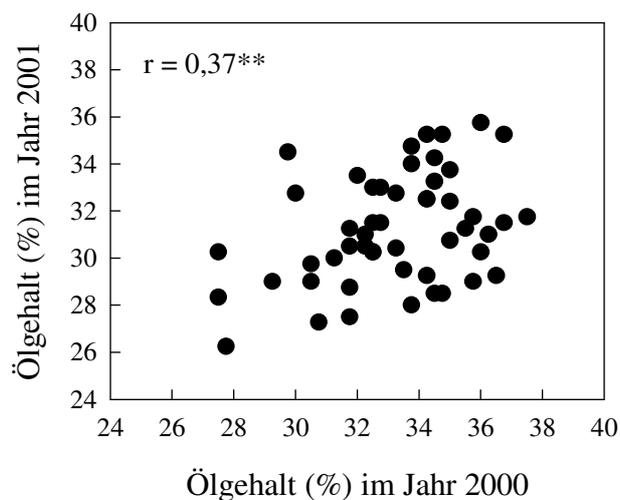
Kreuzung	Kreuzungspartner	Mittelwert	STD	CV	MIN	MAX	Anzahl
00/80	00/50 - GB16 x Kompolti	29,31	3,97	0,14	20,13	50,00	271
00/81	00/49 - GB16 x Kompolti	30,37	4,96	0,16	18,33	42,67	53
00/82	00/43 - Kompolti x GB16	31,55	5,76	0,18	13,13	45,00	72
00/83	00/48 - Kompolti x GB16	28,44	4,20	0,15	19,32	36,28	37
00/84	00/75 - Skunk 1 x Kompolti	27,88	4,70	0,17	15,94	49,25	149
00/85	00/75 - Skunk 1 x Kompolti	31,83	4,05	0,13	15,81	42,20	96
00/86	00/75 - Skunk 1 x Kompolti	28,50	4,66	0,16	18,44	47,62	153
00/87	00/75 - Skunk 1 x Kompolti	26,43	4,51	0,17	16,34	45,54	116
00/88	00/75 - Skunk 1 x Kompolti	30,49	4,61	0,15	18,35	48,63	136
00/89	00/75 - Skunk 1 x Kompolti	29,51	4,50	0,15	20,17	45,83	145
00/90	00/75 - Skunk 1 x Kompolti	33,58	4,56	0,14	20,41	47,50	121

## 4.4. Ölgehalt und Ölzusammensetzung

### 4.4.1 Ölgehalt

Von insgesamt 66 Hanfgenotypen konnten 60 im Versuchsjahr 2000, 57 im Versuchsjahr 2001 und 51 in beiden Versuchsjahren analysiert werden.

Der Ölgehalt der Hanfsamen variierte im Jahr 2000 zwischen 27,50% (GB32, ‘Dneprovskaya odnodomnaya 14’) und 37,67% (Drogenhanfsorte ‘Skunk 1’) und im Jahr 2001 zwischen 26,25% (GB30) und 35,75% (‘Fibrimon 56’) (**Tabelle 15**). Die Variationskoeffizienten lagen bei 8,54% (2000) bzw. 7,69% (2001). Eine Varianzanalyse ergab hochsignifikante Unterschiede zwischen den Ölgehalten der untersuchten Hanfformen. Zwischen beiden Jahren bestand eine schwach positive Korrelation ( $r = 0,37^{**}$ ) (**Abbildung 15**). Der Ölgehalt war in beiden Versuchsjahren unterschiedlich ( $p = 0,001$ ), was auch durch die Häufigkeitsverteilung in **Abbildung 16** deutlich wird. Der Mittelwert aller angebaute Hanfgenotypen lag im Jahr 2000 bei 33,19% und im Jahr 2001 bei 31,27% (nur in beiden Versuchsjahren angebaute Hanfformen: 33,19% (2000) bzw. 31,21% (2001)). Der Ölgehalt war bei 40 Genotypen im Jahr 2000 höher als im Jahr 2001 (**Tabelle 15**). Außerdem konnte eine Wechselwirkung zwischen Genotyp  $\times$  Jahr beobachtet werden ( $p = 0,038$ ). Diese Wechselwirkung wurde besonders deutlich bei der polnischen Sorte ‘Beniko’ und der alten deutschen Landsorte ‘Ramo’, die im Versuchsjahr 2000 einen mittleren Ölgehalt von 37,50 bzw. 36,75% hatten, während 2001 nur Ölgehalte von 31,75 bzw. 31,50% erreicht wurden (**Tabelle 15**). Zwischen den diözischen und monözischen Hanfgenotypen konnte in den beiden Versuchsjahren kein Unterschied im Ölgehalt festgestellt werden (2000:  $p = 0,878$ ; 2001:  $p = 0,381$ ) (**Abbildung**



**Abbildung 15:** Ölgehalt (%) von 51 in beiden Versuchsjahren (2000, 2001) angebaute Hanfgenotypen

17 (A)). Auch beim Vergleich der über beide Jahre gepoolten Daten ist kein Unterschied zwischen den Ölgehalten der monözischen und diözischen Hanfformen nachweisbar ( $p = 0,70$ ) (Abbildung 17 (B)).

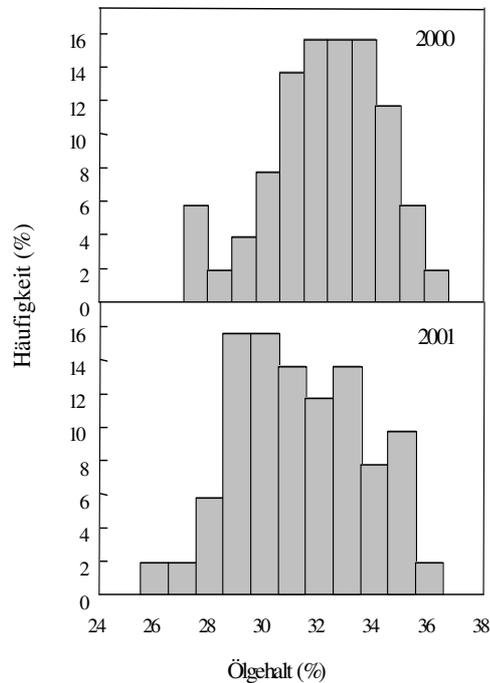


Abbildung 16: Häufigkeitsverteilung des Ölgehaltes (%) von 51 in beiden Versuchsjahren (2000, 2001) analysierten Hanffentypen

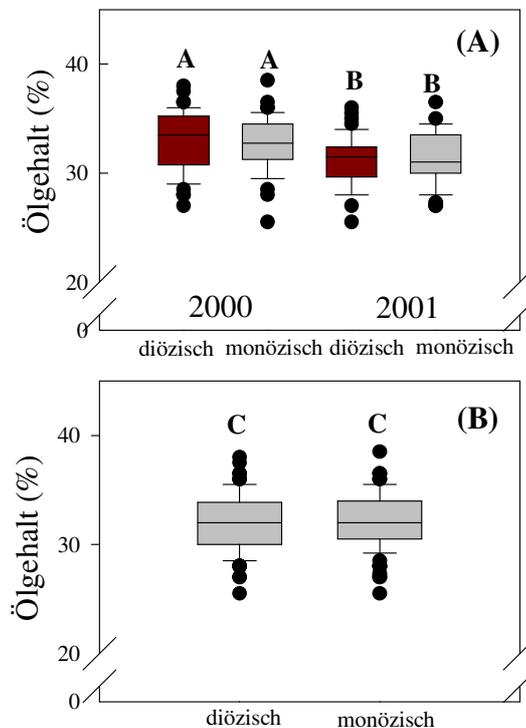


Abbildung 17: Ölgehalte (%) der diözischen und monözischen Hanffentypen in den Versuchsjahren 2000 und 2001 (A) und über beide Versuchsjahre gepoolt (B)

**Tabelle 15:** Ölgehalt (%) von insgesamt 66 Hanfgenotypen (inkl. ungarischer Kreuzungspopulationen) in den Versuchsjahren 2000 (60) und 2001 (57) und über beide Versuchsjahre gemittelt (Mittelwert und Standardabweichung)

Genotyp	Jahr 2000	<sup>b</sup>	Jahr 2001	<sup>b</sup>	Gesamtmittelwert
Beniko	37,50 ± 1,41	a	31,75 ± 3,18	cdefghijklmn	34,63 ± 3,88
Bialobrezeskie	33,50 ± 2,83	abcdefghi	29,50 ± 2,12	lmnopqr	31,50 ± 3,08
Carmagnola	-		32,25 ± 1,06		
CS	-		30,25 ± 2,47		
D.o. 14 <sup>1</sup>	27,50 ± 2,83	k	28,33 ± 1,53	opqrs	28,00 ± 1,84
Epsilon 68	32,25 ± 1,77	bcdefghij	31,00 ± 0,00	fghijklmnop	31,63 ± 1,25
Fasamo	30,00 ± 2,83	ghijk	32,75 ± 1,06	abvdefghijk	31,37 ± 2,36
Fédora 17	34,75 ± 1,06		-		
Fédora 19	32,50 ± 0,71	bcdefgh	33,00 ± 0,71	abcdefghij	32,75 ± 0,65
Fédrina 74	32,00 ± 4,95	cdefghijk	33,50 ± 0,71	abcdefgh	32,75 ± 3,01
Félina 34	33,75 ± 0,35	abcdefghi	34,00 ± 0,71	abcdef	33,88 ± 0,48
Férimon	32,25 ± 2,47	bcdefghij	30,50 ± 0,00	hijklmnopq	31,38 ± 1,75
Fibranova	-		31,25 ± 0,35		
Fibrimon 56	36,00 ± 0,00	abcd	35,75 ± 1,06	a	35,88 ± 0,63
Fibrimon	31,50 ± 2,83		-		
Futura	31,75 ± 0,35	defghijk	30,50 ± 0,71	hijklmnopq	31,13 ± 0,85
FxT	35,00 ± 0,71	abcdef	33,75 ± 1,06	abcdefg	34,38 ± 1,03
GB14	33,75 ± 0,35	abcdefghi	34,75 ± 1,06	abc	34,25 ± 0,87
GB15	34,25 ± 3,18	abcdefgh	35,25 ± 1,06	ab	34,75 ± 2,02
GB16	29,25 ± 1,77	ijk	29,00 ± 0,71	nopqrs	29,13 ± 1,11
GB17	31,75 ± 2,47	defghijk	27,50 ± 0,71	qrs	29,63 ± 2,87
GB18	34,25 ± 1,06	abcdefgh	32,50 ± 1,41	bcdefghijkl	33,38 ± 1,44
GB19	-		31,75 ± 1,06		
GB20	36,50 ± 0,00	abc	29,25 ± 1,06	mnopqrs	32,88 ± 4,23
GB21	34,50 ± 1,41	abcdefg	33,25 ± 0,35	abcdefghi	33,88 ± 1,11
GB22	36,25 ± 0,35	abcd	31,00 ± 0,71	fghijklmnop	33,63 ± 3,07
GB23	29,75 ± 0,35	hijk	34,50 ± 0,71	abcd	32,13 ± 2,78
GB24	31,75 ± 0,35	defghijk	31,25 ± 0,35	efghijklmno	31,50 ± 0,41
GB25	-		32,50 ± 1,41		
GB26	32,50 ± 2,12	bcdefgh	30,25 ± 0,35	ijklmnopqr	31,38 ± 1,80
GB27	30,50 ± 2,12	fghijk	29,00 ± 1,41	nopqrs	29,75 ± 1,71
GB28	33,25 ± 0,35	abcdefghi	30,41	hijklmnopqr	32,30 ± 1,66
GB29	35,75 ± 0,35	abcde	31,75 ± 0,35	cdefghijklmn	33,75 ± 2,33
GB30	27,75 ± 3,18	jk	26,25 ± 0,35	s	27,00 ± 2,04
GB31	33,75 ± 2,47	abcdefghi	28,00 ± 0,00	pqrs	30,88 ± 3,61
GB32	27,50 ± 0,71	k	30,25 ± 0,35	ijklmnopqr	28,88 ± 1,65
GB33	31,75 ± 1,06	defghijk	28,75 ± 0,35	nopqrs	30,25 ± 1,85
GB34	28,75 ± 0,35		-		
GB35	33,00 ± 1,41		-		
GB36	32,50 ± 4,24	bcdefghi	31,50 ± 0,71	defghijklmno	32,00 ± 2,55
Glera	34,75 ± 1,06	abcdef	28,50 ± 2,12	opqrs	31,63 ± 3,86
Gluchivski-33	30,50 ± 1,41	fghijk	29,75 ± 0,35	klmnopqr	30,13 ± 0,95
Gluchivski-46	33,25 ± 1,06	abcdefghi	32,75 ± 1,06	abcdefghijk	33,00 ± 0,91
Helvetica	36,00 ± 2,12	abcd	30,25 ± 2,47	ijklmnopqr	33,13 ± 3,82
Juso 14	32,75 ± 0,35	bcdefghi	31,50 ± 0,71	defghijklmno	32,13 ± 0,85
Juso 31	34,50 ± 0,00	abcdefg	34,25 ± 0,35	abcde	34,38 ± 0,25
Kompolti	32,75 ± 2,72	bcdefghi	33,00 ± 0,71	abcdefghij	32,83 ± 2,14
Lipko	35,00 ± 1,41	abcdef	32,41 <sup>a</sup>	bcdefghijk	34,14 ± 1,80
Lovrin 110	34,50 ± 0,71	abcdefg	28,50 ± 4,24	opqrs	31,50 ± 4,26
Northern Light	30,63 ± 3,09		-		
P51	34,25 ± 1,77	abcdefgh	32,50 ± 2,12	bcdefghijkl	33,38 ± 1,89

**Fortsetzung Tabelle 15:** Ölgehalt (%) von insgesamt 66 Hanfgenotypen (inkl. ungarischer Kreuzungspopulationen) in den Versuchsjahren 2000 (60) und 2001 (57) und über beide Versuchsjahre gemittelt (Mittelwert und Standardabweichung)

Genotyp	Jahr 2000	<sup>b</sup>	Jahr 2001	<sup>b</sup>	Gesamtmittelwert
P52	35,00 ± 3,54	abcdef	30,75 ± 1,77	ghijklmnop	32,88 ± 3,35
P53	35,50 ± 0,00	abcde	31,25 ± 1,06	efghijklmno	33,38 ± 2,53
P54	34,25 ± 1,06	abcdefgh	29,25 ± 1,06	mnopqrs	31,75 ± 3,01
P56	-		32,75 ± 1,06		
P57	36,75 ± 1,06	ab	35,25 ± 0,35	ab	36,00 ± 1,08
P59	35,75 ± 1,06	abcde	29,00 ± 2,83	nopqrs	32,38 ± 4,27
P60	34,75 ± 1,77	abcdef	35,25 ± 0,35	ab	35,00 ± 1,08
Ramo	36,75 ± 1,77	ab	31,50 ± 0,71	defghijklmno	34,13 ± 3,22
Skunk 1	37,67 ± 0,58		-		
The Passion 1	37,25 ± 1,06		-		
Uniko-B	32,50 ± 0,71	bcdefghi	30,25 ± 1,06	ijklmnopqr	31,38 ± 1,49
Uso 14	31,25 ± 1,06	efghijk	30,00 ± 0,71	jklmnopqr	30,63 ± 1,03
Uso 31	32,00 ± 0,71		-		
White Widow	33,25 ± 1,77		-		
Zolo.-11 <sup>2</sup>	30,75 ± 0,35	fghijk	27,27 <sup>a</sup>	rs	29,59 ± 2,02

<sup>1</sup> Dneprovskaya odnodomnaya 14

<sup>2</sup> Zolotonoshszkaya-11

<sup>a</sup> nur eine Bestimmung möglich

<sup>b</sup> Mittelwerte in den Spalten mit den gleichen Buchstaben sind nicht signifikant unterschiedlich (Duncan's multiple range test bei  $p = 0,05$ ), nur Genotypen mit zweijährigem Anbau berücksichtigt

Für den Ölgehalt konnte eine Heritabilität von 0,53 ermittelt werden. Ein signifikant positiver Zusammenhang bestand zwischen Blühbeginn und Ölgehalt ( $r = 0,32^*$ ) sowie zwischen Pflanzenlänge und Ölgehalt ( $r = 0,37^*$ ).

Die mittleren Ölgehalte der analysierten  $F_1$ - und  $F_2$ -Nachkommenschaften sind in den **Tabellen 16** und **17** dargestellt. Hohe Ölgehalte wiesen die  $F_1$ -Kreuzungsnachkommenschaften 00/05 (GB19 × 'Kompolti') mit 38,50%, 00/20 (GB22 × 'Skunk 1') mit 37,50% sowie 00/36 ('Skunk 1' × 'Kompolti') mit 37,00% auf. Die als Eltern der  $F_1$ -Nachkommenschaft 00/36 verwendeten Genotypen 'Skunk 1' und 'Kompolti' unterschieden sich in ihrem Ölgehalt signifikant voneinander ( $p = 0,007$ ). Die Mutterpflanze (B32) der Drogenhanfsorte 'Skunk 1' lieferte im Mittel 4,84% mehr Öl als die Sorte 'Kompolti'. Die  $F_1$ -Nachkommenschaft 00/36 hatte 2000 einen ähnlich hohen mittleren Ölgehalt wie der mütterliche Elter 'Skunk 1' (B32) mit 37,67% (**Tabelle 18, Abbildung 18**).

**Tabelle 16:** Ölgehalt (%) der F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften im Versuchsjahr 2000

Nummer	Anzahl <sup>1</sup>	Kreuzungspartner (P <sub>1</sub> × P <sub>2</sub> )	Ölgehalt (%)
00/01	3	GB22 × Kompolti	34,98 ± 2,67
00/05	1	GB19 × Kompolti	38,50 ± 0,71
00/08	1	GB17 × Kompolti	27,75 ± 1,77
00/11	2	Kompolti × GB16	35,75 ± 3,20
00/12	2	GB19 × GB16	35,13 ± 3,57
00/13	3	GB19 × GB16	34,33 ± 2,04
00/14	2	GB19 × GB16	36,75 ± 2,47
00/15	3	GB22 × GB16	31,92 ± 2,04
00/16	2	GB22 × GB16	34,50 ± 2,94
00/17	2	Kompolti × White Widow	34,12 ± 1,03
00/20	1	GB 22 × Skunk 1	37,50 ± 0,00
00/26	1	White Widow × Kompolti	34,50 ± 2,12
00/31	3	GB24 × Skunk 1	34,33 ± 2,04
00/34	1	Kompolti × Skunk 1	36,75 ± 2,47
00/36	4	Skunk 1 × Kompolti	37,00 ± 1,29

<sup>1</sup> Anzahl untersuchter Pflanzen

**Tabelle 17:** Ölgehalt (%) der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften (00/43 – 00/50: Eltern ‘Kompolti’ und GB16; 00/75 – 00/78: Eltern ‘Kompolti’ und ‘Skunk 1’) im Versuchsjahr 2001

Nummer	Anzahl <sup>1</sup>	Kreuzungspartner (P <sub>1</sub> × P <sub>2</sub> )	Ölgehalt (%)
00/43	24	00/10 (8) × 00/10 (6)	31,47 ± 2,80
00/48	25	00/10 (20) × 00/10 (21)	32,28 ± 2,67
00/49	18	00/09 (12) × 00/09 (8)	31,67 ± 2,58
00/50	22	00/09 (13) × 00/09 (8)	31,40 ± 2,33
00/75	26	00/36 (17) × 00/36 (18)	35,05 ± 2,18
00/78	56	00/36 (49) × 00/36 (48)	34,16 ± 2,69

<sup>1</sup> Anzahl untersuchter Pflanzen

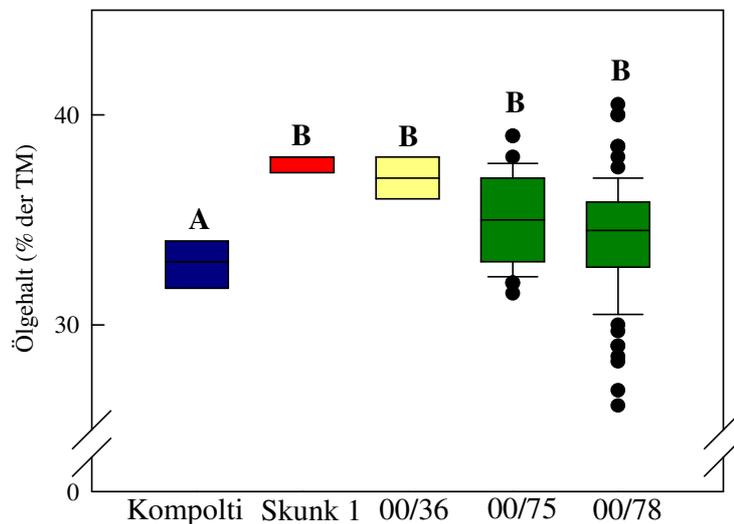
Die F<sub>2</sub>-Nachkommenschaft 00/75 (‘Skunk 1’ × ‘Kompolti’) hatte den höchsten mittleren Ölgehalt beim Vergleich aller F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften (**Tabelle 17, 18**). 00/75 und 00/78 zeigten mit einem mittleren Ölgehalt von 35,05% bzw. 34,16% signifikant höhere Ölgehalte als der Elter ‘Kompolti’ (**Abbildung 18**). Die Variationskoeffizienten lagen bei den F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften 00/75 und 00/78 bei 6% bzw. bei 8%.

**Tabelle 18:** Ölgehalt (%) der Kreuzungseltern (gemittelt über beide Versuchsjahre), der F<sub>1</sub>-Nachkommenschaft 00/36 und der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften 00/43, 00/48, 00/49, 00/50, 00/75 und 00/78 (Versuchsjahr 2001)

	Kreuzungseltern			F <sub>1</sub>			F <sub>2</sub>			
	Kompolti	GB16	Skunk 1	00/36	00/43	00/48	00/49	00/50	00/75	00/78
<b>Kreuzungspartner</b>				(B32) Skunk 1 × (C5) Kompolti	00/10-8 ×	00/10-20 ×	00/09-12 ×	00/09-13 ×	00/36-17 ×	00/36-49 ×
<b>Ölgehalt (%)</b>					00/10-6	00/10-21	00/09-8	00/09-8	00/36-18	00/36-48
<b>Mittelwert</b>	32,83	29,13	37,67	37,00	31,47	32,28	31,67	31,40	35,05	34,16
<b>Standardabweichung</b>	2,14	1,11	0,58	1,29	2,80	2,67	2,58	2,33	2,18	2,69
<b>Minimum</b>	29,00	28,00	37,00	35,50	24,00	28,00	25,00	25,50	31,50	26,15
<b>Maximum</b>	35,50	30,50	38,00	38,50	35,50	36,50	35,00	35,00	39,00	40,50
<b>CV</b>	0,07	0,04	0,02	0,03	0,09	0,08	0,08	0,07	0,06	0,08
<b>N</b>	M <sup>1</sup>	M <sup>1</sup>	B32 <sup>2</sup>	4	24	25	18	22	26	56

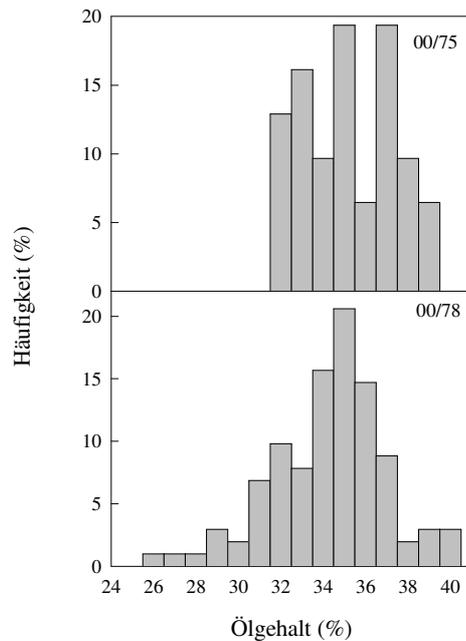
1 Mischproben

2 mütterlicher Elter der Kreuzung 00/36



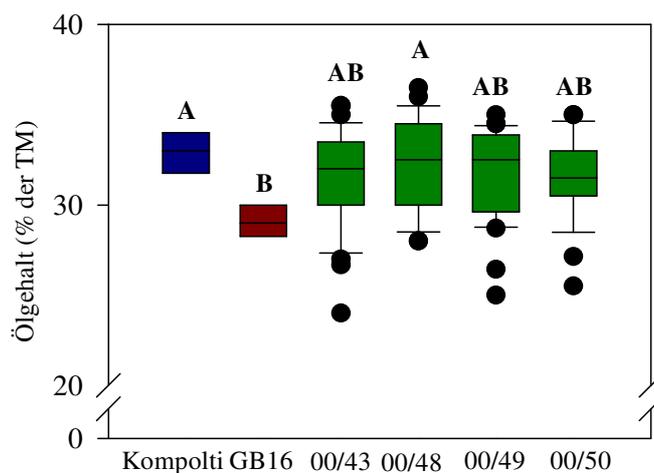
**Abbildung 18:** Ölgehalte (%) der Kreuzungseltern 'Skunk 1' und 'Kompolti' und der F<sub>1</sub>- (00/36) sowie F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften (00/75, 00/78), Boxplots mit gleichem Buchstaben sind nach dem Student Newman Keuls Test ( $p = 0,05$ ) nicht unterschiedlich

In **Abbildung 19** ist die Häufigkeitsverteilung der Ölgehalte der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften 00/75 und 00/78 dargestellt. Bei der Kreuzung 00/78 ist eine annähernde Normalverteilung zu erkennen. Die Nachkommenschaft 00/75 weist drei Peaks auf, was an dem geringen Stichprobenumfang ( $n = 26$ ) liegen könnte.



**Abbildung 19:** Häufigkeitsverteilungen der Ölgehalte der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften 00/75 und 00/78 im Versuchsjahr 2001

Auch die Ölgehalte der Kreuzungseltern ‘Kompolti’ und GB16 waren unterschiedlich ( $p = 0,013$ ). ‘Kompolti’ wies im Mittel 3,70% mehr Öl auf als die Genbankherkunft GB16 (**Tabelle 18**). Die mittleren Ölgehalte der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften (00/43 – 00/50) lagen zwischen denen der beiden Kreuzungseltern. Nur die Nachkommenschaft 00/48 zeigte einen ähnlich hohen Ölgehalt wie der Elter ‘Kompolti’ und unterschied sich vom zweiten Elter GB16 signifikant (**Tabelle 18, Abbildung 20**).

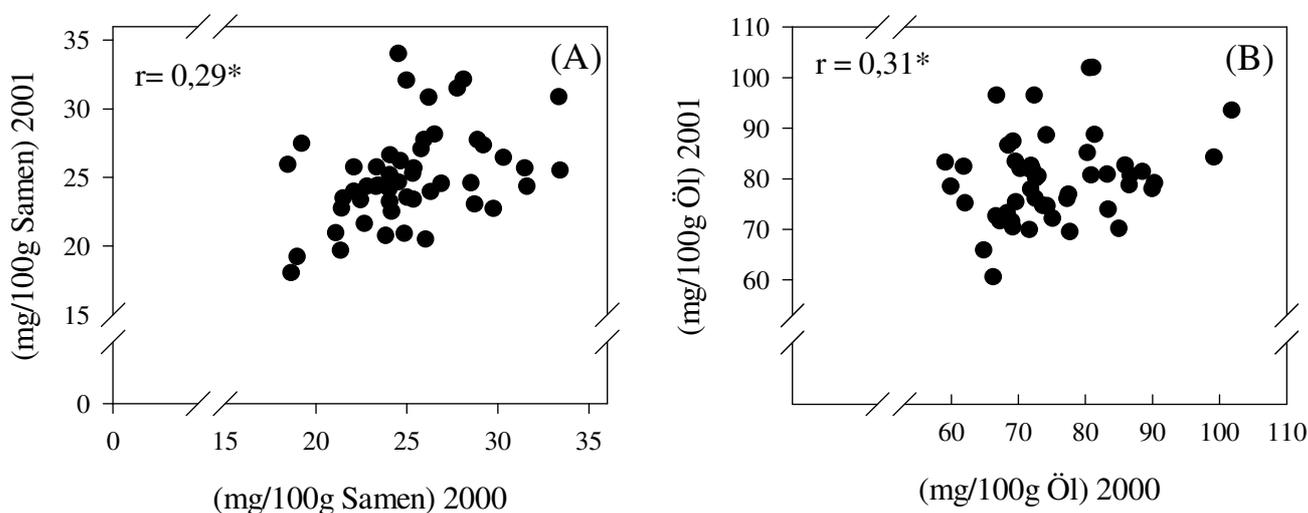


**Abbildung 20:** Ölgehalte (%) der Kreuzungseltern ‘Kompolti’ und GB16 und der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften 00/43, 00/48, 00/49 und 00/50 (keine Untersuchung der F<sub>1</sub> auf Grund von geringem Materialumfang)

## 4.4.2 Ölzusammensetzung

### 4.4.2.1 Tocopherole

Die Gesamttocopherolgehalte, einschließlich Plastochromanol-8, in den Samen der untersuchten Hanfgenotypen (2000: 60, 2001: 57, beide Versuchsjahre: 51) schwankten im Jahr 2000 von 14,15 mg/100g Samen (P60) bis 33,22 mg/100g Samen ('Juso 14') und im Jahr 2001 von 18,05 mg/100g Samen ('Zolotonoshskaya-11') bis 33,80 mg/100g Samen (P57) (**Tabelle 19**). Der Gehalt an Gesamttocopherol in den Samen der Hanfformen unterschied sich in den Jahren nicht signifikant voneinander ( $p = 0,65$ ). Zwischen beiden Jahren konnte ein schwach positiver Zusammenhang festgestellt werden ( $r = 0,29^*$ ) (**Abbildung 21 (A)**). Der Gesamttocopherolgehalt im Öl schwankte im Jahr 2000 zwischen 40,75 (P60) und 101,47 mg/100g Öl ('Juso 14') und im Jahr 2001 zwischen 65,43 ('Ramo') und 111,16 mg/100g Öl ('Dneprovskaya odnodomnaya 14'). Die Variationskoeffizienten lagen bei 16,04% (Jahr 2000) und 10,78% (Jahr 2001). Die Gesamttocopherolgehalte im Öl unterscheiden sich in beiden Jahren voneinander ( $p = 0,008$ ). Im Jahr 2001 wurden bei 36 von 51 zweijährig analysierten Genotypen höhere Gehalte als im Jahr 2000 beobachtet. Die Korrelation zwischen den beiden Jahren war schwach positiv ( $r = 0,31^*$ ) (**Abbildung 21 (B)**).



**Abbildung 21:** Gesamttocopherolgehalt ((A): in mg/100g Samen; (B): in mg/100g Öl) der 51 in beiden Versuchsjahren untersuchten Hanfgenotypen

Das dominierende Tocopherol im Hanföl ist das  $\gamma$ -Tocopherol gefolgt von  $\alpha$ -Tocopherol,  $\delta$ -Tocopherol, Plastochromanol-8 (P-8) und  $\beta$ -Tocopherol (**Abbildung A1**).

Die Gehalte an  $\gamma$ -Tocopherol im Samen schwankten 2000 von 12,58 (P60) bis 29,40 mg/100g Samen ('Juso 14') und 2001 von 15,42 ('Zolotonoshskaya-11') bis 29,38 mg/100g Samen (P57). Die mittleren Gehalte lagen 2000 bei 21,94 und 2001 bei 21,65 mg/100g Samen. Es

wurden keine signifikanten Unterschiede in beiden Jahren beobachtet ( $p = 0,69$ ). Zwischen beiden Jahren bestand ein positiver Zusammenhang ( $r = 0,29^*$ ). Der  $\gamma$ -Tocopherolgehalt im Öl schwankte 2000 von 36,21 (P60) bis 89,78 mg/100g Öl ('Juso 14') und 2001 von 54,80 ('Ramo') bis 96,37 mg/100g Öl ('Dneprovskaya odnodomnaya 14'). Die mittleren Gehalte lagen 2000 bei 66,37 und 2001 bei 69,16 mg/100g Öl. Die  $\gamma$ -Tocopherolgehalte der Hanfformen waren in den Jahren signifikant unterschiedlich ( $p = 0,002$ ). Im Jahr 2001 waren diese Gehalte bei 34 Genotypen höher als im Jahr 2000. Es ist ein positiver Zusammenhang ( $r = 0,32^*$ ) zwischen den Jahren erkennbar.

Die Gehalte an dem biologisch aktivem  $\alpha$ -Tocopherol in den Hanffrüchten (mg/100g Samen) unterschieden sich in beiden Versuchsjahren nicht signifikant voneinander ( $p = 0,49$ ). Er schwankte 2000 von 0,78 (P60) bis 3,05 mg/100g Samen (GB14) und 2001 von 0,70 (GB17) bis 3,09 mg/100g Samen ('Fibranova'). Die mittleren Werte lagen 2000 bei 1,86 und 2001 bei 1,83 mg/100g Samen. Es bestand eine positive Korrelation zwischen beiden Jahren ( $r = 0,43^{**}$ ). Der  $\alpha$ -Tocopherolgehalt im Öl schwankte im Jahr 2000 von 2,24 (P60) bis 9,90 mg/100g Öl (GB16) und im Jahr 2001 von 2,55 (GB17) bis 9,90 mg/100g Öl ('Fibranova'). Die mittleren Gehalte lagen 2000 bei 5,63 und 2001 bei 5,85 mg/100g Öl. Signifikante Unterschiede im  $\alpha$ -Tocopherolgehalt in beiden Jahr bestanden nicht ( $p = 0,43$ ). Zwischen beiden Jahren konnte eine positive Korrelation ( $r = 0,50^{**}$ ) beobachtet werden. Die Anteile an  $\beta$ - und  $\delta$ -Tocopherol sowie an Plastochromanol-8 (P-8) sind im Hanfsamen als auch im Hanföl gering (**Tabelle 19**). In den Versuchsjahren 2000 und 2001 konnten für die Gehalte an  $\beta$ -Tocopherol, P-8 und  $\delta$ -Tocopherol im Samen folgende Korrelationskoeffizienten ermittelt werden:  $0,33^{**}$ ,  $0,08$  und  $0,40^{**}$ .

Die Heritabilitäten (vgl. Kapitel **3.2.8**, S. 40) der einzelnen Tocopherolfractionen schwankten zwischen 0-0,37 (**Tabelle 20**). Für  $\alpha$ -Tocopherol,  $\delta$ -Tocopherol und P-8 konnten Heritabilitäten von 0, für  $\beta$ -Tocopherol und  $\gamma$ -Tocopherol 0,19 bzw. 0,37 und für den Gesamttocopherolgehalt 0,30 ermittelt werden.

**Tabelle 19:** Gehalte an Tocopherolen und P-8 in mg/100g Öl und in mg/100g Samen der in den Jahren 2000 und 2001 untersuchten Hanfgenotypen

Genotyp	Saison 2000												Saison 2001											
	in mg/100g Öl						in mg/100g Samen						in mg/100g Öl						in mg/100g Samen					
	Σ <sup>a</sup>	α-T	β-T	γ-T	δ-T	P-8	Σ <sup>a</sup>	α-T	β-T	γ-T	δ-T	P8	Σ <sup>a</sup>	α-T	β-T	γ-T	δ-T	P8	Σ <sup>a</sup>	α-T	β-T	γ-T	δ-T	P8
Beniko	68,08	4,62	0,46	60,83	2,16	1,08	25,52	1,73	0,17	22,81	0,81	0,40	86,83	7,70	0,42	75,60	3,11	0,62	27,56	2,44	0,13	24,00	0,99	0,20
Bialo. <sup>1</sup>	77,12	5,16	0,53	67,43	4,01	0,54	25,84	1,73	0,18	22,59	1,34	0,18	69,05	6,46	0,41	59,64	2,54	0,47	20,38	1,91	0,12	17,60	0,75	0,14
Carmagnola													84,32	6,58	0,64	70,51	6,59	0,60	27,20	2,12	0,21	22,74	2,13	0,19
CS													75,87	6,62	0,52	63,66	4,76	0,58	22,86	2,00	0,16	19,26	1,44	0,18
D.o. 14 <sup>2</sup>	100,10	8,34	0,83	86,38	4,56	0,82	27,52	2,29	0,23	23,75	1,25	0,22	111,16	9,30	0,62	96,73	4,50	0,00	31,50	2,64	0,18	27,41	1,27	0,00
Epsilon 68	68,89	6,46	0,61	58,15	3,68	0,70	22,22	2,08	0,20	18,75	1,19	0,22	74,97	4,73	0,42	65,71	4,11	0,45	23,24	1,47	0,13	20,37	1,27	0,14
Fasamo	85,35	5,86	0,46	75,49	3,54	0,54	25,61	1,76	0,14	22,65	1,06	0,16	82,40	4,42	0,30	74,23	3,45	0,31	26,99	1,45	0,10	24,31	1,13	0,10
Fédora 17	88,87	6,63	0,57	78,85	2,82	0,79	30,89	2,31	0,20	27,40	0,98	0,27												
Fédora19	58,47	5,01	0,47	49,87	3,12	0,60	19,01	1,63	0,15	16,21	1,02	0,19	82,84	5,06	0,34	73,94	3,49	0,46	27,33	1,67	0,11	24,40	1,15	0,15
Fédrina 74	74,40	5,50	0,58	64,55	3,78	0,66	23,81	1,76	0,18	20,66	1,21	0,21	71,74	6,71	0,61	60,23	4,19	0,43	24,03	2,25	0,20	20,18	1,40	0,15
Félina	68,26	5,68	0,52	59,48	2,59	0,72	23,03	1,92	0,17	20,07	0,87	0,24	71,19	5,32	0,66	61,24	3,98	0,39	24,20	1,81	0,22	20,82	1,35	0,13
Férimon	71,97	7,27	0,56	61,62	2,51	0,60	23,21	2,35	0,18	19,87	0,81	0,19	79,56	6,26	0,44	69,05	3,81	0,53	24,26	1,91	0,13	21,06	1,16	0,16
Fibranova													76,12	9,90	0,68	60,37	5,17	0,69	23,79	3,09	0,21	18,87	1,62	0,22
Fibrimon 56	76,58	4,58	0,44	68,97	2,58	1,48	27,57	1,65	0,16	24,83	0,93	0,53	89,46	3,18	0,20	81,74	4,34	0,47	31,98	1,14	0,07	29,22	1,55	0,17
Fibrimon	73,06	4,21	0,46	65,87	2,52	0,61	23,01	1,33	0,14	20,75	0,79	0,19												
Futura	98,61	5,19	0,57	86,85	5,99	0,53	31,31	1,65	0,18	27,58	1,90	0,17	83,73	5,95	0,52	72,22	5,04	0,52	25,54	1,81	0,16	22,03	1,54	0,16
FxT	72,00	6,50	0,57	61,49	3,44	0,49	25,21	2,28	0,20	21,52	1,21	0,17	75,64	5,31	0,43	66,10	3,80	0,48	25,53	1,79	0,15	22,31	1,28	0,16
GB14	85,87	9,04	0,72	72,35	3,77	0,62	28,98	3,05	0,24	24,42	1,27	0,21	78,28	5,17	0,35	68,85	3,91	0,49	27,21	1,80	0,12	23,93	1,36	0,17
GB15	70,70	5,25	0,52	62,11	2,82	0,89	24,22	1,80	0,18	21,27	0,97	0,30	69,57	4,64	0,46	59,90	4,57	0,40	24,52	1,64	0,16	21,11	1,61	0,14
GB16	85,73	9,90	0,55	72,32	2,96	0,93	25,07	2,89	0,16	21,15	0,87	0,27	79,97	9,16	0,53	66,79	3,48	0,74	23,19	2,66	0,15	19,37	1,01	0,21
GB17	66,71	3,52	0,50	60,06	2,62	0,50	21,18	1,12	0,16	19,07	0,83	0,16	71,64	2,55	0,23	66,04	2,81	0,00	19,69	0,70	0,06	18,16	0,77	0,00
GB18	69,92	3,16	0,48	62,93	3,36	0,33	23,94	1,08	0,16	21,55	1,15	0,11	80,91	3,22	0,21	74,41	3,07	1,08	26,30	1,05	0,07	24,18	1,00	0,35
GB19													77,03	6,72	0,66	64,94	4,72	0,61	24,46	2,13	0,21	20,62	1,50	0,19
GB20	71,50	4,19	0,45	61,44	5,42	0,53	26,10	1,53	0,17	22,42	1,98	0,19	81,60	3,18	0,57	70,98	6,87	0,35	23,87	0,93	0,17	20,76	2,01	0,10
GB21	71,82	5,33	0,54	62,81	3,15	0,53	24,78	1,84	0,18	21,67	1,09	0,18	95,95	9,07	0,49	82,91	3,49	0,57	31,91	3,02	0,16	27,57	1,16	0,19
GB22	66,03	3,70	0,49	59,53	2,30	0,58	23,93	1,34	0,18	21,58	0,83	0,21	72,31	3,57	0,18	65,78	2,78	0,34	22,42	1,11	0,06	20,39	0,86	0,11
GB23	61,61	4,12	0,47	53,67	3,35	0,40	18,34	1,23	0,14	15,97	1,00	0,12	74,77	4,38	0,40	65,58	4,41	0,46	25,79	1,51	0,14	22,62	1,52	0,16
GB24	71,22	5,06	0,60	62,20	3,36	0,58	22,62	1,61	0,19	19,75	1,07	0,18	77,36	5,60	0,36	67,80	3,60	0,61	24,17	1,75	0,11	21,19	1,12	0,19
GB25													77,97	5,71	0,66	66,30	5,31	0,69	25,33	1,85	0,21	21,55	1,72	0,22
GB26	79,98	6,66	0,50	69,10	3,71	0,60	26,00	2,17	0,16	22,46	1,21	0,20	101,21	7,74	0,45	87,03	5,99	0,74	30,62	2,34	0,14	26,33	1,81	0,22
GB27	73,59	4,77	0,43	65,75	2,64	0,66	22,44	1,45	0,13	20,06	0,80	0,20	74,26	5,32	0,41	65,64	2,89	0,37	21,54	1,54	0,12	19,04	0,84	0,11
GB28	80,43	5,14	0,34	71,66	3,31	0,40	26,75	1,71	0,11	23,83	1,10	0,13	80,31	4,17	0,48	70,07	5,59	0,44	24,43	1,27	0,15	21,31	1,70	0,13
GB29	73,53	6,95	0,57	63,36	2,66	0,60	26,28	2,48	0,20	22,65	0,95	0,21	87,99	8,01	0,72	74,17	5,08	0,68	27,93	2,54	0,23	23,55	1,61	0,22
GB30	67,79	5,84	0,44	59,32	2,20	0,52	18,81	1,62	0,12	16,46	0,61	0,14	72,91	4,41	0,38	64,75	3,37	0,36	19,15	1,16	0,10	17,00	0,89	0,09

**Fortsetzung Tabelle 19:** Gehalte an Tocopherolen und P-8 in mg/100g Öl und in mg/100g Samen der in den Jahren 2000 und 2001 untersuchten Hanfgenotypen

Genotyp	Saison 2000												Saison 2001											
	in mg/100g Öl						in mg/100g Samen						in mg/100g Öl						in mg/100g Samen					
	Σ <sup>a</sup>	α-T	β-T	γ-T	δ-T	P-8	Σ <sup>a</sup>	α-T	β-T	γ-T	δ-T	P8	Σ <sup>a</sup>	α-T	β-T	γ-T	δ-T	P8	Σ <sup>a</sup>	α-T	β-T	γ-T	δ-T	P8
GB31	73,00	7,07	0,49	63,13	2,30	0,62	24,65	2,39	0,17	21,31	0,78	0,21	74,26	7,53	0,36	64,14	2,23	0,45	20,79	2,11	0,10	17,96	0,62	0,13
GB32	79,67	6,34	0,53	70,12	2,68	0,60	21,91	1,74	0,15	19,28	0,74	0,17	84,38	8,01	0,40	72,35	3,62	0,80	25,52	2,42	0,12	21,88	1,10	0,24
GB33	68,80	6,54	0,57	58,93	2,77	0,72	21,84	2,07	0,18	18,71	0,88	0,23	82,84	8,53	0,53	69,40	4,37	0,60	23,81	2,45	0,15	19,95	1,26	0,17
GB34	81,20	6,79	0,51	69,48	4,42	0,63	23,34	1,95	0,15	19,97	1,27	0,18												
GB35	72,81	6,40	0,59	62,68	3,15	0,64	24,02	2,11	0,19	20,68	1,04	0,21												
GB36	71,20	3,45	0,56	62,18	5,00	0,58	23,14	1,12	0,18	20,21	1,63	0,19	81,24	6,20	0,67	69,85	4,53	0,57	25,59	1,95	0,21	22,00	1,43	0,18
Glera	61,39	5,66	0,40	53,88	1,46	0,42	21,34	1,97	0,14	18,72	0,51	0,15	82,05	4,78	0,75	71,94	4,58	0,40	23,38	1,36	0,21	20,50	1,31	0,11
Gluchivski-33	68,73	4,31	0,42	61,25	2,75	0,38	20,97	1,32	0,13	18,68	0,84	0,12	69,98	4,72	0,33	62,24	2,69	0,48	20,82	1,40	0,10	18,52	0,80	0,14
Gluchivski-46	75,70	5,46	0,36	66,80	3,09	0,39	25,17	1,81	0,12	22,21	1,03	0,13	76,87	4,10	0,23	69,69	2,84	0,38	25,17	1,34	0,08	22,82	0,93	0,12
Helvetica	67,89	4,41	0,46	60,15	2,89	0,53	24,45	1,59	0,17	21,65	1,04	0,19	86,18	6,61	0,99	71,12	7,47	0,47	26,07	2,00	0,30	21,51	2,26	0,14
Juso 14	101,47	5,72	0,46	89,78	5,51	0,56	33,22	1,87	0,15	29,40	1,80	0,18	80,57	5,02	0,26	72,53	2,76	0,49	25,38	1,58	0,08	22,85	0,87	0,15
Juso 31	81,85	4,18	0,43	74,52	2,72	0,80	28,24	1,44	0,15	25,71	0,94	0,28	71,41	5,69	0,28	63,28	2,15	0,45	24,46	1,95	0,10	21,67	0,74	0,15
Kompolti	101,06	6,59	0,74	86,12	7,60	0,73	33,10	2,16	0,24	28,21	2,49	0,24	93,13	3,69	0,55	81,73	7,16	0,41	30,73	1,22	0,18	26,97	2,36	0,13
Lipko	84,34	7,02	0,65	72,55	4,13	0,63	29,53	2,46	0,23	25,39	1,45	0,22	69,68	5,05	0,45	60,21	3,97	0,50	22,59	1,64	0,15	19,51	1,29	0,16
Lovrin 110	82,71	6,96	0,55	72,63	2,56	0,50	28,53	2,40	0,19	25,06	0,88	0,17	80,35	7,72	0,48	67,86	4,29	0,55	22,90	2,20	0,14	19,34	1,22	0,16
Northern L.	99,44	6,21	0,22	87,93	5,09	1,94	30,46	1,90	0,07	26,93	1,56	0,60												
P51	87,89	4,89	0,52	78,14	4,33	0,57	30,10	1,68	0,18	26,76	1,48	0,19	80,89	4,84	0,59	69,99	5,47	0,51	26,29	1,57	0,19	22,75	1,78	0,17
P52	89,80	7,41	0,70	76,77	4,92	0,46	31,43	2,59	0,25	26,87	1,72	0,16	78,59	8,28	0,56	66,02	3,74	0,61	24,17	2,55	0,17	20,30	1,15	0,19
P53	80,61	5,89	0,64	70,76	3,32	0,72	28,62	2,09	0,23	25,12	1,18	0,26	88,40	4,76	0,48	78,21	4,95	0,38	27,63	1,49	0,15	24,44	1,55	0,12
P54	72,39	5,45	0,58	62,48	3,87	0,55	24,80	1,87	0,20	21,40	1,33	0,19	80,09	5,77	0,65	68,04	5,64	0,46	23,43	1,69	0,19	19,90	1,65	0,13
P56													66,15	3,81	0,27	59,74	2,32	0,32	21,67	1,25	0,09	19,57	0,76	0,10
P57	66,18	4,62	0,49	58,45	2,62	0,53	24,32	1,70	0,18	21,48	0,96	0,20	95,89	8,04	0,51	83,35	4,00	0,64	33,80	2,83	0,18	29,38	1,41	0,23
P59	59,36	5,12	0,57	50,78	2,89	0,50	21,21	1,83	0,20	18,15	1,03	0,18	78,07	5,59	0,59	66,30	5,59	0,44	22,64	1,62	0,17	19,23	1,62	0,13
P60	40,75	2,24	0,41	36,21	1,88	0,53	14,15	0,78	0,14	12,58	0,65	0,19	83,61	5,92	0,58	71,22	5,90	0,50	29,47	2,09	0,20	25,10	2,08	0,18
Ramo	64,29	5,85	0,64	55,48	2,33	0,51	23,62	2,15	0,23	20,39	0,85	0,19	65,43	6,50	0,63	54,80	3,50	0,49	20,61	2,05	0,20	17,26	1,10	0,15
Skunk 1	82,80	4,96	0,24	74,48	3,11	1,87	31,19	1,87	0,09	28,06	1,17	0,70												
The Passion	65,23	6,36	0,49	55,32	3,07	0,56	24,30	2,37	0,18	20,61	1,14	0,21												
Uniko-B	73,42	6,08	0,59	63,28	3,46	0,55	23,87	1,98	0,19	20,57	1,13	0,18	82,89	6,08	0,70	70,52	5,59	0,46	25,07	1,84	0,21	21,33	1,69	0,14
Uso 14	76,41	6,90	0,52	65,73	3,26	0,53	23,88	2,16	0,16	20,54	1,02	0,17	76,87	6,47	0,29	67,88	2,24	0,59	23,06	1,94	0,09	20,36	0,67	0,18
Uso 31	64,14	4,41	0,49	56,49	2,76	0,69	20,53	1,41	0,16	18,08	0,88	0,22												
White Widow	78,21	4,90	0,09	68,79	4,44	1,21	26,01	1,63	0,03	22,87	1,48	0,40												
Zolo.-11 <sup>3</sup>	60,18	4,32	0,52	53,00	2,34	0,41	18,51	1,33	0,16	16,30	0,72	0,12	66,20	3,85	0,71	56,55	5,09	0,00	18,05	1,05	0,19	15,42	1,39	0,00

<sup>a</sup>Summe aller Tocopherole, ohne P-8<sup>1</sup>Bialobrezeskie<sup>2</sup>Dneprovskaya odnodomnaya 14<sup>3</sup>Zolotonoshskaya-11

**Tabelle 20:** Ermittelte Heritabilitäten der einzelnen Tocopherolfractionen (mg/100g Samen) (Versuchsjahre 2000 und 2001)

Merkmal	h <sup>2</sup>
Gesamttocopherolgehalt	0,30
α-Tocopherol	0,00
β-Tocopherol	0,19
γ-Tocopherol	0,37
δ-Tocopherol	0,00
P-8	0,00

Es konnten in einigen Fällen Korrelationen zwischen den einzelnen Tocopherolfractionen festgestellt werden (**Tabelle 21**). In beiden Versuchsjahren wurde eine signifikante Korrelation zwischen α- und β-Tocopherol beobachtet, ebenso wie für β- und δ-Tocopherol sowie für δ- und γ-Tocopherol. Einige Korrelationen unterlagen aber deutlich Jahreseinflüssen, wie beispielsweise die Beziehung zwischen α-Tocopherol und P-8 und zwischen α-Tocopherol und γ-Tocopherol. Der Ölgehalt ist nicht mit dem Gesamttocopherolgehalt korreliert.

**Tabelle 21:** Korrelationen zwischen den Tocopherolfractionen inklusive Plastochromanol-8 (P-8) (mg/100g Samen) und dem Ölgehalt (% der TM) von 51 Hanfgenotypen in den Jahren 2000 und 2001

Merkmal	β-Tocopherol	δ-Tocopherol	γ-Tocopherol	Ölgehalt	P-8	Gesamttocopherolgehalt
Korrelationskoeffizient 2000						
α-Tocopherol	0,56**	0,14	0,41**	0,04	0,16	0,42**
β-Tocopherol		0,43**	0,39**	0,32*	0,19	0,39**
δ-Tocopherol			0,65**	0,19	-0,02	0,38**
γ-Tocopherol				0,30*	0,27	0,56**
Ölgehalt					0,30*	0,02
P-8						0,28*
Korrelationskoeffizient 2001						
α-Tocopherol	0,36*	-0,03	0,27	0,11	0,40*	0,32**
β-Tocopherol		0,68**	0,02	0,00	-0,03	0,06
δ-Tocopherol			0,37**	0,23	0,04	0,13
γ-Tocopherol				0,63**	0,35*	0,37**
Ölgehalt					0,42*	0,18
P-8						0,12

Signifikanz des Korrelationskoeffizienten mit  $p = 0,05$ ,  $p = 0,01$  ist durch \* oder \*\* gekennzeichnet

Die Gehalte der einzelnen Tocopherolfractionen, einschließlich Plastochromanol-8, der F<sub>1</sub>- und der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften sind in den **Tabellen A11** und **A12** aufgeführt.

Bei den F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften wurde das Öl der Einzelpflanzen gepoolt analysiert. Hohe Gesamttocopherolgehalte über 90 mg/100g Öl wurden bei den Kreuzungen 00/17, 00/26 und 00/34 beobachtet (**Tabelle A11**), wobei es sich um Kreuzungen zwischen zwei Drogenhanfsorten und der Faserhanfsorte 'Kompolti' handelt. Diese drei Kreuzungen hatten auch die höchsten  $\gamma$ -Tocopherolgehalte. Die Kreuzungen zwischen den Genbankherkünften waren durch einen geringeren Gesamttocopherolgehalt gekennzeichnet, mit Ausnahme der Kreuzung 00/14 (GB19  $\times$  GB16); diese hatte den zweithöchsten Gesamttocopherolgehalt und den höchsten  $\alpha$ -Tocopherolgehalt im Samen beim Vergleich aller F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften. Beim Vergleich aller Kreuzungseltern, die zur Erstellung der F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften verwendet wurden, konnte für GB16 der höchste  $\alpha$ -Tocopherolgehalt mit 2,78 mg/100g Samen und für GB19 der zweithöchste  $\alpha$ -Tocopherolgehalt mit 2,13 mg/100g Samen ermittelt werden. Bei der Betrachtung der Gesamttocopherolgehalte der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften wird deutlich, dass die Kreuzung 00/50 sowohl im Öl als auch im Samen niedrigste Werte aufwies (68,89 mg/100g Öl, 21,56 mg/100g Samen) (**Tabelle A12**).

Für die sechs F<sub>2</sub>-Populationen wurden Mittelwertvergleiche durchgeführt (**Tabelle A13** (bezogen auf Öl) und **A14** (bezogen auf Samen)). Die Kreuzungen 00/43 und 00/48 sind Vollgeschwister. Es handelt sich um Pärchenkreuzungen innerhalb der F<sub>1</sub>-Kreuzung 00/11 ('Kompolti'  $\times$  GB16, die F<sub>1</sub> konnte auf Grund von Saatgutmangel nicht untersucht werden). Signifikante Unterschiede gab es beim  $\alpha$ - und  $\delta$ -Tocopherolgehalt als auch beim P-8-Gehalt. Ein ähnliches Ergebnis zeigte sich auch bei den beiden Kreuzungen 00/49 und 00/50. Diese resultieren aus der F<sub>1</sub>-Kreuzung 00/09 (GB16  $\times$  'Kompolti'). Signifikante Unterschiede sind hier im  $\gamma$ -Tocopherolgehalt und im Gesamttocopherolgehalt festzustellen. Die Kreuzungen 00/75 und 00/78 stammen aus der F<sub>1</sub>-Kreuzung 00/36 ('Kompolti'  $\times$  'Skunk 1'). Ihre Gehalte an  $\alpha$ - und  $\beta$ -Tocopherol unterschieden sich signifikant voneinander.

Ein positiver Zusammenhang zwischen den  $\alpha$ - und  $\gamma$ -Tocopherolgehalten bestand bei allen F<sub>2</sub>-Kreuzungsnachkommenschaften, mit Ausnahme der Kreuzung 00/50. Bei allen Kreuzungen war eine positive Korrelation zwischen dem Gesamttocopherolgehalt und den Gehalten an  $\alpha$ - und  $\gamma$ -Tocopherolen festzustellen. Der Ölgehalt war in keinem Falle mit dem  $\gamma$ -Tocopherolgehalt korreliert.

#### 4.4.2.2. Fettsäuremuster

Das Fettsäuremuster von Hanföl wird durch einen hohen Anteil an mehrfach ungesättigten Fettsäuren (PUFA-polyunsaturated fatty acids) dominiert. Der mittlere Gehalt in beiden Versuchsjahren lag bei 78,68 (2000: 78,78, 2001: 78,57) g/100g Öl bzw. 25,36 (2000: 26,15, 2001: 24,57) g/100g Samen. Zu den interessanten Fettsäuren im Hanföl zählen die essentiellen Fettsäuren Linolsäure (18:2 D9,12),  $\alpha$ -Linolensäure (18:3 D9,12,15),  $\gamma$ -Linolensäure (18:3 D6,9,12) und die vierfach ungesättigte Stearidonsäure (18:4 D6,9,12,15). In **Tabelle 22** sind die Gehalte der vier Fettsäuren sowie die Korrelationskoeffizienten für beide Versuchsjahre dargestellt. Zwischen beiden Versuchsjahren konnte bei diesen vier Fettsäuren ein positiver Zusammenhang mit Korrelationskoeffizienten zwischen 0,13 und 0,53 festgestellt werden. Im Samen waren die mittleren Gehalte aller vier Fettsäuren im Jahr 2000 höher als im Versuchsjahr 2001. Dies war im Öl nicht der Fall, wo nur für die beiden Fettsäuren Linol- und  $\gamma$ -Linolensäure im Versuchsjahr 2000 höhere Gehalte ermittelt werden konnten.

**Tabelle 22:** Deskriptive Statistik ausgewählter Fettsäuregehalte der 51 untersuchten Hanfgenotypen in den Versuchsjahren 2000 und 2001 in g/100g Öl und in g/100g Samen

Fettsäure in mg/100g Öl	Jahr	Mittelwert	Min	Max	STD	r
Linolsäure (18:2 D9,12)	2000	54,87	51,29	58,00	1,52	0,13
Linolsäure (18:2 D9,12)	2001	54,02	49,06	57,04	1,34	
$\gamma$ -Linolensäure (18:3 D6,9,12)	2000	2,16	0,67	4,07	0,80	0,53**
$\gamma$ -Linolensäure (18:3 D6,9,12)	2001	1,87	0,00	3,51	0,65	
$\alpha$ -Linolensäure (18:3 D9,12,15)	2000	20,84	16,88	24,67	1,91	0,30**
$\alpha$ -Linolensäure (18:3 D9,12,15)	2001	21,82	19,00	24,91	1,60	
Stearidonsäure (18:4 D6,9,12,15)	2000	0,95	0,39	1,48	0,27	0,39**
Stearidonsäure (18:4 D6,9,12,15)	2001	0,97	0,53	1,60	0,23	
<b>in mg/100g Samen</b>						
Linolsäure (18:2 D9,12)	2000	18,06	14,63	21,56	1,61	0,33**
Linolsäure (18:2 D9,12)	2001	16,79	14,20	19,33	1,20	
$\gamma$ -Linolensäure (18:3 D6,9,12)	2000	0,71	0,20	1,33	0,26	0,48**
$\gamma$ -Linolensäure (18:3 D6,9,12)	2001	0,58	0,00	1,15	0,20	
$\alpha$ -Linolensäure (18:3 D9,12,15)	2000	6,84	5,18	8,36	0,72	0,44**
$\alpha$ -Linolensäure (18:3 D9,12,15)	2001	6,79	4,99	8,66	0,70	
Stearidonsäure (18:4 D6,9,12,15)	2000	0,31	0,11	0,47	0,08	0,32*
Stearidonsäure (18:4 D6,9,12,15)	2001	0,30	0,16	0,52	0,07	

Signifikanz des Korrelationskoeffizienten mit  $p = 0,05$ ,  $p = 0,01$  ist durch \* oder \*\* gekennzeichnet

Die Heritabilitäten der einzelnen Fettsäuren sind in **Tabelle 23** dargestellt. Sie schwankten von 0 bis 0,96. Die Fettsäuregehalte der ein- und zweijährig (2000, 2001) analysierten Hanfgenotypen (in g/100g Öl und g/100g Samen) sind in den **Tabellen A15 – A18** aufgelistet.

**Tabelle 23:** Heritabilitäten der untersuchten Fettsäuren (mg/100g Samen) in den Versuchsjahren 2000 und 2001

<b>Fettsäure</b>	<b>h<sup>2</sup></b>
14:0 Myristinsäure (Myristic)	0,00
16:0 Palmitinsäure (Palmitic)	0,38
16:1 D7	0,00
16:1 D9 Palmitoleinsäure (Palmitoleic)	0,00
17:0 Margarinsäure (Margaric)	0,45
18:0 Stearinsäure (Stearic)	0,22
18:1 D9 Ölsäure (Oleic)	0,06
18:1 D11 Vaccensäure (Vaccenic)	0,31
18:2 D9,12 Linolsäure (Linoleic)	0,61
18:3 D6,9,12 $\gamma$ -Linolensäure ( $\gamma$ -Linolenic)	0,39
18:3 D9,12,15 $\alpha$ -Linolensäure ( $\alpha$ -Linolenic)	0,22
18:4 D6,9,12,15 Stearidonsäure (Stearidonic)	0,27
20:0 Arachinsäure (Arachidic)	0,00
20:1 D11	0,00
20:2 D11,13	0,96
22:0 Behensäure (Behenic)	0,00
22:1 D13 Erucasäure (Erucic)	0,00
24:0 Lignozerinsäure (Lignoceric)	0,00
24:1 D15 Selacholeinsäure (Selacholeic)	0,54
saturated fatty acids (SAFA)	0,33
monounsaturated fatty acids (MUFA)	0,08
polyunsaturated fatty acids (PUFA)	0,52

In **Tabelle 24** ist die Beziehung zwischen den untersuchten Fettsäuren und Tocopherolfractionen aufgeführt. Signifikant positive Korrelationen konnten zwischen vier Fettsäuren und  $\alpha$ -Tocopherol, zwei Fettsäuren und  $\beta$ -Tocopherol, acht Fettsäuren und  $\gamma$ -Tocopherol, neun Fettsäuren und P-8, vier Fettsäuren und  $\delta$ -Tocopherol sowie acht Fettsäuren mit dem Gesamttocopherolgehalt festgestellt werden. Plastochromanol-8 ist sowohl mit den gesättigten als auch den einfach und mehrfach ungesättigten Fettsäuren positiv korreliert. Der  $\gamma$ - und Gesamttocopherolgehalt sind ebenfalls positiv korreliert mit den gesättigten und mehrfach ungesättigten Fettsäuren. Während für  $\beta$ -Tocopherol noch eine signifikante Korrelation zu den ungesättigten Fettsäuren beobachtet werden konnte, waren für  $\alpha$ - und  $\delta$ -Tocopherol keine signifikanten Korrelationen zu den drei Fettsäuregruppen feststellbar.

**Tabelle 24:** Pearson Korrelationskoeffizient für die Beziehung zwischen den antioxidativen Inhaltsstoffen (mg/100g Samen) und den Fettsäuregehalten (g/100g Samen) von 51 zweijährig untersuchten Hanfgenotypen

Fettsäuren	Antioxidative Substanzen					
	$\alpha$ -T	$\beta$ -T	$\gamma$ -T	P-8	$\delta$ -T	Total T
14:0 (Myristic)	-0.17	-0.36 ***	-0.06	0.16	-0.22	-0.10
16:0 (Palmitic)	0.10	0.21	0.46 ***	0.56 ***	0.14	0.45 ***
16:1 D7	-0.01	-0.18	-0.18	-0.16	-0.28 **	-0.19
16:1 D9 (Palmitoleic)	-0.10	0.11	0.26	0.23	0.11	0.23
17:0 (Margaric)	-0.12	0.33	-0.06	0.16	0.27	-0.04
18:0 (Stearic)	0.15	0.38 ***	0.30 *	0.36 **	0.42 **	0.34 *
18:1 D11 (Vaccenic)	0.08	0.24	0.12	0.25	0.29 *	0.16
18:1 D9 (Oleic)	-0.05	-0.10	0.41 **	0.39 **	-0.06	0.35 *
18:2 D9,12 (Linoleic)	0.06	0.25	0.39 **	0.52 ***	0.22	0.39 **
18:3 D9,12,15 ( $\alpha$ -Linolenic)	-0.15	-0.24	0.07	0.10	-0.17	0.02
18:3 D6,9,12 ( $\gamma$ -Linolenic)	-0.07	0.22	0.39 **	0.30 *	0.32 *	0.38 **
18:4 D6,9,12,15 (Stearidonic)	-0.22	-0.23	0.14	0.01	-0.04	0.09
20:0 (Arachidic)	0.40 ***	0.05	0.31 *	0.54 ***	-0.09	0.33 *
20:1 D11	-0.19	0.09	0.16	0.18	0.03	0.12
20:2 D11,13	0.16	0.20	0.15	0.26	-0.03	0.16
22:0 (Behenic)	0.30 *	-0.01	0.40 **	0.37 **	-0.07	0.39 **
22:1 D13 (Erucic)	0.10	0.23	-0.14	-0.03	-0.08	-0.12
24:0 (Lignoceric)	0.53 ***	0.09	0.35 *	0.41 **	-0.11	0.38 **
24:1 D15 (Selacholeic)	0.33 *	0.13	0.21	0.41 **	-0.11	0.22
saturated fatty acids (SAFA)	0.22	0.28 *	0.50 ***	0.62 ***	0.21	0.51 ***
monounsaturated fatty acids (MUFA)	0.07	0.24	0.15	0.28 *	0.27	0.18
polyunsaturated fatty acids (PUFA)	-0.01	0.23	0.45 ***	0.51 ***	0.26	0.44 **

Signifikanz des Korrelationskoeffizienten mit  $p = 0,05$ ,  $p = 0,01$ ,  $p = 0,001$  ist durch \*, \*\* oder \*\*\* gekennzeichnet

Die Fettsäuremuster der F<sub>1</sub>- und der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften sind in den **Tabellen A19** (F<sub>1</sub>-Nachkommenschaft) und **A20** (F<sub>2</sub>-Nachkommenschaft) dargestellt. Bei den F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften wurde das Öl der Einzelpflanzen für die Fettsäurebestimmung gepoolt. Der höchste Gehalt an Linolsäure und  $\gamma$ -Linolensäure wurde in der Kreuzung 00/12 ermittelt. Die Kreuzung 00/36 lieferte den höchsten Gehalt an  $\alpha$ -Linolensäure, während der höchste Stearidonsäuregehalt bei der Kreuzung 00/13 auftrat. In den **Tabellen A21** (g/100g Öl) und **A22** (g/100g Samen) sind die Mittelwertvergleiche der sechs F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften für die Fettsäuren Linolsäure,  $\alpha$ -Linolensäure,  $\gamma$ -Linolensäure und Stearidonsäure aufgeführt. Es konnten viele signifikante Unterschiede zwischen den F<sub>2</sub>-Kreuzungspopulationen beobachtet werden, die auch, wie schon zuvor bei einigen Tocopherolfractionen beobachtet, zwischen den Vollgeschwistern (hauptsächlich 00/49 und 00/50 sowie 00/75 und 00/78) bestanden.

#### 4.4.3 Oxidationsstabilität

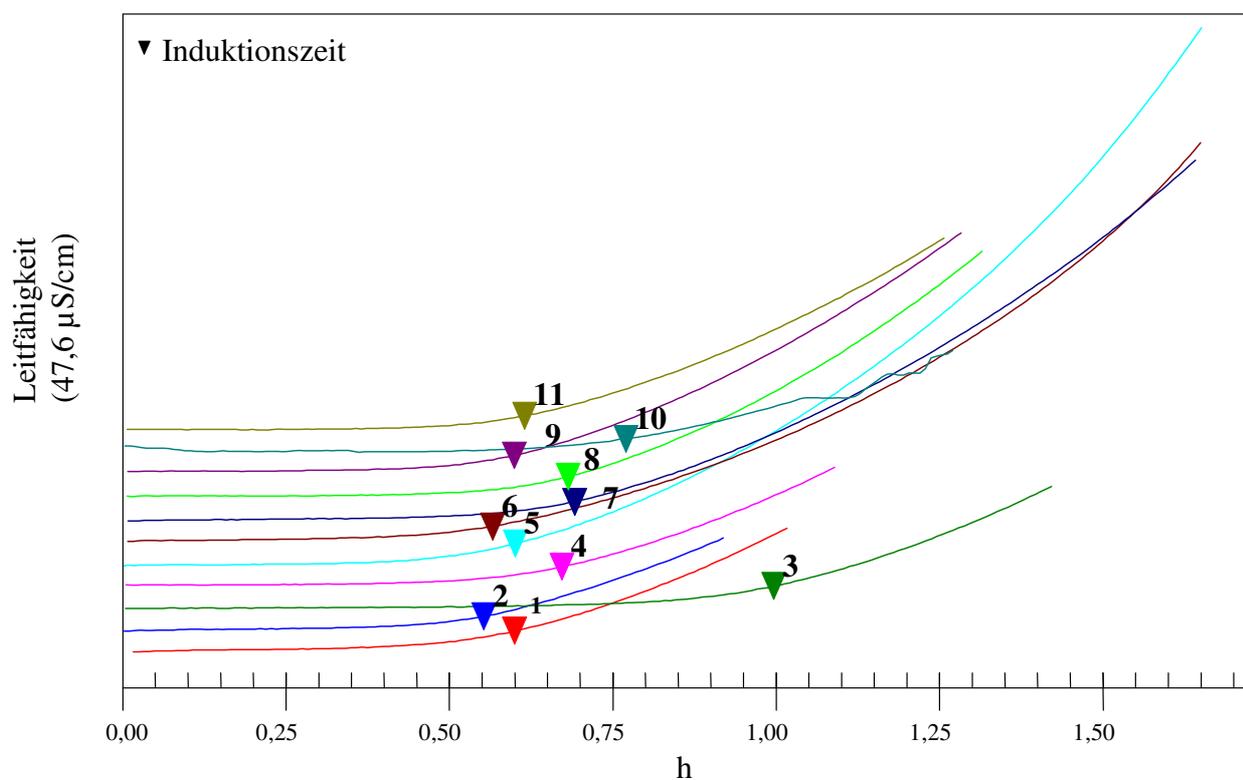
Zur Bestimmung der Oxidationsstabilität von 11 verschiedenen Hanfölen wurde die Rancimat-Methode verwendet. Über die erhaltene Messkurve kann die Induktionszeit ermittelt werden, deren Wert über die Oxidationsstabilität der entsprechenden Probe Aufschluss gibt (je kürzer die Induktionszeit, je geringer die Oxidationsstabilität). Die Induktionszeiten der 11 kalt gepressten Hanföle schwankten von 0,54 h (GB27) bis 0,99 h ('Ramo'). Das handelsübliche Hanföl 'Juwel' hatte mit 0,44 h die kürzeste Induktionszeit (**Tabelle 25**). **Abbildung 22** zeigt den Kurvenverlauf einer von insgesamt zwei Wiederholungen. Die mittleren Induktionszeiten wurden mit den Gehalten an einfach und mehrfach ungesättigten Fettsäuren (MUFA, PUFA) sowie den Gesamttocopherolgehalten in Beziehung gesetzt. Die Gesamttocopherolgehalte des Öles beeinflussen die Induktionszeit stärker als die Gehalte an einfach (MUFA) und mehrfach (PUFA) ungesättigten Fettsäuren. Die Korrelationskoeffizienten lagen für die Gesamttocopherolgehalte bei 0,47 und für die Summe der einfach und mehrfach ungesättigten Fettsäuren bei 0,16. Allerdings konnten diese Beziehungen nicht signifikant abgesichert werden.

**Tabelle 25:** Mittlere Induktionzeit, Summe der einfach (MUFA) und mehrfach (PUFA) ungesättigten Fettsäuren sowie die Gesamttocopherolgehalte (mg/100g Öl) von 11 kaltgepressten Hanfölen im Vergleich zu einem handelsüblichen Hanföl

Hanfgenotyp	mittlere Induktionszeit (h)	Standardabweichung	Summe MUFA und PUFA	Gesamttocopherolgehalt (mg/100g Öl)
GB15	0,66	0,04	90,75	98,09
Férimon	0,63	0,01	89,81	110,13
Fibrimon	0,69	0,01	90,35	96,36
GB16	0,60	0,00	89,42	88,80
GB27	0,54	0,02	90,03	98,46
GB30	0,61	0,01	89,94	73,54
GB31	0,57	0,01	89,62	101,83
Juwel <sup>1</sup>	0,44	0,04	-	66,60
Kompolti	0,58	0,03	90,17	74,89
Lovrin 110	0,71	0,09	89,80	66,76
P57	0,68	0,01	89,39	79,91
Ramo	0,99	0,02	90,09	115,11

<sup>1</sup>handelsübliches Hanföl

1 Kompolti — 2 GB27 — 3 Ramo — 4 P57 — 5 GB30 — 6 GB31 — 7 Fibrimon — 8 GB15 — 9 GB16 — 10 Lovrin 110 — 11 Férimon

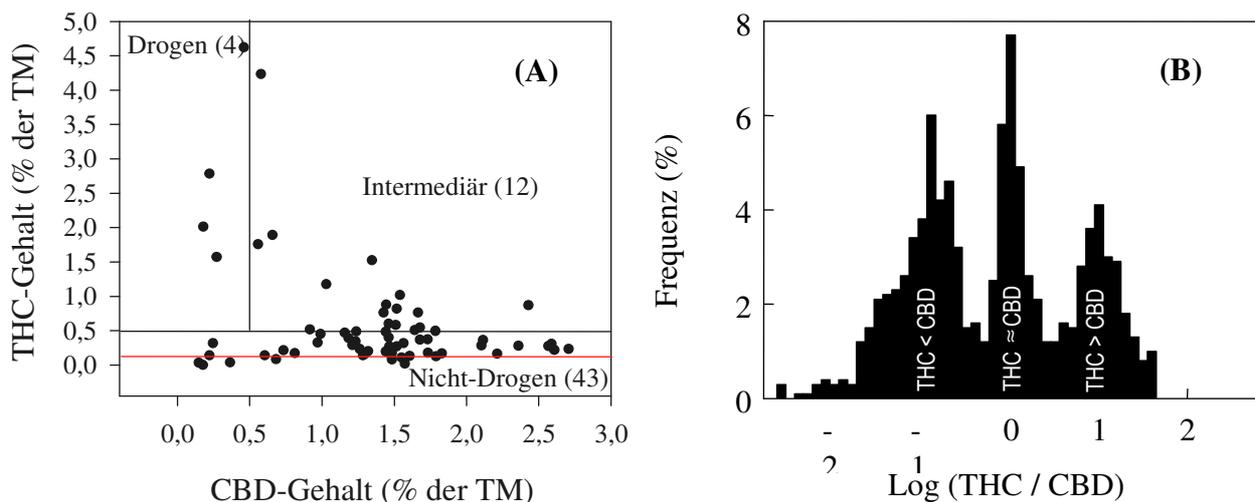


**Abbildung 22:** Induktionszeit (h) der 11 kaltgepressten Hanföle in einem von insgesamt zwei Durchläufen bei einer Leitfähigkeit von 47,6 µS/cm

#### 4.5 Cannabinoide

Ein Teil der in dieser Arbeit untersuchten Hanfgenotypen wurde bereits 1999 hinsichtlich CBD- und THC-Gehalt analysiert, wobei es in den beiden Versuchsjahren 2000 und 2001 insgesamt 57 bzw. 35 Hanfgenotypen waren (**Tabelle 26:** THC/CBD-Quotient, **Tabelle A23:** CBD-Gehalt, **Tabelle A24:** THC-Gehalt). Die THC- und die CBD-Gehalte der untersuchten Hanfgenotypen unterschieden sich signifikant voneinander ( $p = 0,001$ ). Sowohl der Einfluss des Jahres als auch die Wechselwirkung Genotyp  $\times$  Jahr waren hochsignifikant ( $p = 0,001$ ). Nicht alle Genotypen konnten in den drei Versuchsjahren analysiert werden. Für die Drogenhanfsorten ‘Skunk 1’, ‘White Widow’ und ‘Northern Light’ sowie die zwei Genbankherkünfte GB37 und GB36 konnten über alle Versuchsjahre betrachtet höchste mittlere THC/CBD-Quotienten mit 9,76 bis 17,84 ermittelt werden (**Tabelle A25**). Bei einigen Pflanzen dieser Drogen-Typen war es auf Grund eines zu geringen CBD-Gehaltes nicht immer möglich, den Quotienten aus THC und CBD zu bilden (siehe **Tabelle 26** Anmerkung<sup>3</sup>). Für ‘Dneprovskaya odnodomnaya 14’, ‘Futura’ und GB16 wurden mit Werten

zwischen 0 und 0,06 die niedrigsten mittleren THC/CBD-Quotienten erfasst. Höchste THC-Gehalte (gemittelt über alle Versuchsjahre) hatten die Genbankherkünfte GB36 und GB37 (4,23 bzw. 4,62%), gefolgt von ‘Skunk 1’ (2,78%), ‘Northern Light’ (2,01%), GB23 (1,89%) und ‘White Widow’ (1,76%) (**Tabelle A26**). Die THC-Gehalte schwankten über alle Versuchsjahre zwischen 4,62 (GB37) und 0% (‘Dneprovskaya odnodomnaya 14’). Die italienischen Sorten ‘CS’ und ‘Carmagnola’ lieferten im Versuchszeitraum höchste CBD-Gehalte (2,71 bzw. 2,61%), gefolgt von GB14 (2,59%), GB15 (2,57%), GB24 (2,43%) und GB26 (2,36%), ‘Fibranova’ (2,21%) und ‘Kompolti’ (2,11%) (**Tabelle A27**). Die CBD-Werte lagen im Mittel über alle Jahre zwischen 2,71 (‘CS’) und 0,15% (‘Zolotonoshskaya-11’). Zwischen den THC- und den CBD-Gehalten aller Hanfgenotypen konnte für den gesamten Versuchszeitraum eine schwache negative Korrelation ( $r = -0,30^{***}$ ) beobachtet werden. In der **Abbildung 23 (A)** wurden die Genotypen in Drogen-Typen, intermediäre Typen und Nicht-Drogen-Typen gemäß **Tabelle 1** eingeteilt. Sechs Genotypen befinden sich genau im Grenzbereich zwischen dem Nicht-Drogen-Typ und dem intermediären Typ. Hierbei handelt es sich um die Sorten ‘Uniko-B’, ‘FxT’, ‘Juso 31’ sowie die drei ungarischen Kreuzungspopulationen P54, P57 und P59. Die Zuordnung der untersuchten Hanfgenotypen zu dem entsprechenden Chemotyp ist **Tabelle 26** zu entnehmen. In **Abbildung 23 (B)** sind die THC/CBD-Verhältnisse aller untersuchten Hanfgenotypen dargestellt. Drei scharf voneinander abgetrennte Peaks sind zu erkennen, welche die drei Chemotypen deutlich widerspiegeln.



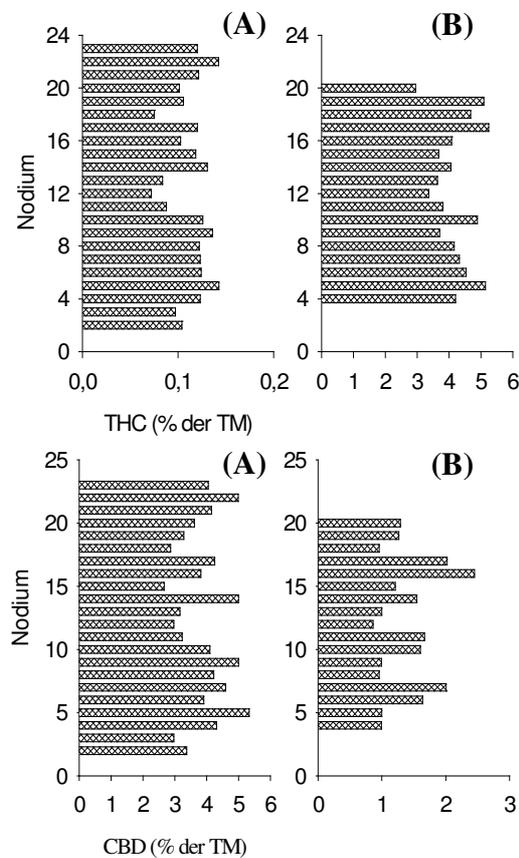
**Abbildung 23:** (A) THC- und CBD-Gehalte (% der TM, Mittelwerte über alle Versuchsjahre) von 65 Hanfgenotypen. Rot gekennzeichnet ist die zur Zeit in der EU gültige Höchstgrenze an THC von 0,2%. Werte in Klammern geben die jeweilige Anzahl der Hanfgenotypen an (B) Frequenzverteilung des log-transformierten THC/CBD-Verhältnisses von allen 1005 untersuchten Hanfpflanzen verschiedener Sorten und Kreuzungen

**Tabelle 26:** THC/CDB-Quotient (% der TM) der untersuchten Hanfgenotypen über alle Jahre

Genotypen	1999					2000				2001				Chemotyp		
	N	Mean	Max	Min	STD	N	Mean	Max	Min	STD	N	Mean	Max		Min	STD
Beniko						3	0,10	0,15	0,04	0,05						Nicht-Drogen-Typ
Bialobrezeskie						2	0,35	0,43	0,27	0,11						Nicht-Drogen-Typ
Carmagnola											3	0,08	0,09	0,08	0,00	Nicht-Drogen-Typ
CS											3	0,09	0,09	0,08	0,00	Nicht-Drogen-Typ
D. o. 14 <sup>1</sup>						1	0,00									Nicht-Drogen-Typ
Epsilon 68						2	0,18	0,35	0,01	0,24						Nicht-Drogen-Typ
Fasamo	4	0,04	0,07	0,00	0,03	2	0,24	0,40	0,07	0,23						Nicht-Drogen-Typ
Fédora 19						3	0,20	0,31	0,05	0,13						Nicht-Drogen-Typ
Fédrina 74						2	0,16	0,27	0,04	0,16						Nicht-Drogen-Typ
Féline 34						2	0,61	1,18	0,04	0,81						Intermediärer Typ
Férimon						4	0,10	0,18	0,00	0,08						Nicht-Drogen-Typ
Fibranova											3	0,07	0,08	0,06	0,01	Nicht-Drogen-Typ
Fibrimon 56						3	0,19	0,28	0,03	0,14						Nicht-Drogen-Typ
Fibrimon						4	0,50	1,48	0,11	0,65	1	0,08				Nicht-Drogen-Typ
Futura						3	0,01	0,01	0,01	0,00						Nicht-Drogen-Typ
FxT						2	0,32	0,43	0,22	0,15						Grenzbereich
GB14											1	0,12				Nicht-Drogen-Typ
GB15						6	0,11	0,21	0,05	0,06	5	0,10	0,13	0,09	0,02	Nicht-Drogen-Typ
GB16	7	0,03	0,05	0,00	0,02	6	0,05	0,10	0,00	0,03	6	0,09	0,17	0,00	0,07	Nicht-Drogen-Typ
GB17	8	0,07	0,20	0,02	0,05	5	0,66	1,66	0,01	0,85						Nicht-Drogen-Typ
GB18	11	0,26	0,96	0,02	0,32						2	0,11	0,12	0,09	0,02	Nicht-Drogen-Typ
GB19	11	0,24	0,65	0,00	0,24						8	2,14	7,63	0,00	2,77	Nicht-Drogen-Typ
GB20	8	8,55	37,28	2,68	11,68	4	7,25	12,40	3,55	3,73	4 <sup>3</sup>	5,91	9,50	3,72	2,60	Drogen-Typ
GB21	7	0,13	0,24	0,00	0,10	4	0,07	0,13	0,00	0,06	6	0,15	0,26	0,11	0,06	Nicht-Drogen-Typ
GB22	10	0,21	0,89	0,00	0,31	4	0,99	1,68	0,04	0,69	5	0,65	1,00	0,16	0,41	Intermediärer Typ
GB23	1	0,03				6	6,10	10,58	3,84	2,47	4 <sup>3</sup>	4,56	7,08	3,34	1,70	Intermediärer Typ
GB24	7	0,33	1,15	0,02	0,46	7	1,02	2,22	0,07	0,91	5	0,11	0,13	0,09	0,02	Intermediärer Typ
GB25	1	0,06									5	1,62	2,71	0,90	0,73	Intermediärer Typ
GB26	3	0,04	0,05	0,03	0,01	4	0,15	0,34	0,02	0,14	9	0,16	0,21	0,10	0,04	Nicht-Drogen-Typ
GB27	6	2,04	4,39	0,04	2,11	7	2,38	5,85	0,08	2,36	6	1,40	4,07	0,20	1,50	Intermediärer Typ
GB28	6	0,04	0,06	0,02	0,02	4	0,14	0,25	0,05	0,10						Nicht-Drogen-Typ
GB29	7	0,71	1,51	0,00	0,62	4	0,38	1,16	0,11	0,52	10	0,47	1,62	0,00	0,47	Nicht-Drogen-Typ
GB30	7	0,06	0,19	0,00	0,09	5	0,52	1,16	0,07	0,43	7	0,07	0,29	0,00	0,11	Nicht-Drogen-Typ
GB31	7	0,36	1,19	0,00	0,56	5	0,22	1,00	0,00	0,44	3	0,10	0,17	0,00	0,09	Nicht-Drogen-Typ
GB32	6	0,04	0,10	0,01	0,03	5	0,45	1,74	0,05	0,73	4	0,24	0,43	0,09	0,14	Nicht-Drogen-Typ
GB33	6	0,03	0,05	0,02	0,01	5	0,22	0,87	0,00	0,37	7	0,19	0,40	0,00	0,12	Nicht-Drogen-Typ
GB34	5	0,04	0,07	0,03	0,02	4	0,21	0,58	0,00	0,26						Nicht-Drogen-Typ
GB35	4	0,04	0,10	0,00	0,04	5	0,59	1,71	0,02	0,75						Nicht-Drogen-Typ
GB36	5 <sup>3</sup>	13,89	38,98	2,29	15,49	26	9,86	18,24	0,64	4,73	8	6,88	9,95	3,20	2,25	Drogen-Typ
GB37	2	3,74	3,74	3,74	0,00	11	14,27	24,77	5,88	6,53	4	11,99	28,29	4,73	11,16	Drogen-Typ
Glera						2	2,53	5,01	0,04	3,51						Nicht-Drogen-Typ
Gluchivski-33	4	0,09	0,33	0,00	0,16	2	1,32	1,89	0,75	0,81						Nicht-Drogen-Typ
Gluchivski -46						2	0,23	0,28	0,17	0,08	2	0,47	0,83	0,12	0,50	Nicht-Drogen-Typ
Helvetica						2	0,47	0,83	0,12	0,50						Intermediärer Typ
Juso 14	12	0,40	1,36	0,00	0,48	2	0,01	0,02	0,00	0,01						Nicht-Drogen-Typ
Juso 31	4	0,39	1,21	0,04	0,55	1	5,71									Grenzbereich
Kompolti	9	0,28	0,95	0,03	0,32	5	0,24	0,41	0,04	0,14	11	0,12	0,25	0,06	0,06	Nicht-Drogen-Typ
Lipko						4	0,28	0,95	0,02	0,45	2	0,29	0,30	0,27	0,02	Nicht-Drogen-Typ
Lovrin 110						2	0,67	1,12	0,23	0,63						Intermediärer Typ
Northern Light	5	15,11	33,68	4,63	11,55	4	14,87	33,03	3,11	14,48						Drogen-Typ
P51						9	0,62	1,94	0,02	0,78	2	8,09	14,98	1,19	9,75	Intermediärer Typ
P52						10	0,10	0,25	0,02	0,08	1	0,18				Nicht-Drogen-Typ
P53						10	1,36	2,19	0,07	0,86	1	0,36				Intermediärer Typ
P54						5	0,61	1,75	0,05	0,70	3	0,15	0,18	0,13	0,02	Grenzbereich
P56						6	0,17	0,41	0,00	0,16	4	0,63	1,94	0,17	0,87	Nicht-Drogen-Typ
P57						4	0,53	1,00	0,20	0,35	3	0,19	0,23	0,15	0,04	Grenzbereich
P59						5	0,39	1,17	0,05	0,49	2	0,23	0,23	0,23	0,00	Grenzbereich
P60						3	0,40	0,64	0,07	0,30						Intermediärer Typ
Ramo						4	0,07	0,29	0,00	0,15	6	0,32	1,40	0,00	0,53	Nicht-Drogen-Typ
Skunk 1	6 <sup>3</sup>	15,36	37,21	4,22	13,17	2	24,05	37,21	10,89	18,61						Drogen-Typ
Uniko-B						2	0,32	0,56	0,07	0,35	1	0,00				Grenzbereich
Uso 14	5	0,38	0,89	0,06	0,33											Nicht-Drogen-Typ
Uso 31	6	0,04	0,15	0,00	0,06	2	0,19	0,19	0,18	0,01						Nicht-Drogen-Typ
White Widow	5 <sup>3</sup>	21,32	95,17	2,34	36,63	3	5,61	10,18	0,55	4,84						Intermediärer Typ
Zolo.-11 <sup>2</sup>						2	0,29	0,57	0,01	0,40						Nicht-Drogen-Typ

<sup>1</sup>Dneprovskaya odnodomnaya 14 <sup>2</sup>Zolotonoshskaya-11 <sup>3</sup>Quotient ließ sich nicht in jedem Fall bilden

Die THC-, CBD- und THC/CBD-Gehalte der in den beiden Versuchsjahren 2000 und 2001 untersuchten Hanfgenotypen waren signifikant positiv miteinander korreliert mit Korrelationskoeffizienten von 0,93, 0,76 und 0,99. Bei einigen Hanfformen konnten innerhalb der Population bezüglich des Chemotyps Variation beobachtet werden. Dies ist deutlich in der **Abbildung A2** zu erkennen. Die Genbankakzession GB36 weist sowohl Drogen-Typen als auch intermediäre Typen auf. Bei der Genbankakzession GB19 sind neben den Nicht-Drogen-Typen auch intermediäre Typen zu finden. Auch bei den Sorten ‘Juso 14’ und ‘Kompolti’ wurden Ausreißer in Richtung intermediärer Chemotyp beobachtet. Es gab keinen signifikanten Zusammenhang zwischen den Fasergehalten und den CBD-Gehalten ( $r = 0,14$ ), aber zwischen dem Fasergehalt und dem THC-Gehalt konnte eine signifikant negative Korrelation ( $r = -0,44^{**}$ ) festgestellt werden. In der **Abbildung 24** sind die THC- bzw. CBD-Gradienten (%) von je einer weiblichen Pflanze der Hanfakzessionen GB22 und GB36 in Abhängigkeit vom Nodium dargestellt. Bei dieser ersten Analyse ist zu erkennen, dass hinsichtlich des THC-Gehaltes kein Gradient bestimmt werden konnte. Das THC verteilt sich mehr oder weniger gleichmäßig über die gesamte Pflanze bei beiden untersuchten Akzessionen. Eine analoge Aussage kann für das CBD getroffen werden.



**Abbildung 24:** THC- bzw. CBD-Verteilung (% der TM) in oberirdischen Teilen einer weiblichen Hanfpflanze der Genbankabstammungen GB22 (A) und GB36 (B)

Die THC und CBD-Gehalte der F<sub>1</sub>-Kreuzungsnachkommenschaften (Versuchsjahr 2000) sind in der **Tabelle 27** und in der **Abbildung 25** dargestellt. Bei der Kreuzungsrichtung Nicht-Drogen-Typ × Nicht-Drogen-Typ konnten bei einigen Nachkommenschaften Ausreißer im intermediären Bereich nachgewiesen werden (**Abbildung 25 (B)**). Bei der Kreuzung von intermediären Typen traten Nachkommen in allen drei Chemotypenklassen auf (**Abbildung 25 (F)**). Alle Nachkommen der Kreuzung 00/36 (**Abbildung 25 (A)**) zeichnen sich durch hohe THC-Gehalt über 3% aus, wobei eine Pflanze auf Grund ihres hohen CBD-Gehaltes von 0,81% fast dem intermediären Typ zu zuordnen ist. Es wurden auch Kreuzungen zwischen unterschiedlichen Chemotypen durchgeführt. Bei der Kreuzung von Drogen-Typ × Nicht-Drogen-Typ (**Abbildung 25 (C)**) waren 2 Populationen zu erkennen, eine im Drogenbereich und die zweite im intermediären Bereich. Alle F<sub>1</sub>-Nachkommen der Kreuzungsrichtung Nicht-Drogen-Typ × Drogen-Typ lagen im intermediären Bereich (**Abbildung 25 (D)**).

**Tabelle 27:** Deskriptive Statistik der THC- und der CBD-Gehalte (in % der TM) der F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften

Kreuzung	Mutter	Vater	N	CBD				THC			
				Mean	Min	Max	STD	Mean	Min	Max	STD
00/01	GB22	Kompolti	4	1,51	1,03	2,26	0,53	0,46	0,03	0,99	0,49
00/02	GB22	Kompolti	1	1,75	1,75	1,75		1,29	1,29	1,29	
00/04	B-7	Kompolti	3	1,18	1,01	1,36	0,18	0,09	0,05	0,17	0,07
00/05	GB19	Kompolti	3	1,48	1,15	1,81	0,33	0,67	0,51	0,90	0,21
00/06	GB19	Kompolti	2	1,61	1,41	1,81	0,28	0,19	0,13	0,25	0,09
00/07	GB19	Kompolti	3	2,21	1,73	3,10	0,77	1,93	1,29	2,73	0,74
00/08	GB17	Kompolti	4	1,35	1,01	1,60	0,27	0,17	0,02	0,31	0,12
00/11	Kompolti	GB16	3	1,08	0,81	1,41	0,31	0,10	0,06	0,14	0,04
00/13	GB19	GB16	4	0,96	0,63	1,24	0,25	0,77	0,00	2,27	1,05
00/14	GB19	GB16	3	1,84	1,71	1,92	0,11	0,49	0,11	0,79	0,34
00/15	GB22	GB16	2	1,39	1,28	1,49	0,15	0,76	0,11	1,42	0,92
00/16	GB22	GB16	5	1,50	1,31	1,68	0,14	0,24	0,04	0,59	0,22
00/17	Kompolti	White Widow	5	1,77	1,39	2,35	0,36	1,60	1,30	2,06	0,30
00/18	Kompolti	Skunk 1	10	1,48	1,09	2,19	0,32	1,51	1,09	1,95	0,25
00/19	Kompolti	Skunk 1	8	1,72	0,86	2,64	0,50	2,55	1,88	2,91	0,37
00/20	GB22	Skunk 1	31	0,53	0,21	1,22	0,20	6,82	3,19	13,72	2,53
00/21	GB22	B-7	5	1,07	0,86	1,34	0,19	0,54	0,03	1,40	0,60
00/22	Kompolti	B-7	5	1,27	0,83	1,74	0,34	0,50	0,00	0,98	0,41
00/24	Eletta Campana	B-7	4	0,40	0,14	0,65	0,27	2,25	0,66	4,48	1,62
00/25	White Widow	Kompolti	4	0,75	0,19	1,78	0,70	3,10	1,17	4,98	1,57
00/26	White Widow	Kompolti	8	1,54	0,55	2,36	0,58	2,25	0,86	5,19	1,42
00/27	White Widow	Kompolti	21	1,12	0,18	2,58	0,81	3,17	1,25	6,25	1,44
00/31	GB24	Skunk 1	5	1,30	1,12	1,83	0,30	2,13	1,44	2,96	0,56
00/32	Kompolti	Skunk 1	17	1,93	1,17	2,84	0,54	4,09	1,78	6,75	1,35
00/34	Kompolti	Skunk 1	2	1,50	1,34	1,66	0,23	2,06	1,07	3,05	1,40
00/35	Skunk 1	Kompolti	8	0,94	0,21	2,64	0,91	4,64	2,20	7,88	1,74
00/36	Skunk 1	Kompolti	36	1,33	0,11	3,50	1,10	3,81	1,55	8,46	1,68
00/37	GB36	Skunk 1	13	0,28	0,15	0,82	0,19	4,76	3,13	7,04	1,31

Anmerkung: Kreuzungen 00/09, 00/10, 00/12 und 00/23 konnten auf Grund von Materialmangel nicht analysiert werden

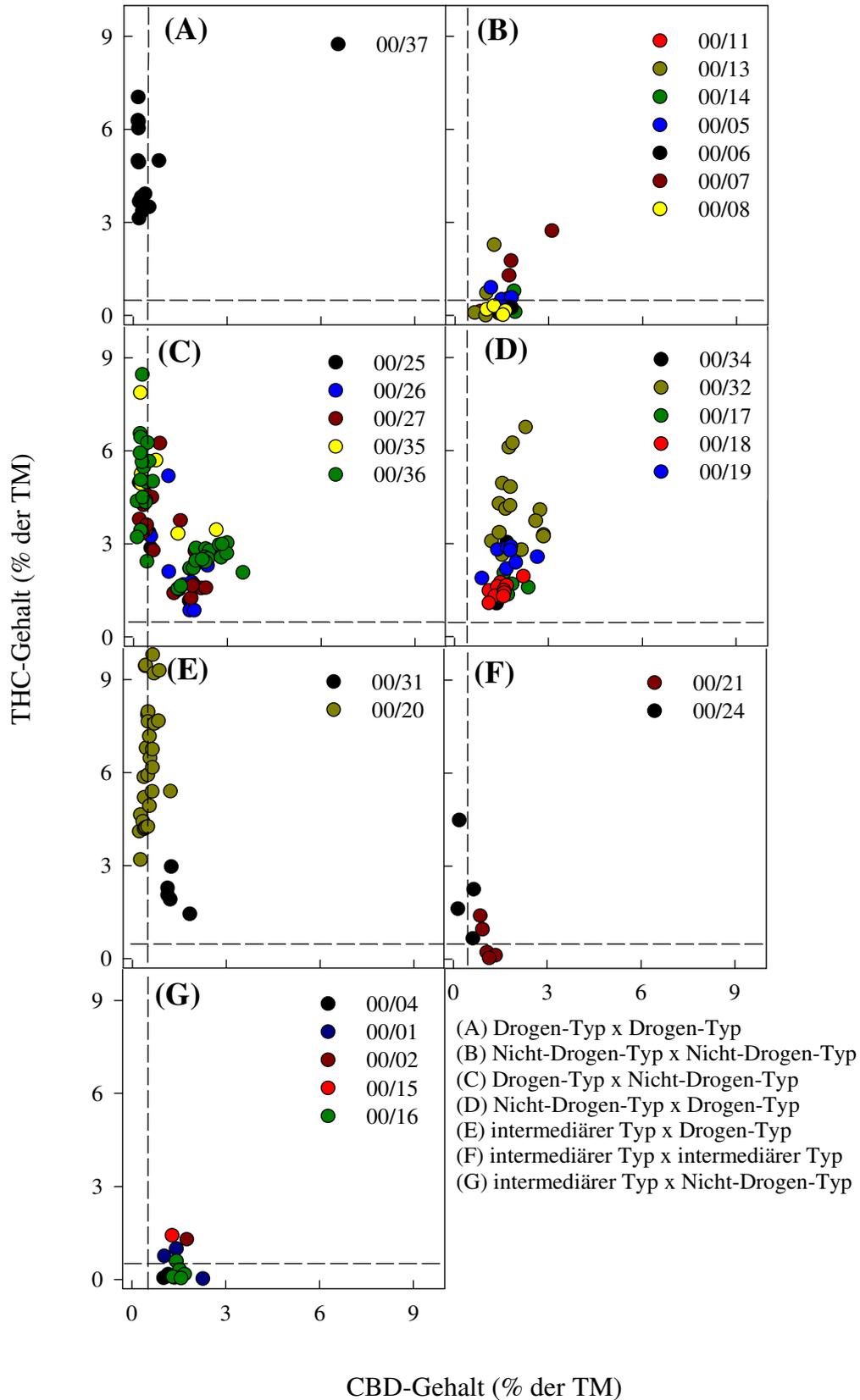
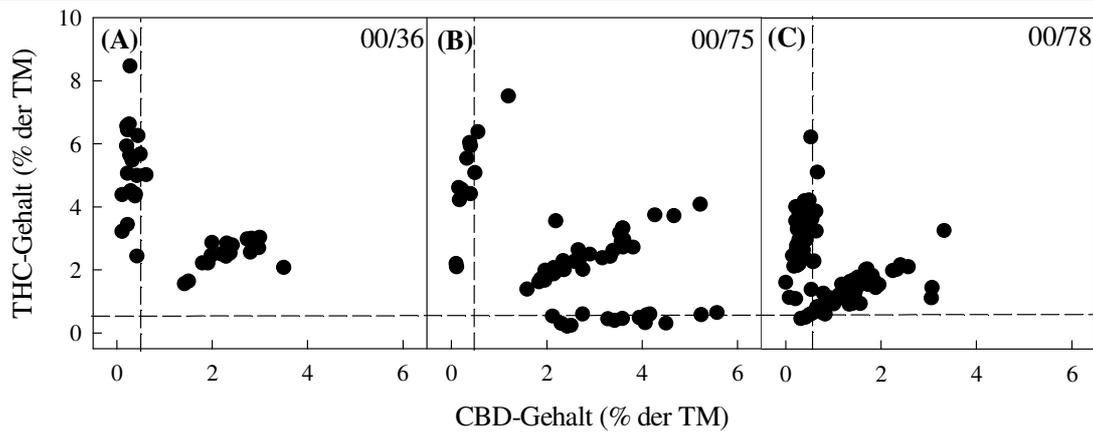


Abbildung 25: CBD- und THC-Gehalte der  $F_1$ -Nachkommenschaften im Versuchsjahr 2000

Die THC- und CBD-Gehalte der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften (Versuchsjahr 2001) sind in **Tabelle 28** zusammengefasst. Bei den F<sub>2</sub>-Pärchenkreuzungen 00/78 und 00/75 konnten klare Spaltungsverhältnisse bezüglich des Chemotyps beobachtet werden (**Abbildung 26**). Schon bei der F<sub>1</sub>-Nachkommenschaft 00/36 konnte eine 1:1 Aufspaltung in intermediäre und in Drogen-Typen beobachtet werden (**Abbildung 25 (C)**, **Abbildung 26 (A)**). Die Pflanzen der Kreuzung 00/75 spalteten in einem Verhältnis von 1:2:1 in Nicht-Drogen-Typ : intermediärer Typ : Drogen-Typ (**Abbildung 26 (B)**). Bei der Kreuzung 00/78 konnte ein Spaltungsverhältnis von 1:1 in intermediäre Typen : Drogen-Typen ermittelt werden (**Abbildung 26 (C)**). Dies deutet darauf hin, dass das Verhältnis von THC zu CBD durch ein Majorgen bedingt wird. Bei der Kreuzung 00/78 wurden neben den weiblichen Pflanzen auch die männlichen Pflanzen auf ihren THC-Gehalt untersucht. Zwischen den THC- und den CBD-Gehalten sowie den THC/CBD-Quotienten ergab sich kein signifikanter Unterschied zwischen den beiden Geschlechtern (THC: p = 0,41 ; CBD: p = 0,69; THC/CBD: p = 0,48). Die THC/CBD-Gehalte der F<sub>2</sub>-Kreuzungen 00/43, 00/48, 00/49 und 00/50 von 'Kompolti' mit der Genbankherkunft GB16 zeigten, dass die Nachkommenschaften einen deutlich niedrigeren THC-Gehalt aufwiesen als der Elter 'Kompolti' (**Tabelle 28**, **Abbildung A3**).

**Tabelle 28:** Deskriptive Statistik der THC- und der CBD-Gehalte (% der TM) der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften im Versuchsjahr 2001

Kreuzung	Mutter	Vater	N	CBD				THC			
				Mean	Min	Max	STD	Mean	Min	Max	STD
00/43	00/10_8	00/10_6	12	1,48	0,73	2,10	0,38	0,24	0,15	0,68	0,14
00/48	00/10_20	00/10_21	14	1,22	0,45	2,54	0,60	0,16	0,00	0,33	0,08
00/49	00/09_12	00/09_8	13	1,09	0,45	2,35	0,51	0,12	0,00	0,23	0,08
00/50	00/09_13	00/09_8	11	1,34	0,57	2,27	0,54	0,21	0,00	0,44	0,11
00/75	00/36_17	00/36_18	57	2,57	0,10	5,57	1,45	2,48	0,21	7,51	1,76
00/78	00/36_49	00/36_48	111	0,87	0,00	3,32	0,70	2,25	0,47	6,22	1,17

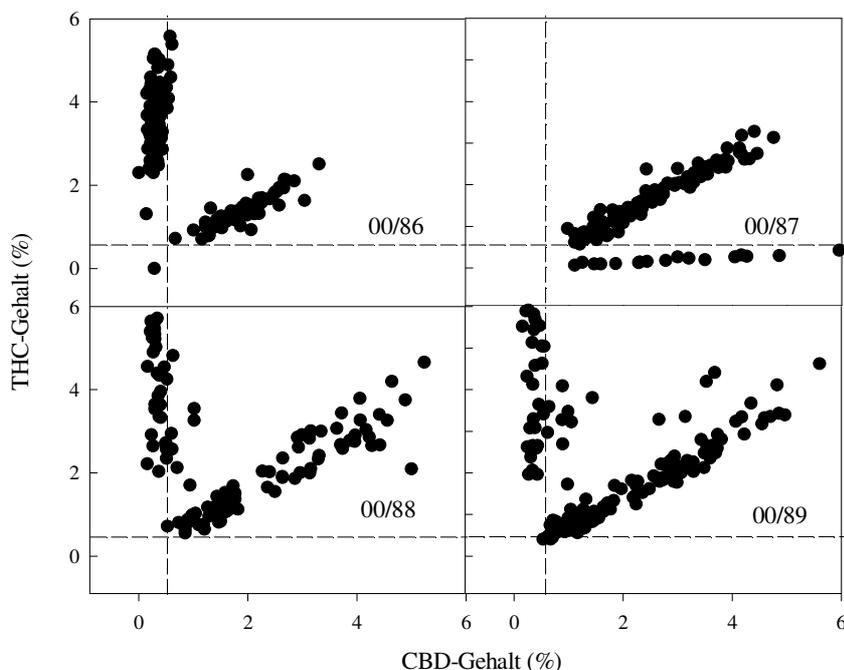


**Abbildung 26:** Beziehung zwischen den CBD- und THC-Gehalten der  $F_1$ -Nachkommenschaft 00/36 (A) und der  $F_2$ -Nachkommenschaften 00/75 (B) und 00/78 (C)

Die CBD- und THC-Gehalte der  $F_3$ -Nachkommenschaften (Versuchsjahr 2002) sind in der **Tabelle 29** sowie in der **Abbildung 27** dargestellt. Bei allen vier Kreuzungen sind zwei Cluster zu erkennen. Bei 00/86, 00/88 und 00/89 wurde eine 1:1 Spaltung in Drogen-Typen und intermediäre Typen beobachtet, während bei der Kreuzung 00/87 intermediäre Typen und Nicht-Drogen-Typen auftraten.

**Tabelle 29:** Deskriptive Statistik der THC- und der CBD-Gehalte (in % der TM) der  $F_3$ -Nachkommenschaften (Versuchsjahr 2002)

Kreuzungsnummer	Mutter	Vater	N	CBD				THC			
				Mean	Min	Max	STD	Mean	Min	Max	STD
00/86	00/75-32	00/75-33	151	1,12	0,00	3,31	1,30	2,50	0,00	5,58	1,30
00/87	00/75-37	00/75-40	120	2,53	0,97	5,95	0,83	1,42	0,07	3,28	0,83
00/88	00/75-39	00/75-40	134	1,54	0,16	5,24	2,23	3,34	0,55	11,13	2,23
00/89	00/75-62	00/75-59	154	1,77	0,15	6,03	1,97	2,76	0,41	9,87	1,97



**Abbildung 27:** Beziehung zwischen CBD- und THC-Gehalt der  $F_3$ -Nachkommenschaften 00/86-00/89 (Versuchsjahr 2002)

#### 4.6 Genotypendifferenzierung unter Betrachtung der phänotypischen und molekularbiologischen Daten

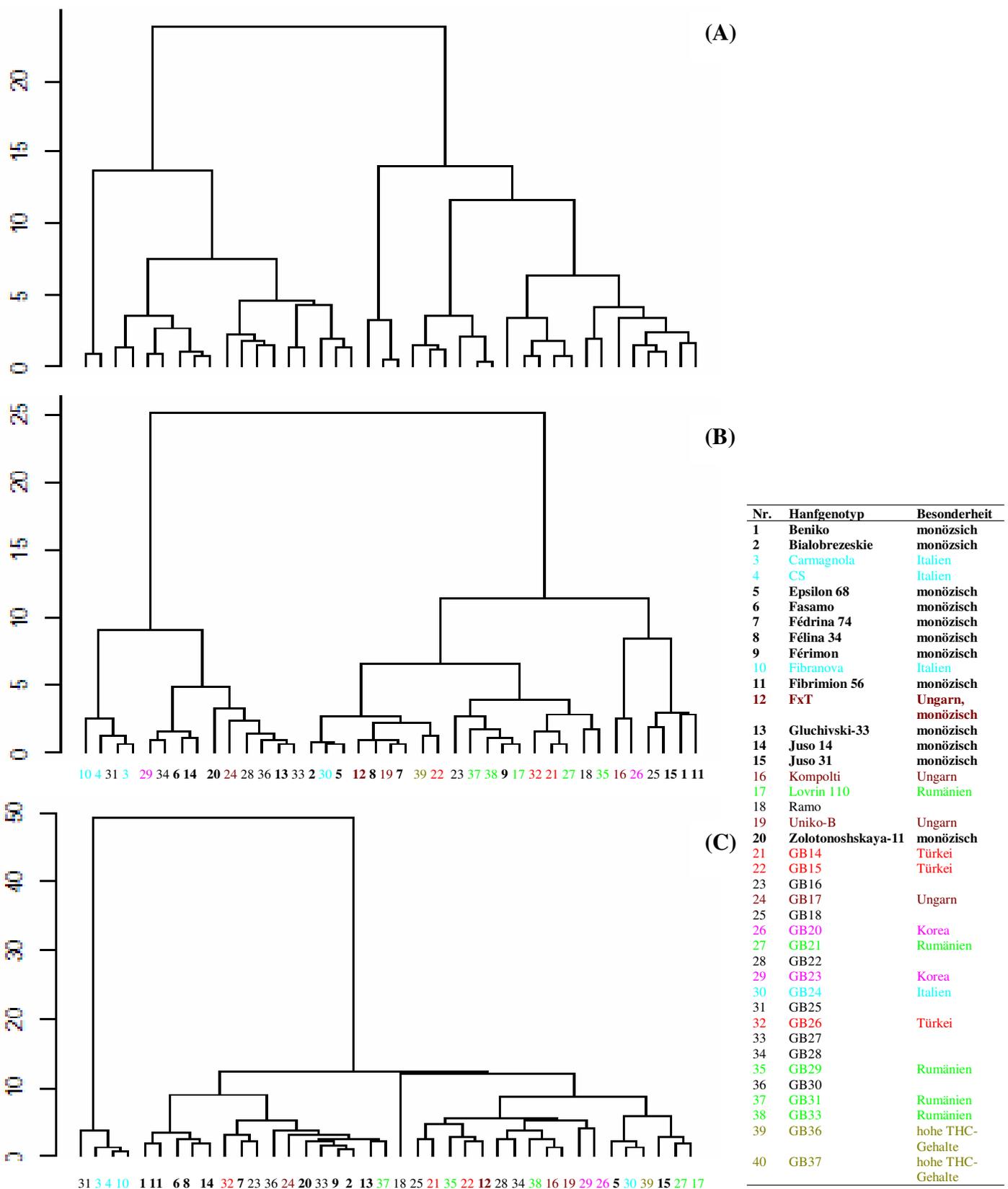
Es wurden separate Clusteranalysen für die Merkmale Tocopherol- und Fettsäuregehalte durchgeführt. Die Merkmale Blühbeginn, Öl- und Fasergehalt, THC- und CBD-Gehalt, Pflanzenlänge, Frischgewicht (FG) sowie Stängeldurchmesser (SDM) wurden zu einer Gruppe zusammengefasst. Auf Grund fehlender Daten konnten nicht alle Hanfgenotypen in die Analysen einbezogen werden.

Vor einer Clusteranalyse mit mehreren quantitativen Daten müssen diese standardisiert werden, da Merkmale mit hohen Standardabweichungen bevorzugt in die Analyse eingehen:

$$x_{\text{stand}} = ((x_i - x_{\text{mw}}) / s)$$

wobei  $x_i$  die einzelnen Beobachtungen eines Merkmales,  $x_{\text{mw}}$  der Mittelwert und  $s$  die Standardabweichung dieser Daten ist. Nach Bestimmung der euklidischen Distanzen wurden diese nach der Ward-Methode geclustert. Für alle drei oben beschriebenen Merkmalsgruppen konnten drei Dendrogramme erstellt werden, die in **Abbildung 28 (A-C)** dargestellt sind. Für die Erstellung des Dendrogrammes der **Abbildung 28 (A)** wurden Daten von acht phänotypischen Merkmalen miteinander verrechnet. Erkennbar wird die Einteilung der Genotypen in zwei gleich starke Cluster mit jeweils zwei Untergruppierungen, aus denen wiederum einige Untergruppen hervorgehen. Es gibt einige Cluster mit Gemeinsamkeiten. Die THC-reichen Genbankherkünfte GB36 (40) und GB37 (39) (olivgrün markiert) bilden ein gemeinsames Cluster ebenso wie die türkischen Herkünfte GB14 (21), GB15 (22) und GB26 (32) (rot markiert) sowie die koreanischen Herkünfte GB20 (26) und GB23 (29) (lila markiert). Nahe beieinander liegen auch die Sorten bzw. Herkünfte aus Italien ('Carmagnola' (3), 'CS' (4), 'Fibranova' (10), GB 24 (30); türkis markiert). Die untersuchten rumänischen Hanfgenotypen (grün markiert) sind in beiden Hauptclustern vertreten. Gleiches trifft auch für die ungarischen Genotypen zu (braun markiert). Von den 12 monözischen Herkünften (fett markiert) liegen 8 in einem gemeinsamen Hauptcluster zusammen, bei den übrigen 4 handelt es sich um die Sorten 'Fibrimon 56', 'Epsilon 68', 'Fédrina 74', 'Félina 34', wobei es sich bei den beiden letzteren um französische Hybridpopulationen handelt.

Bei den Merkmalen Tocopherol- und Fettsäuregehalte lassen sich keine so klaren Beziehungen feststellen (**Abbildung 28 (B)** und **(C)**). Bei beiden Dendrogrammen fällt jedoch auf, dass die Ähnlichkeiten zwischen den Genotypen deutlich größer ist als in **Abbildung 28 (A)**. Dies trifft besonders für die Fettsäuremuster zu, da die Cluster sehr eng zusammenliegen (**Abbildung 28 (C)**). Lediglich ein Cluster mit den italienischen Sorten



**Abbildung 28:** Dendrogramme der Merkmale Blühbeginn, Öl- und Fasergehalt, THC- und CBD-Gehalt, Pflanzenlänge, Frischgewicht sowie Stängeldurchmesser (A), der Tocopherolgehalte (B) und der Fettsäuregehalte (C) geclustert nach der Ward-Methode. Auf der y-Achse ist die euklidische Distanz aufgetragen. Den einzelnen Genotypen wurden Zahlen zugeordnet (siehe Legende). Monözische Herkünfte sind fett markiert; Erläuterungen der Farben siehe Legende und Text

‘Carmagnola’ (3), ‘CS’ (4), ‘Fibranova’ (10) sowie der Genbankherkunft GB25 ist separat. Genau diese Sorten sind es, die auch bei den Tocopherolgehalten ein eigenes Cluster bilden (**Abbildung 28 (B)**). Die beiden koreanischen Herkünfte GB20 (26) und GB23 (29) clustern bei den Fettsäuregehalten wie auch schon in **Abbildung 28 (A)** zusammen.

Mittels einer modellbasierten Clusteranalyse (ellipsoidales Modell mit gleichen Varianzen) erfolgte erneut der Versuch einer Gruppierung der Hanfgenotypen unter Berücksichtigung der phänotypischen Merkmale. Dieses Vorgehen wurde gewählt, um die Gültigkeit der bereits nach der Ward-Methode berechneten Cluster in **Abbildung 28** zu überprüfen und um die Gruppenbildung in einer Scatterplot-Matrix darzustellen.

Für die zusammengefassten Merkmale Blühbeginn, Öl- und Fasergehalt, THC- und CBD-Gehalt, Pflanzenlänge, Frischgewicht, Stängeldurchmesser sowie für den Tocopherolgehalt war dieser Ansatz erfolgreich. In der **Tabelle 30** ist die Gruppierung der Hanfgenotypen für die acht phänotypischen Merkmale aufgezeigt. Hierbei sind alle Genotypen mit unvollständigen Informationen nicht berücksichtigt worden. Es konnten 4 Gruppen gebildet werden, die auch in der **Abbildung 28 (A)** wieder zu finden sind. In der **Abbildung 29** ist eine multiple Scatterplot-Matrix dargestellt, in der die gefundenen Gruppen aus der Clusteranalyse über alle acht Merkmale veranschaulicht werden. Hierfür wurden den Gruppen entsprechende Symbole zugeordnet (siehe **Tabelle 30** Spalte Symbol). Die einzelnen phänotypischen Zielgrößen sind hierbei gegeneinander aufgetragen. Die Achsen stellen die verschiedenen Merkmale dar.

**Tabelle 30:** Gruppierung der Hanfgenotypen nach ihren phänotypischen Merkmalen Blühbeginn, Öl- und Fasergehalt, THC- und CBD-Gehalt, Pflanzenlänge, Frischgewicht sowie Stängeldurchmesser mit Hilfe einer modellbasierten Clusteranalyse

	Symbol <sup>1</sup>	Merkmal (A) <sup>1</sup>
Gruppe 1	▲	GB15, GB20, GB21, GB22, GB23, GB24, GB26, GB29, Beniko, Epsilon 68, Fédrina 74, Félina 34, Fibrimon 56, FxT, Kompolti, Lovrin 110, Ramo
Gruppe 2	□	GB16, GB27, GB28, GB30, GB31, GB33, Bialobrezeskie, Férimon, Fasamo, Gluchivski-33, Juso 14, Juso 31, Zolotonoshskaya-11
Gruppe 3	●	GB36
Gruppe 4	×	Uniko-B

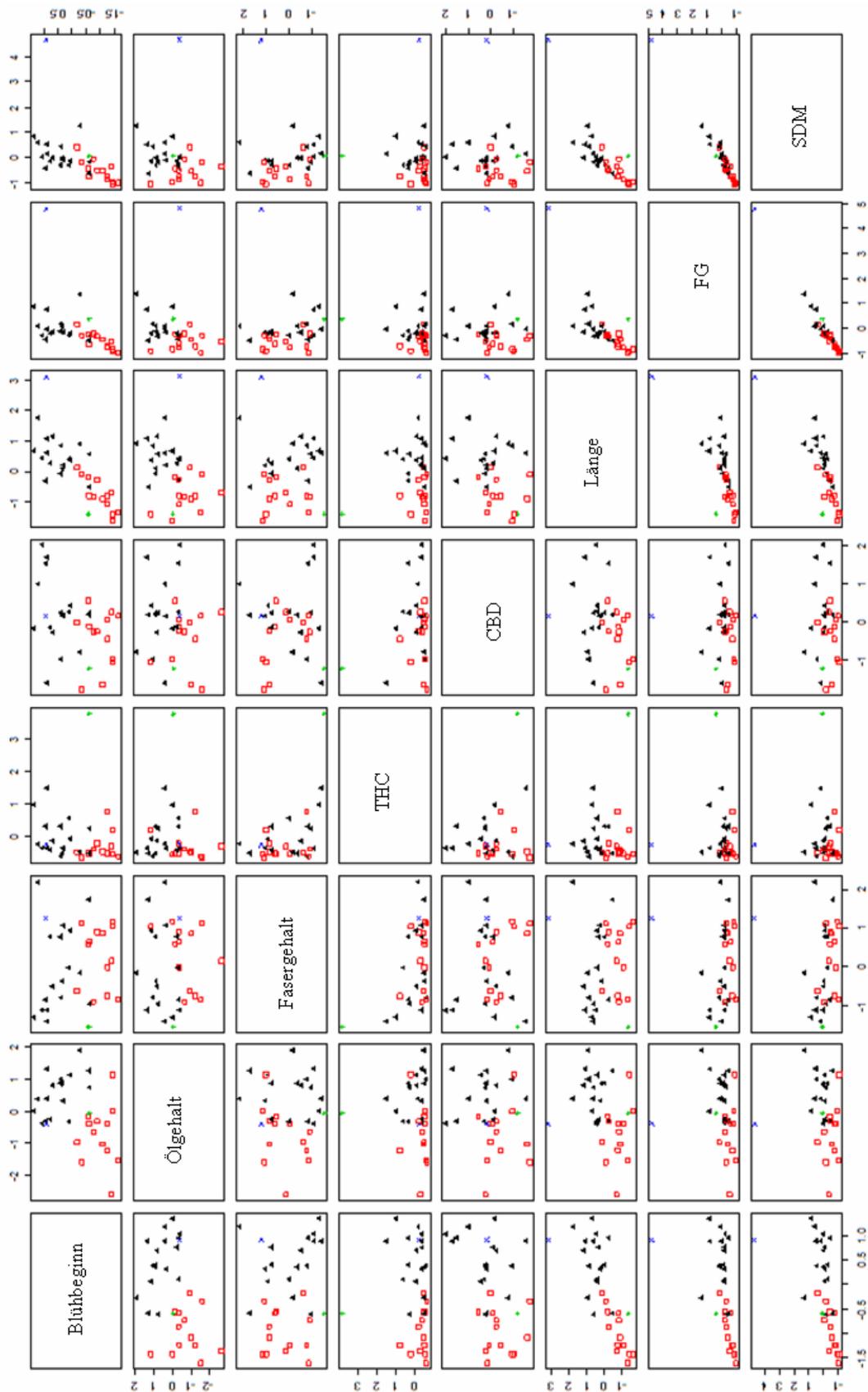
<sup>1</sup>Symbol in **Abbildung 29**

In **Tabelle 31** ist die Gruppierung der Genotypen für die Tocopherolgehalte beschrieben. Es wurden 5 Gruppen mittels modellbasierter Clusteranalyse gefunden, diese sind auch bereits in der **Abbildung 28 (B)** erkennbar. Diese Gruppen konnten ebenfalls in **Abbildung A4** durch eine multiple Scatterplot-Matrix veranschaulicht werden. Der Versuch, alle Daten der Fettsäuregehalte mit Hilfe einer modellbasierten Clusteranalyse zu analysieren, war auf Grund der großen Ähnlichkeiten der Genotypen in ihren Fettsäuregehalten nicht möglich. In der **Abbildung 28 (C)** wurde dies bereits deutlich.

**Tabelle 31:** Gruppierung der Hanfgenotypen nach ihren Tocopherolgehalten mit Hilfe einer modellbasierten Clusteranalyse

	Symbol <sup>1</sup>	Merkmal (B) <sup>1</sup>
Gruppe 1	▲	GB25, Carmagnola, CS, Fibranova
Gruppe 2	□	GB18, GB20, Kompolti, Fibrimon 56
Gruppe 3	●	GB17, GB22, GB23, GB27, GB28, GB30, Bialobrezeskie, Fasamo, Gluchivski-33, Juso 14, Juso 31, Zolotonoshskaya-11
Gruppe 4	×	GB15, GB24, GB31, GB33, GB36, Epsilon 68, Fédrina 74, Félina 34, Férimon, FxT, Lovrin 110, Ramo, Uniko-B
Gruppe 5	★	GB14, GB16, GB21, GB26, GB29, Beniko

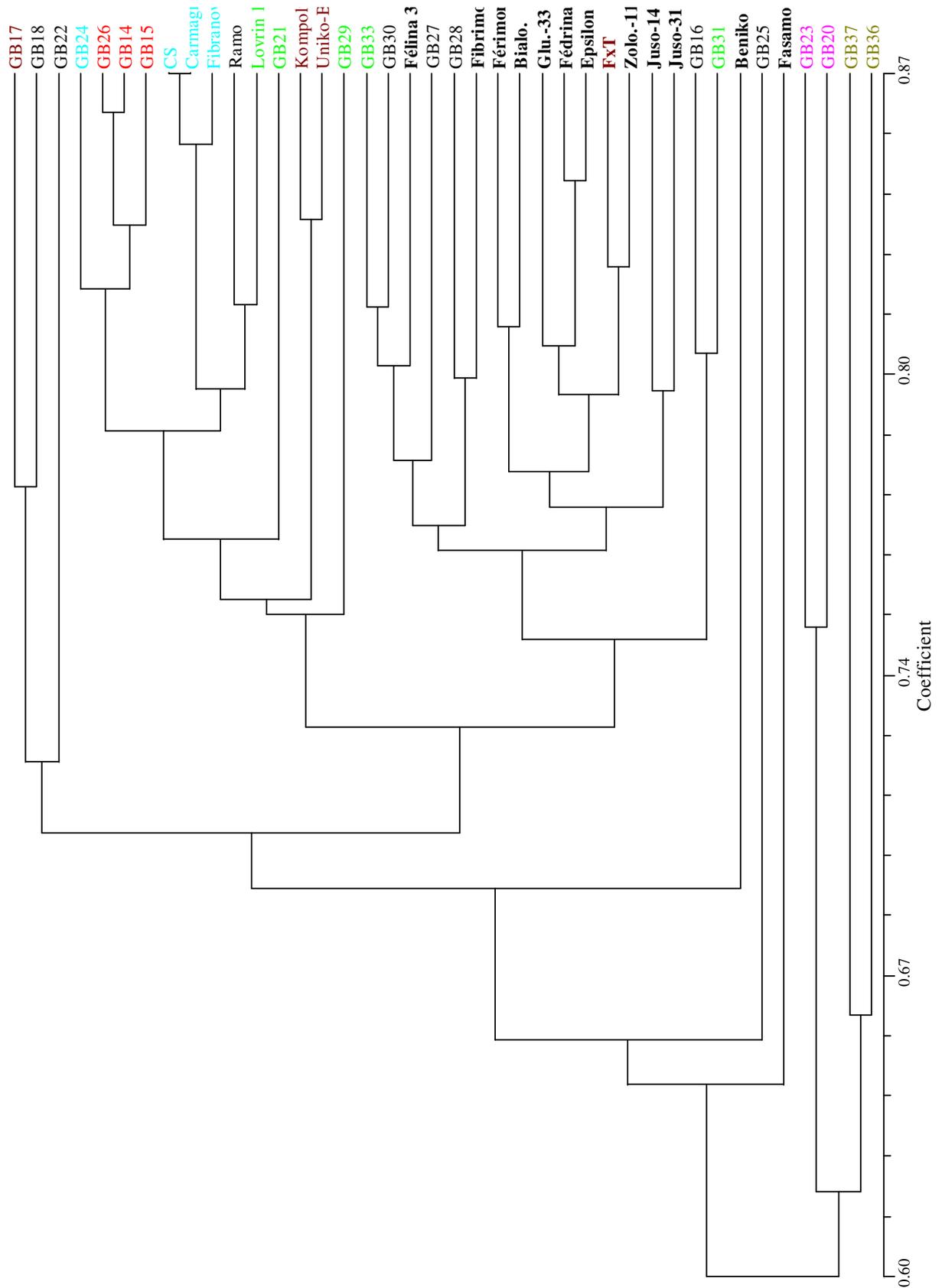
<sup>1</sup>Symbol in **Abbildung A4**



**Abbildung 29:** Multipler Scatterplot der Merkmale Blühbeginn, Öl- und Fasergehalt, THC- und CBD-Gehalt, Pflanzenlänge, Frischgewicht sowie Stängeldurchmesser ermittelt durch eine modellbasierte Clusteranalyse. 4 Gruppen sind zuerkennen, Symbole siehe **Tabelle 30** für eine Gruppenzuordnung

Bei der Untersuchung der 40 Hanfgenotypen mittels AFLP-Marker (Mischproben aus 5 Einzelpflanzen) wurden 734 polymorphe Loci gefunden (KLEIN 2003). Aus den erhaltenen Daten wurde mit Hilfe von NTSYS ein Dendrogramm erstellt (**Abbildung 30**). Zwei Gruppen konnten unterschieden werden. Es ist erkennbar, dass die THC-reichen Genbankherkünfte GB20, GB23, GB36 und GB37 ein gemeinsames Cluster bilden. Ihre Ähnlichkeit zu den restlichen 36 Genotypen liegt bei 60%. Außerdem ergaben sich teilweise klar erkennbare Gruppierungen hinsichtlich der Herkunft und der Geschlechtsausprägung. Die ungarischen Sorten 'Kompolti' und 'Uniko-B' liegen eng beieinander, was auch für die italienischen Sorten 'CS', 'Carmagnola' und 'Fibranova' beobachtet werden konnte. Auch die Genotypen mit koreanischer Herkunft (GB20, GB23) bilden ein enges Cluster. Das Gleiche gilt für die türkischen Genbankherkünfte GB14, GB15 und GB26. Die monözischen Hanfsorten (französische Hybridpopulationen 'Félina 34' und 'Fédrina 74' mit eingeschlossen) befinden sich mit Ausnahme von 'Fasamo' und 'Beniko' in einer gemeinsamen Untergruppierung.

Die phänotypischen Ergebnisse zur Genotypendifferenzierung wurden gemeinsam mit den durch die AFLP-Untersuchung detektierten Banden mit Hilfe eines t-Testes (Proc ttest, SAS) verrechnet. Die An- bzw. Abwesenheit der Banden wurde dabei als Klassifizierungsvariable verwendet. Die 64 in die Analyse eingehenden Merkmale, die Banden-Nummern sowie die dazugehörigen signifikanten p-Werte sind in der **Tabelle A28** aufgeführt. **Tabelle 32** zeigt eine Auswahl an Merkmalen mit den Anzahlen an signifikanten Bandenausprägungen (Auszug aus **Tabelle A28**). Insgesamt konnten für die 64 Merkmale 875 signifikante Bandenausprägungen gefunden werden. Für die einzelnen Merkmale konnten eine (für die beiden Fettsäuren 18:1 D9, 20:2 D11,13 im Öl) bis zu 46 (Fettsäure 18:3 D6,9,12 im Samen) signifikante Bandenausprägungen gefunden werden. Der Blühbeginn und die Gehalte an den mehrfach ungesättigten Fettsäuren 18:3 D6,9,12 ( $\gamma$ -Linolensäure in mg/100g Öl und Samen) und 18:4 D6,9,12,15 (Stearidonsäure in mg/100g Öl und Samen) sind durch eine hohe Anzahl an signifikanten Bandenausprägungen von über 40 gekennzeichnet. Für die Merkmale Fasergehalt (% der TM), Linolsäuregehalt (18:2 D9,12 in mg/100g Öl), CBD-Gehalt (% der TM) und Pflanzenlänge konnten 18, 19, 20 bzw. 28 signifikante Bandenausprägungen gefunden werden. Geringere Anzahlen an signifikanten Bandenausprägungen konnten für die Merkmale Ölgehalt (% der TM) (6 Banden), für den Gehalt an  $\alpha$ -Linolensäure (18:3 D9,12,15 in mg/100g Öl und Samen) (5 bzw. 6 Banden) und dem THC-Gehalt (% der TM) (8 Banden) festgestellt werden.



**Abbildung 30:** Dendrogramm von 40 Hanfgenotypen (Bulks aus 5 Einzelpflanzen), Banden aus 16 Primer-Kombinationen, Distanzmaß: Dice, UPGMA in NTSYS. Monözische Herkünfte sind fett markiert; Bedeutung der Farben sind der Legende aus der **Abbildung 28** zu entnehmen

Die Anzahl an signifikanten Bandenausprägungen lag bei den Tocopherolgehalten und den einzelnen Tocopherolfractionen (in mg/100g Öl und in mg/100g Samen) zwischen 6 und 11.

**Tabelle 32:** Anzahl signifikanter Bandenausprägungen an ausgewählten Merkmalen

Merkmal	Anzahl signifikanter Bandenausprägungen
Blühbeginn (in x Tagen nach Aussaat)	44
Pflanzenlänge (cm)	28
Frischgewicht (g)	3
Stängeldurchmesser (mm)	10
Fasergehalt (% der TM)	18
Ölgehalt (% der TM)	6
18:2 D9,12 (mg/100g Öl)	19
18:2 D9,12 (mg/100g Samen)	12
18:3 D6,9,12 (mg/100g Öl)	45
18:3 D6,9,12 (mg/100g Samen)	46
18:3 D9,12,15 (mg/100g Öl)	5
18:3 D9,12,15 (mg /100g Samen)	6
18:4 D6,9,12,15 (mg/100g Öl)	42
18:4 D6,9,12,15 (mg/100g Samen)	40
Tocopherolgehalt (mg/100g Samen)	7
Tocopherolgehalt (mg/100g Öl)	9
$\alpha$ -Tocopherol (mg/100g Öl)	6
$\alpha$ -Tocopherol (mg/100g Samen)	7
$\beta$ -Tocopherol (mg/100g Öl)	8
$\beta$ -Tocopherol (mg/100g Samen)	13
$\gamma$ -Tocopherol (mg/100g Öl)	10
$\gamma$ -Tocopherol (mg/100g Samen)	7
$\delta$ -Tocopherol (mg/100g Öl)	10
$\delta$ -Tocopherol (mg/100g Samen)	11
P-8 (mg/100g Öl)	8
P-8 (mg/100g Samen)	7
THC-Gehalt (% der TM)	8
CBD-Gehalt (% der TM)	20

Bei der Clusteranalyse der molekularbiologischen Daten konnten klar definierte Gruppen gefunden werden (**Abbildung 30**). Diese dienten als Basis für Mittelwertvergleiche. Folgende Gruppen wurden vorgegeben: Italien ('Carmagnola', 'CS', 'Fibranova'), Korea (GB20, GB23), monözisch ('Félina 34', 'Fibrimon 56', 'Férimon', 'Bialobrezeskie', 'Gluchivski-33', 'Fédrina 74', 'Epsilon 68', 'FXT', 'Zolotonoshskaya-11', 'Juso 14', 'Juso 31', 'Beniko', 'Fasamo'), Türkei (GB14, GB15, GB26) und Ungarn ('Kompolti', 'Uniko-B'). Für die Gruppe der italienischen Sorten lagen nur Daten aus dem Versuchsjahr 2001 vor. Die Merkmale Pflanzenlänge, Frischgewicht sowie Stängeldurchmesser wurden in 2001 nicht erhoben. Im Folgenden wurden für die phänotypischen Daten simultane zweiseitige Tukey-Konfidenzintervalle (95%ige Wahrscheinlichkeit) für mehrere Zielgrößen berechnet, um eine Unterscheidung von den definierten Gruppen des Dice-Dendrogrammes zu ermöglichen. In

**Tabelle 33** sind die adjustierten p-Werte sowie Tukey-Konfidenzintervalle und die Mittelwertdifferenzen der Merkmale Blühbeginn, Öl- und Fasergehalt, THC- und CBD-Gehalt, Pflanzenlänge, Frischgewicht sowie Stängeldurchmesser angegeben. In der **Abbildung 31** sind Boxplots der oben definierten Gruppen für die acht Merkmale dargestellt.

**Tabelle 33:** Zweiseitige 95%ige Tukey-Konfidenzintervalle sowie adjustierte p-Werte und Mittelwertdifferenzen der Merkmale Blühbeginn, Öl- und Fasergehalt, THC- und CBD-Gehalt, Pflanzenlänge, Frischgewicht sowie Stängeldurchmesser (SDM) (Versuchsjahre 2000 und 2001) der definierten Gruppen aus **Abbildung 30**

Merkmal	Gruppen	unteres CI	oberes CI	p,adj	Mittelwertdifferenzen
Blühbeginn (in x Tagen nach Aussaat)	Korea-Italien	-38,34	14,51	0,67	13,16
	monoezisch-Italien	-57,09	-20,83	0,00	37,28
	Türkei-Italien	-38,80	8,47	0,34	15,00
	Ungarn-Italien	-39,34	13,51	0,60	12,66
	monoezisch-Korea	-48,68	-5,40	0,01	24,11
	Türkei-Korea	-29,67	23,17	1,00	1,83
	Ungarn-Korea	-29,95	27,95	1,00	0,50
	Türkei-monoezisch	5,67	41,92	0,01	22,28
	Ungarn-monoezisch	4,40	47,68	0,01	24,60
	Ungarn-Türkei	-24,17	28,67	1,00	2,33
Ölgehalt (in % der TM)	Korea-Italien	-2,23	4,83	0,75	1,26
	monoezisch-Italien	-2,33	4,91	0,84	1,29
	Türkei-Italien	-2,57	6,99	0,58	2,21
	Ungarn-Italien	-3,13	4,89	0,90	0,88
	monoezisch-Korea	-5,34	3,60	0,94	0,04
	Türkei-Korea	-4,49	6,40	0,96	0,96
	Ungarn-Korea	-6,34	5,59	1,00	0,37
	Türkei-monoezisch	-1,93	5,58	0,53	0,91
	Ungarn-monoezisch	-3,98	4,97	0,99	0,41
	Ungarn-Türkei	-6,78	4,11	0,90	1,3
Fasergehalt (in % der TM)	Korea-Italien	-25,84	4,13	0,23	10,85
	monoezisch-Italien	-9,10	11,46	1,00	4,72
	Türkei-Italien	-24,00	5,97	0,40	9,01
	Ungarn-Italien	-3,98	25,99	0,22	11,00
	monoezisch-Korea	-0,24	24,31	0,06	15,57
	Türkei-Korea	-14,58	18,26	1,00	1,84
	Ungarn-Korea	5,44	38,27	0,01	21,86
	Türkei-monoezisch	-22,47	2,08	0,13	13,73
	Ungarn-monoezisch	-2,45	22,09	0,16	6,27
	Ungarn-Türkei	3,60	36,43	0,01	20,02
THC-Gehalt (in % der TM)	Korea-Italien	-0,47	3,36	0,20	1,44
	monoezisch-Italien	-0,94	1,69	0,91	0,19
	Türkei-Italien	-1,53	1,89	1,00	0,18
	Ungarn-Italien	-1,64	2,19	0,99	0,27
	monoezisch-Korea	-2,63	0,50	0,29	1,25
	Türkei-Korea	-3,17	0,65	0,32	1,26
	Ungarn-Korea	-3,27	0,93	0,47	1,17
	Türkei-monoezisch	-1,51	1,12	0,99	0,01
	Ungarn-monoezisch	-1,67	1,46	1,00	0,08
	Ungarn-Türkei	-1,82	2,00	1,00	0,09

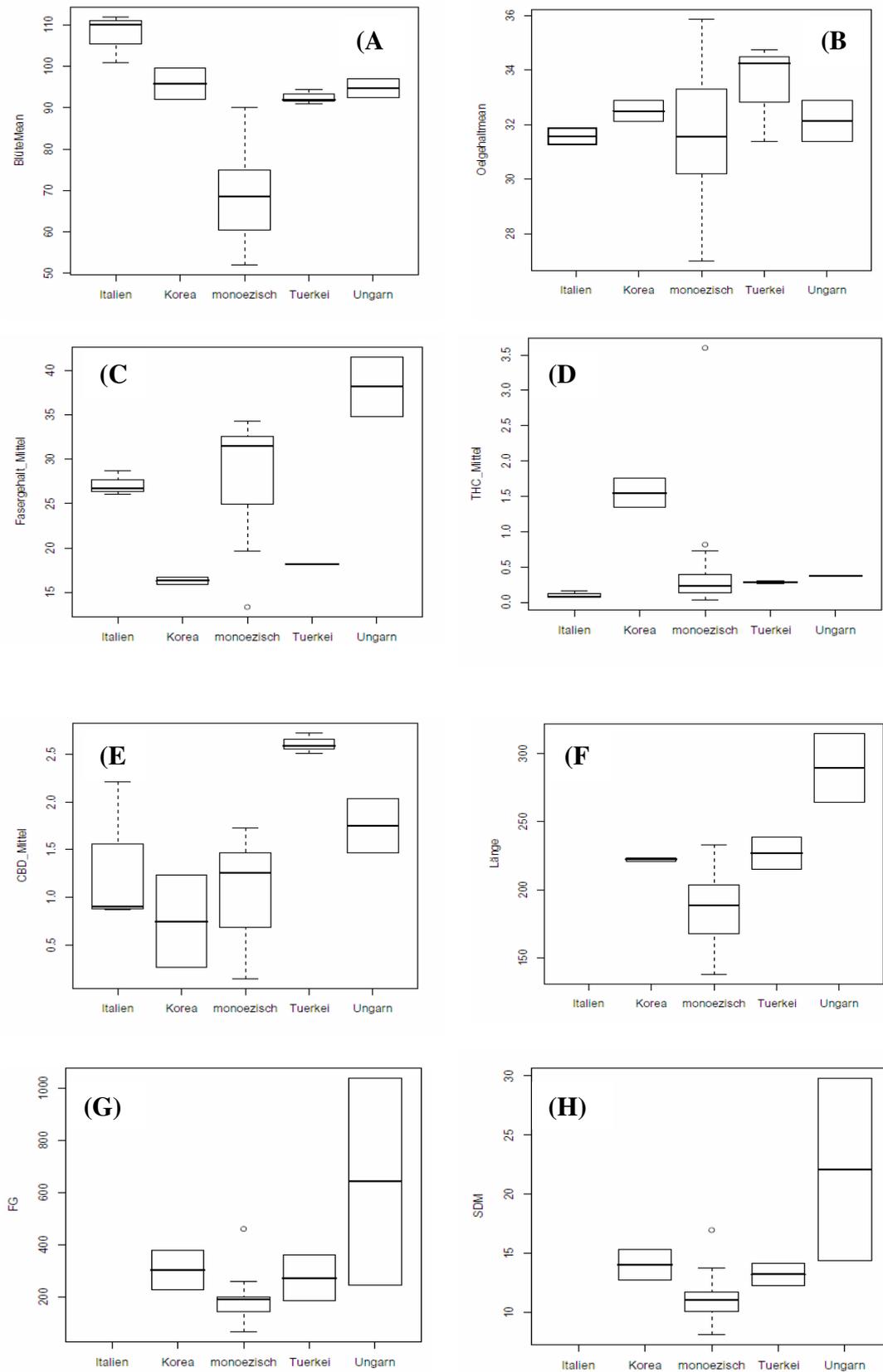
**Fortsetzung Tabelle 33:** Zweiseitige 95%ige Tukey-Konfidenzintervalle sowie adjustierte p-Werte und Mittelwertdifferenzen der Merkmale Blühbeginn, Öl- und Fasergehalt, THC- und CBD-Gehalt, Pflanzenlänge, Frischgewicht sowie Stängeldurchmesser (SDM) (Versuchsjahre 2000 und 2001) der definierten Gruppen aus **Abbildung 30**

Merkmals	Gruppen	unteres CI	oberes CI	p,adj	Mittelwertdifferenzen
CBD-Gehalt (in % der TM)	Korea-Italien	-1,95	0,80	0,72	0,58
	monoezisch-Italien	-1,18	0,71	0,94	0,27
	Türkei-Italien	0,05	2,51	0,04	1,28
	Ungarn-Italien	-0,95	1,80	0,89	0,42
	monoezisch-Korea	-0,78	1,47	0,89	0,31
	Türkei-Korea	0,48	3,23	0,00	1,86
	Ungarn-Korea	-0,51	2,50	0,31	1,00
	Türkei-monoezisch	0,57	2,46	0,00	1,55
	Ungarn-monoezisch	-0,47	1,78	0,43	0,69
	Ungarn-Türkei	-2,23	0,51	0,36	0,86
Länge (cm)	monoezisch-Korea	-92,50	14,53	0,20	37,80
	Türkei-Korea	-66,91	76,27	1,00	4,68
	Ungarn-Korea	-4,35	138,83	0,07	67,24
	Türkei-monoezisch	-9,86	97,17	0,13	42,48
	Ungarn-monoezisch	52,70	159,73	0,00	105,04
Frischgewicht (g)	Ungarn-Türkei	-9,03	134,15	0,10	62,56
	monoezisch-Korea	-445,02	206,99	0,73	123,77
	Türkei-Korea	-466,58	405,63	1,00	30,48
	Ungarn-Korea	-97,26	774,94	0,16	338,84
	Türkei-monoezisch	-237,47	414,55	0,87	93,30
SDM (mm)	Ungarn-monoezisch	131,85	783,86	0,00	462,61
	Ungarn-Türkei	-66,79	805,42	0,11	369,31
	monoezisch-Korea	-9,68	3,72	0,60	3,31
	Türkei-Korea	-9,79	8,13	0,99	0,83
	Ungarn-Korea	-0,89	17,03	0,09	8,07
	Türkei-monoezisch	-4,54	8,85	0,80	2,49
	Ungarn-monoezisch	4,36	17,75	0,00	11,38
	Ungarn-Türkei	-0,06	17,86	0,05	8,90

Die Gruppe mit den monözischen Herkünften fällt beim Merkmal Blühbeginn durch ihren im Vergleich zu den anderen vier Gruppen früheren Blühbeginn auf und unterscheidet sich von diesen signifikant (**Tabelle 33, Abbildung 31 (A)**). Die Mittelwertdifferenzen der monözischen Gruppe zu den anderen Gruppen liegen zwischen 22,28 (Türkei) und 37,28 (Italien) Tagen nach der Aussaat. Der Ölgehalt ist ein Merkmal, bei dem keine signifikanten Unterschiede zwischen den untersuchten Gruppen aufzufinden sind. Die monözische Gruppe ist bei diesem Merkmal durch eine große Streuung gekennzeichnet (**Tabelle 33, Abbildung 31 (B)**). Beim Fasergehalt dominiert die Gruppe mit den beiden ungarischen Sorten ‘Kompolti’ und ‘Uniko-B’ (**Tabelle 33, Abbildung 31 (C)**). Signifikante Unterschiede liegen im Vergleich mit den Gruppen der koreanischen und türkischen Herkünfte mit Mittelwertdifferenzen von über 20% Fasergehalt in der Trockenmasse vor. Höchste THC-Gehalte liefert die Gruppe mit den Herkünften aus Korea (**Tabelle 33, Abbildung 31 (D)**),

wobei aber keine signifikanten Unterschiede zu den anderen Gruppen feststellbar sind. Die hohen CBD-Gehalte der Gruppe mit den türkischen Herkünften sind im Vergleich zu den CBD-Gehalten der Gruppen der monözischen, italienischen sowie koreanischen Herkünften signifikant unterschiedlich (**Tabelle 33, Abbildung 31 (E)**). Bei den Merkmalen Länge, Frischgewicht und Stängeldurchmesser zeigt die Gruppe der ungarischen Sorten höchste Werte (**Tabelle 33, Abbildung 31 (F-H)**). Es bestehen Signifikanzen zu der Gruppe der monözischen Herkünfte und zusätzlich im Stängeldurchmesser zu der Gruppe mit den türkischen Herkünften.

Für die Fettsäuregehalte konnten sowohl im Öl als auch im Samen keine Unterschiede zwischen den Gruppen aufgezeigt werden. Für die Tocopherolgehalte im Öl und im Samen unterscheiden sich lediglich die ungarischen Herkünfte von den monözischen Herkünften in ihren  $\beta$ - und  $\delta$ -Tocopherolgehalten (Daten sind nicht dargestellt).



**Abbildung 31:** Boxplots der definierten Gruppen aus dem Dice-Dendrogramm (**Abbildung 30**) für die Merkmale Blühbeginn (in x Tagen nach Aussaat) (**A**), Öl- (**B**) und Fasergehalt (**C**) (% der TM), THC- (**D**) und CBD-Gehalt (**E**) (% der TM), Pflanzenlänge (cm) (**F**), Frischgewicht (g) (**G**) sowie Stängeldurchmesser (mm) (**H**)

## 5. Diskussion

### 5.1 Blühbeginn, morphologische Merkmale und Fasergehalt

*(Blühbeginn)* Der ursprünglich in Zentralasien beheimatete Hanf hat sich über die gesamte Erde mit Ausnahme der Wüsten, des tropischen Regenwaldes und der Polarregionen ausgebreitet (SCHUMANN und WEBER 1997). Durch natürliche Selektion sind verschiedene Hanfformen entstanden, die an den neuen Anbauorten hinsichtlich Blüh- und Reifezeit angepasst sind. Die untersuchte Hanfkollektion zeigte hinsichtlich Blühbeginns eine große Variation, so dass eine Selektion auf dieses Merkmal möglich ist. Mit Beginn der Blüte wechselt die Blattstellung von gegen- zu wechselständig und die Hanfpflanze stellt im Wesentlichen das Längenwachstum ein, so dass frühblühende Formen kurze Pflanzenlängen aufweisen und spätreife Typen höhere Pflanzenlängen haben. Je später eine Hanfpflanze blüht, desto höher ist die Nodienzahl, an der der Blattstellungswechsel erfolgt. Dies bestätigt auch die positive Korrelation zwischen Blühbeginn und Pflanzenlänge sowie zwischen Blühbeginn und Blattstellungswechsel (**Tabelle 11**). HENNINK (1994) verzeichnete in seinen Untersuchungen eine deutliche Beeinflussung der Pflanzenlängen verschiedener Hanfformen durch den Zeitpunkt ihres Blühbeginns. Im Gegensatz dazu beobachteten SCHUMANN et al. (1999) maximale mittlere Pflanzenlängen unterschiedlicher Hanfakzessionen bei einem Blühbeginn von 70 Tagen nach der Aussaat. Für alle Hanfherkünfte, die früher oder später blühten, wurden geringere mittlere Pflanzenlängen beobachtet.

Der Blühbeginn wurde auch in einigen Kreuzungspopulationen bonitiert. In der F<sub>1</sub>-Nachkommenschaft aus der Kreuzung der Genbankabstammung GB16 mit der ungarischen Faserhanfsorte 'Kompolti' konnte festgestellt werden, dass der Blühbeginn der Nachkommen im Bereich des Elters GB16 lag, unabhängig davon, ob GB16 als väterlicher oder mütterlicher Elter zum Einsatz kam. BEUTLER und DER MANDEROSIAN (1978) erstellten kontrollierte Kreuzungen zwischen einer spät blühenden mexikanischen Hanfform und einer früh blühenden Hanfform aus Sibirien. Der Blühbeginn der Kreuzungsnachkommen lag hier intermediär zwischen dem der Eltern. Die Ergebnisse der vorliegenden Arbeit bestätigten dieses Ergebnis nicht. Die ermittelten Spaltungen weisen auf einen dominanten Erbgang hin, wobei ein früher Blühbeginn dominant vererbt wird.

*(Morphologische Merkmale)* Bei den morphologischen Merkmalen Pflanzenlänge, Stängeldurchmesser, Frischgewicht und Blattstellungswechsel konnten innerhalb der Hanfgenotypen starke Schwankungen festgestellt werden (siehe Standardabweichungen in **Tabelle 10**). Mehrere Ursachen können dafür verantwortlich sein. Das Saatgut einiger

Hanfgenotypen, insbesondere das der Genbankherkünfte, hatte eine schlechte Keimfähigkeit, so dass nach der Aussaat nicht in jedem Fall ein optimaler, einheitlicher Pflanzenbestand erreicht werden konnte. Auffällig war auch, dass einige Hanfsorten trotz einheitlicher Bestandesdichte verstärkt zu Bildung von Unterhanf (Selbstaussdünnung) neigten, d. h., dass schwächere Pflanzen in Folge der Konkurrenz der größeren Pflanzen in ihrer Entwicklung gehemmt werden. In diesem Zusammenhang wird auch die Wirkung von Stickstoffgaben auf die Hanfbestände in der Literatur kontrovers diskutiert. Nach RANALLI (2004) verursachen zusätzliche Stickstoffgaben Unterschiede in der Pflanzendichte und fördern so diese Selbstaussdünnung. Bei den hier durchgeführten Versuchen wurde deshalb gezielt auf eine N-Düngung verzichtet, um diese Beeinflussung zu verhindern. Durch den Versuchsaufbau bedingt ist auch der Randeffect als Einflussgröße zu nennen. Der Abstand von Parzelle zu Parzelle betrug 0,5 m, so dass den Randpflanzen mehr Raum für ihre individuelle Entwicklung zur Verfügung stand. Deshalb wurden diese Randpflanzen bei der Auswertung der Versuche nicht berücksichtigt. Bei der Reihenaussaat der Kreuzungspopulationen traten solche Randeffecte nicht so stark in Erscheinung. Die gefundenen signifikant positiven Korrelationen zwischen den morphologischen Merkmalen, wie sie in **Tabelle 11** dargestellt sind, bestätigen frühere Untersuchungen (HOFFMANN 1961). Bei den F<sub>1</sub>-Nachkommenchaften konnte festgestellt werden, dass die Kreuzungen mit 'Kompolti' als Kreuzungspartner ein größeres Längenwachstum aufwiesen. Auffällig waren auch die unübertroffenen Pflanzenlängen der ungarischen Kreuzungspopulationen. Eine mögliche Erklärung dafür könnte sein, dass aus der Wechselwirkung Photoperiode und Reifezeit an einem bestimmten Standort ein unterschiedliches Längenwachstum der Hanftypen in verschiedenen geographischen Breiten resultiert. Nach HOFFMANN (1961) reagierten Hanfformen aus nördlichen oder mittleren Breiten beim Anbau im Süden mit geringeren Pflanzenlängen. Beim Anbau südlicher Hanfformen in nördlicheren Breiten kommt es zu Veränderungen hinsichtlich Pflanzenlänge. Die Pflanzen können hier größere Pflanzenlängen erreichen als in ihrem Heimatland. Man erklärt dieses Phänomen durch die Anpassung an die photoperiodischen Bedingungen durch unterschiedliche Assimilationsfähigkeiten dieser Formen.

Nicht nur die Pflanzenlänge wird durch einen unterschiedlichen Pflanzenbestand beeinflusst, auch die Stängeldicke kann dadurch stark modifiziert werden. Bei hochgewachsenen Pflanzen ist der Stängeldurchmesser größer als bei kleineren Pflanzen, was durch die beobachtete signifikant positive Korrelation zwischen Pflanzenlänge und Stängeldurchmesser bestätigt werden konnte. Männliche Pflanzen hatten mit 11,78 mm einen signifikant ( $p = 0,001$ ) geringeren mittleren Stängeldurchmesser als die weiblichen Pflanzen mit 13,08 mm. Dies

konnten auch schon HOFFMANN (1961) und SCHUMANN et al. (1999) beobachten. Die Stängeldurchmesser der monözischen Pflanzen lagen im Bereich der männlichen Pflanzen. Nach MEDIAVILLA et al. (1999) verfügen die Stängel spät reifender Hanfformen über größere Stängeldurchmesser. Dies konnte durch die beobachtete positive Korrelation zwischen Blühbeginn und Stängeldurchmesser bestätigt werden (**Tabelle 11**).

(*Fasergehalt*) Zur Bestimmung des Fasergehaltes kam im Rahmen dieser Arbeit die mechanische Faserisolierung mit Hilfe eines Labor-Flachsbrechers zur Anwendung. DE MEIJER und VAN DER WERF (1994), MEDIAVILLA et al. (1999), SANKARI (2000) sowie KELLER et al. (2001) wählten zur Bestimmung des Fasergehaltes ebenfalls diese Methode. Die Anzahl der Durchläufe durch den Flachsbrecher variierte allerdings. KELLER et al. (2001) ließen die Hanfstängel fünfmal die rotierenden Walzen passieren. In dieser Arbeit wurde nach 7 Passagen durch den Flachsbrecher eine faserangereicherte Fraktion erhalten, in der durchaus noch einige wenige Schäben (Holzteile des Stängels) enthalten sein konnten. Außerdem konnte während des Isolierungsprozesses ein Verlust durch Abrieb festgestellt werden, so dass es bei wiederholter Passage zu Qualitätseinbußen kommt. Einzelne an diesen Schäben anhaftende Bastfaserbündel gingen ebenfalls verloren.

Genauere Ergebnisse liefert die chemische Isolierung der Fasern nach der Methode von BILCESCU (1965), da dabei die Bastfasern vollständig vom Holzkern gelöst werden. Diese Methode erfordert aber einen erheblichen höheren Zeitaufwand und verursacht auf Grund der benötigten Chemikalien auch höhere laufende Kosten. Bei beiden Methoden werden alle vorhandenen Fasertypen (Lang- und Kurzfasern) isoliert.

Im Gegensatz zu den Ergebnissen von HORKAY und BÓCSA (1997) konnten in den eigenen Versuchen keine Unterschiede in den Fasergehalten zwischen den diözischen und monözischen Hanfsorten beobachtet werden. Lediglich die männlichen und weiblichen Pflanzen der Genbankakzessionen unterschieden sich voneinander; die männlichen Pflanzen hatten einen höheren Fasergehalt als die weiblichen Pflanzen, was auch von HOFFMANN (1961) sowie BÓCSA und KARUS (1997) beobachtet wurde.

Das Merkmal Fasergehalt ist stark genetisch determiniert, was sich in einer hohen Heritabilität von 0,91 widerspiegelt. Dies bestätigt auch HENNINK (1994), der bei seinen Untersuchungen eine Heritabilität von 0,89 für den Fasergehalt von Hanf ermittelte. Der Fasergehalt scheint auch für andere Faserpflanzen ein hoch heritables Merkmal zu sein, denn auch VROMANS (2006) kam in seinen Untersuchungen von *Linum usitatissimum* L. zu der gleichen Aussage. SITNIK (1995) konnte keine signifikanten Unterschiede in den Fasergehalten der monözischen Sorte 'Uso-14' während eines 5jährigen Anbauversuches

feststellen. VAN DER WERF et al. (1995b) und CROMACK (1998a) folgerten, dass genetische Faktoren den Bastfasergehalt der Stängel stärker beeinflussen als die Bestandesdichte. Diese Beobachtung wird durch die großen Züchtungserfolge von BREDEMANN et al. (1961) unterstützt. Sie wählten bei der Selektion auf hohe Fasergehalte große Pflanzenabstände ( $10 \times 50$  cm). Um in der Praxis optimale Fasererträge zu erzielen, sollte nach RANALLI (2004) eine Pflanzenbestandsdichte gewählt werden, bei der eine Selbstausdünnung gerade noch nicht auftritt. Das Verhältnis des Stängels an der lebenden Biomasse wird neben dem Pflanzenbestand auch durch den Anteil männlicher Pflanzen und dem Blühzeitpunkt beeinflusst. Je später eine Sorte blüht, desto geringer ist der Anteil des Blütenstandes und desto höher ist die Fraktion der Blätter und des Stängels. Durch den Anbau von spät reifenden Hanfsorten, die spät oder aber auch gar nicht in die generative Phase kommen, erhöht sich der Anteil an Stängel und Blattmasse, was zu erhöhten Erträgen führt (VAN DER WERF et al. (1994a), MEDIAVILLA et al. (1999), STRUIK et al. (2000), RANALLI (2004)). Dies würde unter mitteleuropäischen Klimabedingungen alle Genotypen ab Blüteklasse 9 (**Tabelle 8**) betreffen, die gleichzeitig aber auch bei entsprechend niedrigen THC-Gehalten hohe Fasererträge liefern sollten. Hier sind die untersuchten italienischen und französischen Sorten zu nennen. Die aus Ungarn stammenden Hanfsorten sind im Gegensatz dazu durch zu hohe THC-Gehalte gekennzeichnet. Erfolgversprechende Hanfgenotypen, die für eine weitere Züchtung in Richtung Erhöhung des Fasergehaltes in Frage kommen, sind die Genbankherkünfte GB15, GB21, GB26 und GB34.

Je später ein Hanftyp reift, desto mehr Nodien werden vor der Blüte im Laufe des vegetativen Wachstums angelegt. Dies bedeutet, dass die Anzahl an Nodien höher ist, an denen der Wechsel von gegen- zu wechselständig erfolgt. So konnte eine schwach positive Korrelation zwischen Blattstellungswechsel und Fasergehalt ( $r = 0,13^{**}$ ) ermittelt werden. Diese Korrelation ist ein Indiz für einen höheren Fasergehalt spät reifender Sorten. Es konnten keine signifikanten Beziehungen zwischen dem Fasergehalt und der Pflanzenlänge sowie der Frischmasse und dem Stängeldurchmesser festgestellt werden (**Kapitel 4.3**). Dies ist erstaunlich, denn nach Aussage mehrerer Autoren beeinflusst sowohl die Pflanzenlänge als auch der Stängeldurchmesser den Fasergehalt im Stängel. SANKARI (2000) beispielsweise fand eine negative Korrelation zwischen Stängeldurchmesser und Fasergehalt, wobei diese nur bei diözischen Sorten stärker ausgeprägt sein soll. HEUSER (1924) ermittelte eine enge Beziehung zwischen Fasergehalt und Längendurchmesserquotient, die aber von BREDEMANN (1942, 1952) nicht bestätigt werden konnte.

In beiden Versuchsjahren hatte die ungarische Faserhanfsorte 'Kompolti' die höchsten Fasergehalte von über 40% und wurde aus diesem Grunde als faserreicher Kreuzungselter

verwendet. Die Fasergehalte der untersuchten F<sub>1</sub>- (00/09, 00/10, 00/18, 00/19, 00/32, 00/34, 00/35, 00/36) und F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften (00/43, 00/48, 00/49, 00/50, 00/75, 00/76) lagen zwischen den Fasergehalten der beiden jeweils verwendeten Eltern. Die Pflanzen der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften, besonders der Kreuzungsnachkommenschaft 00/78, variierten stark im Fasergehalt, so dass eine Selektion in Richtung hoher Fasergehalt durchaus realistisch erscheint. Unter anderem wiesen die Kreuzungen mit 'Kompolti' als Kreuzungselter signifikant höhere Fasergehalte auf als die Kreuzungen ohne 'Kompolti' als Kreuzungselter. Durch eine gezielte Selektion faserreicher Pflanzen gelang es in der Vergangenheit verschiedenen Hanfzüchtern, die Fasergehalte zu steigern; in jeder weiteren Nachkommenschaft entstanden Transgressionen mit immer höheren Fasergehalten (HOFFMANN 1961). Es gelang HOFFMANN, nach 4-5 Jahren positiver Auslese den Fasergehalt zu verfünffachen. Die Wirkung faserarmer Kreuzungspartner auf die Fasergehalte nachfolgender Generationen lässt sich nach BREDEMANN (1952) durch Auslese in wenigen Generationen beseitigen. Diese Fakten sprechen für einen dominanten Erbgang. Dies wird auch von VROMANS (2006) für die Vererbung des Fasergehaltes bei Flachs angenommen. Die Anzahl der am Fasergehalt beteiligten Gene ist auch beim Flachs noch unbekannt. TOONEN et al. (2004) verfolgen einen genomweiten Microarray-Ansatz an Hanfpflanzen mit dem Ziel, möglichst alle an der Faserentwicklung beteiligten Gene zu identifizieren sowie ihre Aufgaben und ihre Beziehungen zueinander zu verstehen. Besondere Beachtung fanden hierbei Gene, die für die Zellwandbiosynthese und die Zellwandveränderung verantwortlich sind. Viele der an diesen Prozessen beteiligten Gene sind entwicklungs- und somit stadienspezifisch und somit schwer greifbar. Bei einem erfolgreichen Ansatz wäre es zukünftig möglich, in die Faserentwicklung gezielt einzugreifen und unerwünschte Eigenschaften zu eliminieren. Dies würde bei den Faserpflanzen Hanf und Flachs zukünftig zu einer neuen Chance auf dem Fasermarkt führen, denn zur Zeit können deren Fasern nicht mit Baumwolle und den synthetischen Fasern konkurrieren. Auf lange Sicht gesehen wird der intensive Baumwollanbau Probleme bereiten, denn dieser Anbau beschränkt sich auf das subtropische Gebiet und ist zudem gekoppelt an einen hohen Wasserverbrauch und hohe Gaben an Agrochemikalien. Hanf und Flachs gedeihen auch in den gemäßigten Klimazonen und ihr Bedarf an Pflanzenschutzmitteln und Dünger ist wesentlich niedriger.

Auch die Faserqualität (Merkmale wie Feinheit, Dehnbarkeit und Reißfestigkeit) ist von großer Bedeutung und sollte im Rahmen dieser Arbeit untersucht werden. In durchgeführten Voruntersuchungen wurden aber erhebliche Abweichungen in der Faserqualität beim Vergleich von Einzelpflanzen innerhalb der verschiedenen Hanfgenotypen (Ergebnisse wurden nicht dargestellt) festgestellt. Bei den genannten Merkmalen ist es auf Grund ihrer

hohen Variabilität schwierig, die Qualitätsparameter mit den entsprechenden Methoden zu bestimmen und reproduzierbare Ergebnisse zu erzielen. Dies wurde auch schon von anderen Autoren berichtet. Auf Grund dessen wurden keine weiteren Untersuchungen zur Faserqualität durchgeführt. Die von der Industrie geforderte Einheitlichkeit, die bei den synthetischen Fasern möglich ist, ist bei natürlichen Fasern nicht zu erreichen.

## 5.2 Hanföl

(*Ölgehalt*) Zu den Grundnährstoffen zählen Fette und Öle, die mit der Nahrung aufgenommen werden. Sie dienen u. a. als Energielieferant und als Träger für fettlösliche Vitamine, z. B. für das Vitamin E. In Mitteleuropa angebaute Pflanzen für die Ölgewinnung sind Raps und Sonnenblume. Für Raps- und Sonnenblumensamen werden mittlere Ölgehalte von 40-50% beobachtet, die beim Hanf nicht erreicht werden. Die in dieser Arbeit festgestellten mittleren Ölgehalte der Hanffrüchte der untersuchten Hanfformen schwankten im Mittel über beide Versuchsjahre zwischen 27-36% (**Tabelle 15**), was auch von anderen Autoren bestätigt wurde (HOFFMANN et al. 1985, DEFERNE und PATE 1996, KUHN et al. 1997, KLEIN 1999c, MÖLLEKEN 1999).

Mittels Varianzanalyse konnten für den Ölgehalt hohe signifikante Jahreseffekte als auch Wechselwirkungen zwischen Genotyp und Jahr beobachtet werden. Zu den gleichen Ergebnissen kam auch WEIBLEDER (1996) bei einem zweijährigen Versuch mit Winterraps. Signifikante Jahreseinflüsse auf den Ölgehalt von *Lunaria annua* (einjähriges Silberblatt), *Oenothera* spp. (Nachtkerze) sowie *Dimorphotheca pluvialis* (Kapkörbchen) konnten von CROMACK (1998b), FIELDSEND und MORISON (2000) und HOF et al. (1999a) festgestellt werden. Bei *Oenothera* spp. bestand sowohl eine positive Korrelation zwischen dem Ölgehalt bei Samenreife und der mittleren Tagestemperatur ( $r = 0,59$ ) als auch der mittleren täglichen Sonneneinstrahlung während der Samenentwicklung ( $r = 0,71$ ) (FIELDSEND und MORISON 2000).

Die in diesen Versuchen ermittelte Heritabilität des Ölgehaltes von Hanf liegt bei 0,53. Andere Autoren berichteten von ähnlichen Ergebnissen bei verschiedenen anderen ölreichen Kulturpflanzen. Die Heritabilitäten für den Ölgehalt von drei Populationen von *Dimorphotheca pluvialis* lagen zwischen 0,15 und 0,58 (HOF et al. 1999a). Bei der Untersuchung von drei doppelhaploiden Canola-Populationen wurden Heritabilitäten für den Ölgehalt zwischen 0,56-0,90 ermittelt (MARWEDE et al. 2004), wobei die große Streuung der Heritabilitäten in diesen beiden Versuchen auf die unterschiedlichen genetischen Populationsstrukturen zurückzuführen ist (HOF et al. 1999a, MARWEDE et al. 2004). MIRANDA et al. (1998) berichteten von Heritabilitäten zwischen 0,15 und 0,43 beim Ölgehalt der

Sojabohne. Die beim Hanf gefundene positive Korrelation zwischen Blühbeginn und Ölgehalt ( $r = 0,32^*$ ) deutet darauf hin, dass der Ölgehalt in den Hanffrüchten um so höher ist, je später die Blüte erfolgt. Ein Grund könnte darin bestehen, dass die Samenentwicklung in einen Zeitraum mit höheren Temperaturen fällt. In verschiedenen Literaturquellen wurde oft über niedrigere Ölgehalte berichtet, wenn eine frühere Blüte als in Vergleichsjahren beobachtet wurde (HOF et al. 1999a).

Die Züchtung sowohl von monözischen als auch diözischen Körnerhanfsorten mit hohen Ölgehalten erscheint möglich, da die Merkmale Ölgehalt und Geschlechtsform (Monözie/Diözie) sich anscheinend nicht gegenseitig beeinflussen. Die Ölgehalte monözischer Hanfsorten unterscheiden sich nicht signifikant von denen der diözischen Hanfsorten (**Abbildung 17**).

Im Rahmen dieser Arbeit wurden Hanfformen mit unterschiedlich hohen Ölgehalten miteinander gekreuzt. Die Ölgehalte der  $F_1$ -Nachkommenschaft 00/36 ('Skunk 1' × 'Kompolti') schwankten zwischen 35,5 und 38,5% und lagen im Mittel bei 37%. Damit erreichten sie das Niveau des mütterlichen Elters 'Skunk 1' (37,67%), der väterliche Elter 'Kompolti' lieferte lediglich einen Ölgehalt von 32,83%. Für die  $F_2$ -Populationen aus dieser Kreuzung (00/75, 00/78) konnten mit 35,05 und 34,16% die höchsten mittleren Ölgehalte festgestellt werden, die deutlich höher waren als beim väterlichen Kreuzungselter 'Kompolti'. Die mittleren Ölgehalte der Kreuzung 00/75 unterschieden sich nicht signifikant von dem des mütterlichen Elters 'Skunk 1'. Die Kreuzung 00/78 ist durch eine größere Standardabweichung gekennzeichnet. Die mittleren Ölgehalte der  $F_2$ -Nachkommenschaften 00/43, 00/49 und 00/50 lagen zwischen den Ölgehalten der Eltern 'Kompolti' (32,83%) und GB16 (29,13%). Nur die Nachkommenschaft der Kreuzung 00/48 (32,28%) hatten ähnlich hohe Ölgehalte wie 'Kompolti'. Diese Ergebnisse unterstützen die Schlussfolgerung, dass eine Selektion auf einen höheren Ölgehalt in den Nachkommenschaften erfolgreich sein kann. WEIBLEDER (1996) postulierte für die von ECKE et al. (1995) verwendete Rapspopulation einen additiven Erbgang für den Ölgehalt, wobei die Schätzung der beteiligten Gene anhand der Mittelwerte und Varianzen auf die Spaltung in nur einem Locus hindeutete. Die Vererbung des Ölgehaltes von Sojabohnen wird ebenfalls durch einen additiven Erbgang beschrieben (MIRANDA et al. 1998). HOF et al. (1999b) vermuteten einen hohen Anteil additiver genetischer Varianz an der phänotypischen Varianz, so dass sich eine gezielte Selektion auf hohen Ölgehalt als effektiv erweisen kann.

(*Tocopherole & Fettsäuren*) Durch klassische Pflanzenzüchtung und biotechnische Verfahren in der Pflanzenzüchtung ist es bereits gelungen, Pflanzen mit definierten Eigenschaften hinsichtlich Ölquantität und –qualität zu entwickeln. Zunehmende Bedeutung erlangten auch die so genannten Fettbegleitstoffe, wie z. B. das Tocopherol oder Vitamin E. Tocopherol gehört zu der Gruppe von fettlöslichen Vitaminen, die antioxidativ wirken. Das dominierende Tocopherol in Hanfsamen und Hanföl ist das  $\gamma$ -Tocopherol, gefolgt von  $\alpha$ -Tocopherol,  $\delta$ -Tocopherol und  $\beta$ -Tocopherol. Das Verhältnis der einzelnen Tocopherolfractionen  $\alpha$ : $\beta$ : $\gamma$ : $\delta$  im Öl betrug 7:1:87:5. OOMAH et al. (2002) beschrieben ein ähnliches Verhältnis von 5:2:90:3.

Die beobachteten Heritabilitäten für die antioxidativen Fraktionen waren relativ niedrig und lagen im Mittel bei 0,14. Insbesondere für  $\alpha$ -Tocopherol,  $\delta$ -Tocopherol und P-8 wurden Heritabilitäten von 0 festgestellt, während für  $\beta$ - und  $\gamma$ -Tocopherol die Heritabilitäten bei 0,19 und 0,37 lagen (**Tabelle 20**). Im Vergleich zu anderen untersuchten Merkmalen, wie z. B. dem Ölgehalt mit einer Heritabilität von 0,53, ist das relativ niedrig. Der Ölgehalt von Hanffrüchten kann somit stärker durch züchterische Maßnahmen beeinflusst werden als der Anteil der einzelnen Antioxidantien. Schon in früheren Untersuchungen konnte auch gezeigt werden, dass Genotyp  $\times$  Umwelt Interaktionen die Variation von Tocopherolgehalt und –zusammensetzung entscheidend beeinflussen. Hier ist insbesondere der Einfluss der Temperatur zu nennen (MARQUARD 1976, 1990, DOLDE et al. 1999). Bei der Untersuchung von drei DH-Populationen von Canola konnten MARWEDE et al. (2004) zeigen, dass es für die Tocopherole signifikante genotypische Unterschiede gibt, wobei auch hier die Genotyp  $\times$  Umwelt Interaktionen die Hauptquelle für diese Variation sind. Die einzelnen Tocopherolfractionen wiesen in dieser Untersuchung Heritabilitäten zwischen 0,23 ( $\alpha$ -Tocopherol) und 0,50 ( $\gamma$ -Tocopherol) auf, die des Ölgehaltes lag zwischen 0,56 und 0,90.

Die Vollgeschwister in den Kreuzungsexperimenten unterschieden sich in einigen Fraktionen zum Teil signifikant voneinander. Da die Ausgangseltern keine homozygoten Linien waren, ist mit einer gewissen Variation zu rechnen. Erschwerend kommt noch die erwähnte niedrige Heritabilität der Tocopherole hinzu. GOFFMANN und BECKER (2001) gehen davon aus, dass sowohl die Vererbung des Gesamttocopherolgehaltes als auch die der Tocopherolzusammensetzung bei Rapsöl durch das Zusammenwirken weniger additiver Kerngene gesteuert wird.

In beiden Versuchsjahren wurde eine signifikant positive Korrelation zwischen Ölgehalt und  $\gamma$ -Tocopherol bei 51 untersuchten Hanfgenotypen festgestellt (**Tabelle 21**). Ähnliches wurde auch von GOFFMANN und GALLETI (2001) bei der Schwarzen Johannisbeere und bei GOFFMANN und BECKER (2002) bei Raps beschrieben. Allerdings konnte bei Hanf dieser Zusammenhang in keiner der sechs untersuchten F<sub>2</sub>-Kreuzungsnachkommenschaften wieder

gefunden werden. In beiden Versuchsjahren korrelierte der Ölgehalt signifikant positiv mit P-8.

Bei der Untersuchung von 47 *Ribes*-Arten fanden GOFFMANN und GALLETI (2001) eine signifikant negative Korrelation des Ölgehaltes mit dem Gesamttocopherolgehalt ( $r = -0,42^{**}$ ). Diese Tatsache lässt sich durch eine Verdünnung oder Konzentration der einzelnen Tocopherolfractionen erklären, welche bei einem höheren Ölgehalt auftritt. Bei den untersuchten Hanfgenotypen existierte in beiden Versuchsjahren keine Korrelation zwischen Ölgehalt und Gesamttocopherolgehalt (2000:  $r = 0,02$ ; 2001:  $r = 0,18$ ). GOFFMANN und BECKER (2001) konnten bei Raps ebenfalls keinen Zusammenhang zwischen Gesamttocopherolgehalt und Ölgehalt bei Raps finden. Bei der Erhöhung des Tocopherolgehaltes mittels Selektion ist somit mit keinem negativen Effekt für den Ölgehalt zu rechnen.

Nur einige Tocopherolfractionen können züchterisch unabhängig voneinander bearbeitet werden.  $\gamma$ -Tocopherol gilt als direkter Vorläufer des  $\alpha$ -Tocopheroles (SCHULTZ 1990, KAMAL-ELDIN und APPELQVIST 1996). Dennoch konnte lediglich im Versuchsjahr 2000 für die in beiden Versuchsjahren untersuchten 51 Hanfgenotypen eine signifikant positive Korrelation beobachtet werden ( $r = 0,41^{**}$ ). Allerdings zeigten alle  $F_2$ -Kreuzungspopulationen, mit Ausnahme der Kreuzung 00/50, diesen Zusammenhang. MARWEDE et al. (2004) und GOFFMANN und BECKER (2001) konnten bei Raps ebenfalls keine Korrelation zwischen  $\gamma$ -Tocopherol und  $\alpha$ -Tocopherol nachweisen. Dies würde bedeuten, dass die beiden Tocopherolfractionen unabhängig voneinander züchterisch bearbeitet werden könnten. Für das Verhältnis von  $\alpha$ - zu  $\beta$ -Tocopherol,  $\beta$ - zu  $\delta$ -Tocopherol und  $\delta$ -Tocopherol zu  $\gamma$ -Tocopherol im Hanföl/Hanfsamen bestanden in beiden Versuchsjahren positive signifikante Korrelationen.

Die Heritabilitäten der Fettsäuren sind mit einigen Ausnahmen ebenfalls relativ niedrig (**Tabelle 23**). Im Mittel über alle untersuchten Fettsäuren wurde eine Heritabilität von 0,23 ermittelt. Für die Linolsäure betrug diese 0,61. Somit sind züchterische Verschiebungen des Linolsäuregehaltes im Öl, auch eine Reduzierung, möglich. Allerdings zeigte gerade diese Fettsäure eine geringe Variation beim Gehalt (**Tabelle 22**). Bemerkenswert ist auch, dass der Gehalt an PUFA (mehrfach ungesättigte Fettsäuren) im Öl eine Heritabilität von 52% aufwies (**Tabelle 23**). Nach FIELDSEND und MORISON (2000) ist die Temperatur der bedeutendste Einflussfaktor auf den  $\gamma$ -Linolensäuregehalt von Nachtkerzenöl.

Einige positive Korrelationen zwischen Ölgehalt und einigen Tocopherolfractionen sowie zwischen Ölgehalt und einzelnen Fettsäuren (**Tabelle 21** und **Tabelle 24**) zeigen, dass diese Merkmale gleichzeitig züchterisch verbessert werden könnten.

Bei der Berechnung der Rangsummen der Merkmale Ölgehalt und Ölzusammensetzung für jeden Genotyp über die zwei Versuchsjahre fielen die Genotypen ‘Fibrimon 56’, P57, ‘Juso 31’, GB29, ‘Beniko’, P60, ‘FxT’, ‘Félina 34’, ‘Ramo’ und GB18 durch hohe Ölqualitäten und -quantitäten auf. Diese Genotypen könnten in zukünftigen Züchtungsprogrammen speziell für eine Verbesserung des Ölgehaltes und der Ölzusammensetzung eingesetzt werden. Einschränkend muss aber festgestellt werden, dass die THC-Gehalte von P57, GB29, P60, und ‘FxT’ über dem gesetzlichen Richtwert von 0,2% (**Tabelle A24**) lagen. Beim Anbau diözischer Hanfgenotypen wie ‘Ramo’ und GB18 kommt es durch die Anwesenheit der männlichen Pflanzen im Bestand zu niedrigeren Samenerträgen. ‘Fibrimon 56’, ‘Beniko’ und ‘Félina 34’ blühen unter mitteleuropäischen Klimabedingungen erst relativ spät (Blühbeginn 67-70 Tage nach Aussaat, Klasse 5 (‘Beniko’) bis Blühbeginn 83-86 Tage nach Aussaat, Klasse 9 (‘Félina 34’)), wodurch eine zeitige Samenernte und somit gute Ölqualitäten gefährdet sind. Im Gegensatz dazu ist die monözische Hanfsorte ‘Juso 31’ durch einen frühen Blühbeginn (55-58 Tage nach Aussaat, Klasse 2) und demzufolge eine frühe Abreife gekennzeichnet. Zusätzlich wurde eine geringe Wuchshöhe festgestellt (**Tabelle 10**), wodurch die Samenernte entscheidend erleichtert ist (HÖPPNER und MENGE-HARTMANN 1996b).

Auf Grund der verschiedensten Einsatzmöglichkeiten, insbesondere aber der Gesundheitsprävention, bekamen Öle mit einem hohen  $\gamma$ -Linolensäuregehalt in den letzten 25-30 Jahren einen höheren Stellenwert. In den Ölen traditionell angebauter Ölfrüchte wie Raps und Sonnenblume kommt diese seltene Fettsäure nicht vor. In **Tabelle 34** sind einige der insgesamt 32 Arten, in deren Öl diese Fettsäure vorhanden ist, dargestellt. Kommerziell wird der Bedarf an  $\gamma$ -Linolensäure zur Zeit noch durch den Anbau von Borretsch (*Borago officinalis*) und Nachkerze (*Oenothera* sp.) in den Niederlanden, Großbritannien, Ungarn, USA, Kanada, Neuseeland und China abgedeckt. Auf Grund der extrem ungleichmäßigen Samenreife über mehrere Monate ist beim Borretsch die Samenernte kritisch. Oftmals können trotz Einhaltung eines optimalen Erntetermines nur 25% der Samen geerntet werden. Weltweit werden ca. 5000 ha Borretsch angebaut, wobei 1500-2000 t Samen bzw. 500-700 t Öl gewonnen werden. Die Produktion an Nachkerzenöl beträgt weltweit zwischen 1500-1800 t. Auf Grund der gestiegenen Nachfrage wurden beide Kulturen erfolgreich züchterisch bearbeitet, um optimale Erträge zu erreichen (FIELDSEND und MORISON 2000, CLOUGH 2001). Der Anbau erfolgt aber unter intensiven Kulturbedingungen, so dass CLOUGH (2001) von einer erheblichen Pestizidbelastung der Öle beider Pflanzenarten berichtet.

**Tabelle 34:** Ölgehalt (%) und  $\gamma$ -Linolensäuregehalt (%) ausgewählter Pflanzenarten (verändert nach CLOUGH (2001))

Identität	Ölgehalt (%)	$\gamma$ -Linolensäure (%)
<b>Boraginaceae (Borretsch- oder Rauhlblattgewächse)</b>		
<i>Borago officinalis</i> (Borretsch)	28-31	17-25
<i>Echium rubrum</i> (Roter Natternkopf)	15	14
<i>Echium vulgare</i> (Gewöhnlicher Natternkopf)	22	11
<i>Symphytum officinale</i> (Gemeiner Beinwell)	21	27
<b>Cannabaceae (Hanfgewächse)</b>		
<i>Cannabis sativa</i>	26-38	2-4
<b>Onagraceae (Nachtkerzengewächse)</b>		
<i>Oenothera biennis</i> (Gemeine Nachtkerze)	17-25	7-10
<i>Oenothera grandiflora</i> (Großblütige Nachtkerze)	4	9
<b>Saxifragaceae (Steinbrechgewächse)</b>		
<i>Ribes alpinum</i> (Alpenjohannisbeere)	19	9
<i>Ribes nigrum</i> (Schwarze Johannisbeere)	30	15-19
<i>Ribes rubrum</i> (Rote Johannisbeere)	25	4-6
<i>Ribes uva-crispa</i> (Stachelbeere)	18	10-12
<b>Scrophulariaceae (Braunwurzgewächse)</b>		
<i>Scrophularia marilandica</i> (Maryland-Braunwurz)	38	10

Der  $\gamma$ -Linolensäuregehalt im Hanföl der in dieser Arbeit untersuchten Hanfgenotypen schwankte in beiden Versuchsjahren zwischen 0,00% ('Lipko', Versuchsjahr 2001) und 4,08% ('Juso-14', Versuchsjahr 2000). Auch CALLAWAY und LAAKKONEN (1996) berichteten von einem maximalen  $\gamma$ -Linolensäuregehalt um die 4% bei der finnischen Ölhanfsorte 'FIN 314' bzw. 'Finola'. Ein Vergleich der Samenerträge, der daraus resultierenden Ölerträge und der  $\gamma$ -Linolensäurerträge von Hanf mit den traditionell genutzten Pflanzen Borretsch und Nachtkerze ist in **Tabelle 35** dargestellt. Alle drei Pflanzenarten unterscheiden sich nicht im  $\gamma$ -Linolensäurertrag. Beim Anbau der Hanfsorte 'Finola' ist es möglich, höchste  $\gamma$ -Linolensäurerträge von bis zu 30 kg/ha zu erzielen in Verbindung mit einem Ölgehalt dieser Sorte von 37% und einem Anteil an  $\gamma$ -Linolensäure im Öl von 4% (CALLAWAY und LAAKKONEN 1996, BLADE et al. 2005). Die niedrigen  $\gamma$ -Linolensäurerträge von durchschnittlich nur 3 kg/ha lassen sich durch die niedrigen Samenerträge bei der Kombinationsnutzung „Faser“ und „Öl“ erklären. Die Samen fallen hierbei nur als Nebenprodukt an und sind zusätzlich nicht voll ausgereift und somit von schlechterer Qualität. Zusammenfassend lässt sich sagen, dass mit dem Anbau einer speziell für die Ölproduktion entwickelten Hanfsorte, mit Ölgehalten um die 37% und  $\gamma$ -

Linolensäuregehalten von 4 %, die Deckung des  $\gamma$ -Linolensäurebedarfes möglich ist, wobei im Vergleich zu Borretsch oder Nachtkerze ein deutlich höherer Samenertrag erreicht werden muss. Positiv ist beim Anbau von Hanf der geringere Pestizideinsatz im Vergleich zu den klassischen  $\gamma$ -linolensäureliefernden Pflanzen Borretsch und Nachtkerze zu nennen.

**Tabelle 35:** Vergleich Samenerträge, Ölerträge und  $\gamma$ -Linolensäurerträge (kg/ha) von Borretsch, Nachtkerze und Hanf

Kultur	Samenertrag (kg/ha) <sup>a</sup>	Ölertrag (kg/ha) <sup>a</sup>	$\gamma$ -Linolensäurertrag (kg/ha) <sup>a</sup>
Borretsch	400	112-124	19-31
Nachtkerze	600-1200	102-300	7-30
Hanf	500-2000	130-760 <sup>b</sup>	3-30 <sup>b</sup>

<sup>a</sup>Angaben aus CLOUGH (2001), ADAM et al. (2000), CALLAWAY (2004) BLADE et al. (2005)

<sup>b</sup>Daten aus eigener Untersuchung dienten als Grundlage für die Berechnungen

Hanföl zeichnet sich durch einen hohen Gehalt an der essentiellen Fettsäure Linolsäure (18:2, Omega-6) aus, die einen Anteil von 46-60% im Öl ausmacht (MÖLLEKEN 1999). Die Samen von Flachs (*Linum usitatissimum* L.) und Sonnenblume (*Helianthus annuus* L.) können im Vergleich zu Hanf eine alternative Linolsäurequelle sein. Ihre Samenerträge liegen zwischen 1700-2500 kg/ha (Flachs) und 3500-4000 kg/ha (Sonnenblume) (HEYLAND 1996, DIEPENBROCK et al. 1999). Bei einem Linolsäuregehalt von 20% (Flachs) und 62-66% (Sonnenblume) resultieren Linolsäurerträge von 102-205 kg/ha (Flachs) und 868-1320 kg/ha (Sonnenblume). Der Linolsäurertrag von Hanf liegt, abhängig vom Ölertrag, zwischen 71-414 kg/ha (Daten aus **Tabelle 22** umgerechnet nach Angaben des Ölertrages in **Tabelle 35**). Die hohen Linolsäurerträge der Sonnenblume werden aber nicht erreicht. Das ist aus ernährungsphysiologischer Sicht auch nicht unbedingt erwünscht. Es wird empfohlen, Öl mit einem engen Verhältnis von  $\omega$ -6 (Linolsäure) zu  $\omega$ -3 ( $\alpha$ -Linolensäure) zu verwenden (Sonnenblume: 143:1, Raps: 2:1; JAHREIS und HILLER (2002)), um oxidative Prozesse im Organismus auf Grund eines zu hohen Anteiles an  $\omega$ -6 (Linolsäure) zu vermeiden. Das Verhältnis von  $\omega$ -6 zu  $\omega$ -3 ist für die Bildung der Eicosanoide wichtig. Eicosanoide sind aus 20 Kohlenstoffen bestehende Moleküle, die von ungesättigten Fettsäuren abgeleitet werden. Die wichtigste Fettsäure ist die vierfach ungesättigte Arachidonsäure, die im tierischen und menschlichen Organismus aus der essentiellen pflanzlichen Linolsäure synthetisiert wird. Ein enges Verhältnis (mindestens 5:1) fördert die Blutgefäßerweiterung, die Hemmung der Thrombozytenaggregation und wirkt antiinflammatorisch (entzündungshemmend). Das Verhältnis von  $\omega$ -6 zu  $\omega$ -3 liegt bei Hanföl bei 2,55 zu 1 (**Tabelle 22**). Dies entspricht

annähernd dem Verhältnis von Raps (JAHREIS und HILLER 2002) und ist somit sehr empfehlenswert.

*(Oxidationsstabilität)* Das Ranzigwerden pflanzlicher und tierischer Öle/Fette wirkt sich auf deren Geruch und Geschmack aus. Lagerungszeit sowie Licht und Wärme begünstigen das Ranzigwerden von Ölen. Ausgelöst werden kann das Ranzigwerden auch durch chemische Veränderungen, die durch Luftsauerstoff hervorgerufen werden. Dieser Prozess wird als Autooxidation bezeichnet. Dabei finden Veränderungen an den ungesättigten Fettsäuren statt. Infolgedessen entstehen verschiedene Abbauprodukte, die für die Ranzigkeit verantwortlich sind. Tocopherole und Plastochromanol-8 sind wichtige Antioxidantien und üben positive Effekte auf die oxidative Stabilität der Öle aus. Nach GOFFMANN und MÖLLERS (2000) gab es nach einer 6 monatigen Lagerung von Rapssamen keine Anzeichen für eine Degradation der Antioxidantien. Aus diesen Gründen wurden die Hanffrüchte dieser Untersuchung bereits 2 Monate nach der Samenernte analysiert. Die Autooxidation war beim handelsüblichen Öl 'Juwel' mit der kürzesten Induktionszeit von 0,44 h im Vergleich zu den frisch gepressten Hanfölen bereits am weitesten fortgeschritten.

Auffällig war die hohe Korrelation zwischen Plastochromanol-8 (P-8) und den einfach und mehrfach ungesättigten Fettsäuren (**Tabelle 24**). Diese wäre eigentlich für  $\alpha$ -Tocopherol, dem biologisch aktivsten Tocopherol, zu erwarten gewesen, aber nicht für das in geringen Mengen im Öl enthaltene P-8. Ein signifikant positiver Zusammenhang zwischen P-8 und  $\alpha$ -Tocopherol konnte nur für das Versuchsjahr 2001 ermittelt werden (**Tabelle 21**). Schon OLEJNIK et al. (1997) zeigten, dass P-8 über ein ausgesprochen hohes antioxidatives Potenzial verfügt und in der Lage ist, die ungesättigten Fettsäuren effizienter als  $\alpha$ -Tocopherol vor Oxidation mit Luftsauerstoff zu schützen. Die erzielten Ergebnisse unterstützen diese Feststellung, auch wenn P-8 nur in geringen Mengen im Hanfsamen vorkommt; der mittlere Gehalt an P-8 beträgt nur 1/120tel des mittleren Wertes von  $\gamma$ -Tocopherol.

### 5.3 Cannabinoide

Als Cannabinoide wird eine Gruppe psychoaktiver Substanzen bei Hanf bezeichnet, in der  $\Delta^9$ -Tetrahydrocannabinol (THC) als Hauptwirkstoff angesehen wird. Insbesondere der THC-Gehalt ist, aus verschiedenen Blickwinkeln betrachtet, ein überaus interessantes Merkmal in der Hanfzüchtung. Einerseits sind für den Faserhanfanbau in der EU nur Nutzhanfsorten zugelassen, die einen THC-Gehalt von 0,2% nicht überschreiten. Daher wird bei der Züchtung auf hohe Fasergehalte gleichzeitig auf niedrige THC-Gehalte selektiert. Andererseits belegen mehrere Studien aber auch die medizinische Wirksamkeit von THC bei verschiedenen Krankheiten (siehe **Kapitel 2.4**). Somit ist auch ein hoher THC-Gehalt bei der Entwicklung von Drogenhanfsorten von Interesse.

In der in dieser Arbeit untersuchten Hanfkollektion traten alle von DE MEIJER et al. (1992) beschriebenen Chemotypen auf. Es wurde jedoch nicht nur zwischen den Hanfformen, sondern auch innerhalb der Hanfformen eine Variation der THC- und Cannabidiol (CBD)-Gehalte festgestellt. Die THC-Gehalte einiger Faserhanfsorten waren deutlich erhöht, z. B. fielen im Versuchsjahr 2000 die normalerweise THC-armen Sorten 'Félina 34' und 'Juso 31' auf (**Tabelle A24**). MEDIAVILLA et al. (1999) berichteten von Ausreißern bei den Sorten 'Futura' und 'Fedóra 19'. MECHTLER et al. (2004) beschrieben Abweichungen in bekannten Faserhanfsorten, so auch bei 'Félina 34'. Auch DE MEIJER et al. (1992) fanden eine Variation hinsichtlich der Chemotypen innerhalb einer Hanfpopulation. Dies konnte auch in dieser Arbeit bei einigen Hanfformen beobachtet werden, so z. B. bei der Sorte 'Juso 14' im Versuchsjahr 1999 (**Abbildung A2**). Die Genbankakzessionen waren davon stärker betroffen als die bereits züchterisch bearbeiteten Hanfsorten, da an den ersteren gezielte züchterische Selektionsprozesse auf niedrige THC-Gehalte nicht stattgefunden haben. Auch MANDOLINO und CARBONI (2004) beobachteten alle drei Chemotypen in nicht bearbeiteten Hanfformen. Züchterisch bearbeitete Hanfformen zeigen meist nur einen oder zwei Chemotypen. FOURNIER und PARIS (1980) fanden bei zuvor selektierten französischen monözischen Hanflinien zwei Chemotypen, nämlich den intermediären und den Nicht-Drogen-Typ, vor.

Um eine gesicherte Aussage über das psychoaktive Potenzial von Hanfformen zu bekommen, ist der Stichprobenumfang von besonderer Wichtigkeit. Nach den Untersuchungen von MECHTLER et al. (2004) reicht die Beprobung von nur einer einzigen Pflanze einer Hanfform nicht aus, um ihren Chemotyp charakterisieren zu können. SMALL & BECKSTEAD (1973) beprobten jeden Hanfgenotyp mit jeweils 3 weiblichen und 3 männlichen Pflanzen. DE MEIJER et al (1992) führten ihre Untersuchungen an einem Stichprobenumfang von 20 weiblichen oder monözischen Einzelpflanzen durch. Allerdings zeigte sich in dieser Untersuchung, dass der Mittelwert der THC- und CBD-Gehalte schon bei einer Stichprobengröße von 10-15

Pflanzen relativ stabil ist. Die vorschriftsmäßige Beprobung nach BLE-Richtlinien zur Erfassung des THC-Gehaltes von Nutzhanf erfolgt an 30 Pflanzen. Dieser Umfang konnte in der vorliegenden Arbeit auf Grund des Parzellenanbaus der Hanfgenotypen und der damit verbundenen begrenzten Anzahl an Einzelpflanzen nicht realisiert werden.

Die höchsten THC-Gehalte von 13,00% konnten für die Genbankherkunft GB37 bei den Feldversuchen im Versuchsjahr 2000 festgestellt werden, gefolgt von der Genbankherkunft GB36 mit 8,00%. Die untersuchten Drogenhanfsorten erreichten THC-Gehalte um die 6%. In der F<sub>1</sub>-Nachkommenschaft 00/20 aus der Kreuzung GB22 × 'Skunk 1' wurde ein maximaler THC-Gehalt von 13,71% ermittelt. Solche hohen THC-Gehalte im Freiland sind nach Meinung mehrerer Autoren recht ungewöhnlich. Nach DE MEIJER et al. (1992) sind selbst THC-Gehalte über 1% im Freiland selten. Aber BRENNEISEN und KESSLER (1987) fanden auch THC-Gehalte um 5,7%.

Die ermittelten THC-Gehalte der Hanfgenotypen waren im Versuchsjahr 2001 deutlich niedriger als im Versuchsjahr 2000. In 2001 wurden maximale THC-Gehalte von nur 6,32% bei der Genbankherkunft GB36 festgestellt; GB37 lieferte im selben Versuchsjahr einen maximalen THC-Gehalt von nur 4,29%. Dies deutet auf einen Jahreseffekt hin. Die Monate Mai und Juni waren im Versuchsjahr 2000 überdurchschnittlich trocken und warm. Bekannt ist, dass hohe Temperaturen in Verbindung mit geringer Luftfeuchtigkeit zu hohen THC-Gehalten führen können (PATE 1999). Der Einfluss von Umweltbedingungen auf den Cannabinoidgehalt wird nach wie vor kontrovers diskutiert (FETTERMANN et al. 1971, HANEY und KUTSCHEID 1973, TURNER et al. 1978, DE MEIJER et al. 1992 und 2003). Der Korrelationskoeffizient für den CBD-Gehalt zwischen den Versuchsjahren 2000 und 2001 lag bei  $r = 0,76$  und war niedriger als für den THC-Gehalt und für das THC/CBD-Verhältnis. Dies könnte ein Indiz dafür sein, dass der CBD-Gehalt im Gegensatz zum THC-Gehalt weniger stabil ist. DE MEIJER et al. (1992) berichteten von einer stärkeren Variation der CBD-Gehalte innerhalb einer Akzession im Vergleich zu den THC-Gehalten beim Vergleich mehrerer Jahre. Bei einigen in dieser Arbeit untersuchten Drogenhanftypen konnte kein CBD nachgewiesen werden. Von PATE (1999) wurde dies bei Drogenhanftypen tropischen Ursprunges beobachtet.

In welchem Ausmaß pflanzenbauliche Maßnahmen den Cannabinoidgehalt beeinflussen können, ist unklar. Es konnten keine Beziehungen zwischen THC-Gehalt und anderen agronomischen Merkmalen, außer für den Fasergehalt, gefunden werden, was auch von DE MEIJER et al. (1992) bestätigt wurde.

Auch der geographische Ursprung der Hanfgenotypen scheint für die Cannabinoidgehalte von Bedeutung zu sein. Die koreanischen Akzessionen hatten deutlich höhere THC-Gehalte als die Hanfherkünfte aus Südeuropa. Dies wurde auch von TURNER et al. (1973) berichtet.

Es wird davon ausgegangen, dass hohe THC-Gehalte mit niedrigen Fasergehalten korreliert sind (HENNINK 1994). Dies bestätigen auch die Ergebnisse in dieser Arbeit. Diese Korrelation ist aber auch für den Züchtungsprozess auf hohe Fasergehalte und niedrige THC-Gehalte förderlich. Allerdings beobachteten DE MEIJER et al. (1992) bei der Untersuchung von unselektierten und bereits auf hohe Fasergehalte selektierten Hanfpopulationen, dass Fasergehalt und THC-Gehalt nicht korreliert sind.

In einer Untersuchung von MECHTLER et al. (2004), in der keine Drogenhanftypen einbezogen waren, konnte kein Zusammenhang zwischen THC-Gehalt und Pflanzenlänge festgestellt werden. COFFMANN und GENTNER (1975) fanden jedoch eine negative Korrelation zwischen Pflanzenhöhe und THC-Gehalt. Die hier vorgestellten Ergebnisse bestätigen diese Tendenz, wenn auch nur sehr schwach und nicht signifikant ( $r = -0,04$ ).

Ein deutliches Cannabinoid-Konzentrationsgefälle innerhalb der Pflanze von der Pflanzenspitze bis hin zu den Wurzeln, wie es von verschiedenen Autoren beschrieben wurde, konnte in der vorliegenden Arbeit nicht beobachtet werden. Allerdings wurde diese Untersuchung an zwei Einzelpflanzen durchgeführt. Aber auch TURNER et al. (1978) verneinen ein Konzentrationsgefälle innerhalb der Hanfpflanze. Das THC verteilt sich mehr oder weniger gleichmäßig über die gesamte Pflanze, trotzdem sind die Cannabinoidgehalte in der Apikalnähe an der Pflanzenspitze mit die höchsten (**Abbildung 24**). Somit kann die Cannabinoid-Bestimmung nach der Methode von DE MEIJER et al. (1992) nicht angezweifelt werden. Die Variation des THC-Gehaltes innerhalb der Pflanze könnte z. T. aus einem Verlust der Drüsenzellen im Verlaufe der Blattentwicklung resultieren.

Bei der Kreuzungsnachkommenschaft 00/78 wurden sowohl die männlichen als auch die weiblichen Pflanzen hinsichtlich Cannabinoidgehalt untersucht. Es konnten keine signifikanten Unterschiede zwischen beiden Geschlechtern ermittelt werden. Perigonblätter sowie Staubblätter und Staubgefäße besitzen gestielte Drüsenzellen. Daher sind auch am Pollen, durch den direkten Kontakt mit Staubblättern und Staubgefäßen, Cannabinoide nachweisbar. Diese Beobachtung deckt sich mit Ergebnissen der Literatur (FETTERMANN et al. 1971, SMALL und BECKSTEAD 1973, PARIS et al. 1975, BEUTLER und DER MANDEROSIAN 1978).

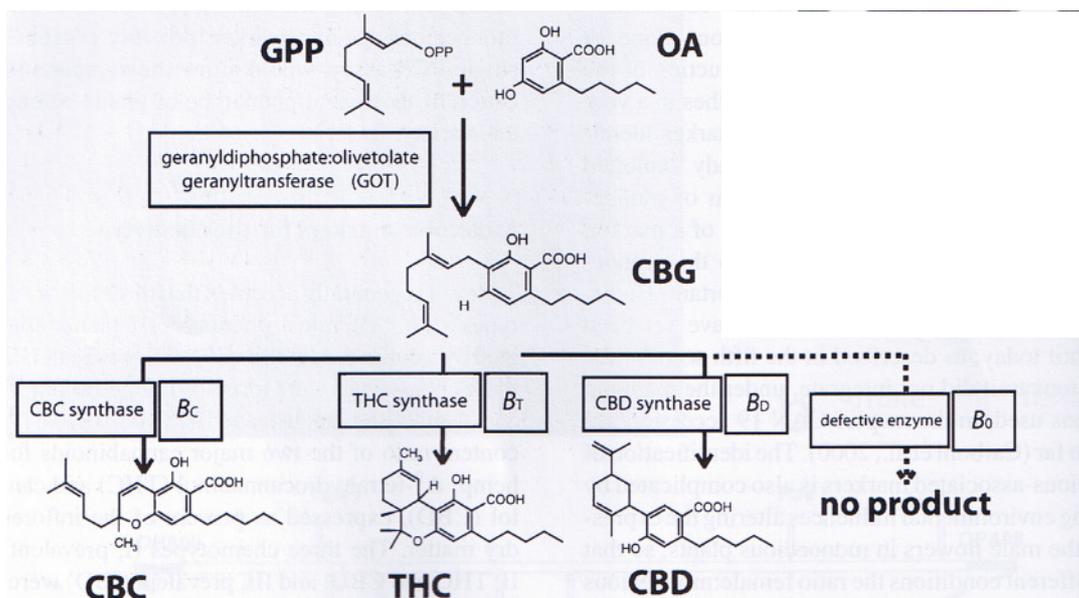
Über die Vererbung der Cannabinoide wurde in der Vergangenheit viel spekuliert und widersprüchliches herausgefunden und veröffentlicht. Als erste postulierten BECU et al.

(1998) einen monogenen Erbgang bezüglich des THC/CBD-Verhältnisses. Nach SYTNIK und STELMAH (1999) wird hingegen der Gehalt jedes Cannabinoids von mehreren, voneinander unabhängigen gekoppelten Genen gesteuert. Sie gehen von einem polygenen und geschlechtsgekoppelten Erbgang aus.

In der vorliegenden Arbeit waren die F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften der Kreuzungen zwischen weiblichen Nicht-Drogenpflanzen und männlichen Drogenpflanzen hinsichtlich Chemotyp homogen und vom intermediären Typ (**Abbildung 25 (D)**). Dies beobachtete auch DE MEIJER et al. (2003) bei der Selbstung von geschlechtsumgewandelten weiblichen Klonpflanzen. In der durch Selbstung der F<sub>1</sub> entstandenen F<sub>2</sub>-Population konnte sowohl in der vorliegenden Arbeit als auch bei DE MEIJER et al. (2003) eine 1:2:1 (Nicht-Drogen-Typ : intermediärer Typ: Drogen-Typ) Spaltung, also ein intermediärer Erbgang, ermittelt werden (**Abbildung 26 (B)**). Die These von SYTNIK und STELMAH (1999) konnte weder durch die Ergebnisse der vorliegenden Arbeit noch durch die anderer Autoren bestätigt werden.

Bei den Kreuzungen von weiblichen Drogenpflanzen mit männlichen Nicht-Drogenpflanzen wurde in dieser Arbeit eine in einem Verhältnis von 1:1 (Drogen-Typ : intermediärer Typ) spaltende F<sub>1</sub> beobachtet (**Abbildung 25 (C)**). BEUTLER und DER MANDEROSIAN (1978) kreuzten eine THC-reiche mexikanische Hanfform als mütterlichen Elter und eine THC-arme Hanfform aus Sibirien als väterlichen Elter miteinander. In der F<sub>1</sub>-Nachkommenschaft traten 2 Gruppen auf; ein Drittel der Nachkommen (5 Individuen) konnten dem Drogen-Typ zugeordnet werden, zwei Drittel (10 Individuen) dem intermediären Typen. Diese Ergebnisse deuten darauf hin, dass eine Interaktion zwischen dem Chemotyp und dem Geschlecht der Kreuzungseltern bestehen könnte und der Erbgang vermutlich komplexer zu sein scheint als bislang vermutet wurde. Die weiblichen Pflanzen könnten im Vergleich zu den männlichen einen zusätzlichen genetischen Faktor besitzen, welcher für die Verschiebung des THC/CBD Verhältnisses der Nachkommen in den Bereich Drogen-Typ verantwortlich ist. Hierbei könnte es sich um eine zusätzliche Komponente handeln, die im mütterlichen Plasma vorkommt und so auf die Nachkommen übertragen wird. Wenn der männliche Elter das höhere THC/CBD-Verhältnis aufweist, scheint es sich um einen einfachen intermediären Erbgang zu handeln (**Abbildung 25 (C)**). Dies Model trifft aber nicht zu, wenn der weibliche Elter das höhere THC/CBD Verhältnisse mitbringt. Hier sind weitere Untersuchungen nötig, um Klarheit zu bekommen. DE MEIJER et al. (1992) verwendeten für ihre Untersuchungen weibliche Klone. Dies mag ein Grund dafür sein, dass diese F<sub>1</sub>-Spaltungsverhältnisse nicht aufgetreten sind; in der vorliegenden Arbeit wurden in allen Fällen männliche und weibliche Pflanzen miteinander gekreuzt.

Von DE MEIJER et al. (2003) wurde ein Modell zur Vererbung des THC/CBD-Verhältnisses der drei Chemotypen (siehe **Tabelle 1**) erarbeitet (**Abbildung 32**). Zunächst kommt es durch Kondensation von Geranygeraniol-Diphosphat mit Olivetoleinsäure zur Bildung von Cannabigerol (CBG), dem Vorläufer im Biosyntheseweg von THC und CBD. Es wird davon ausgegangen, dass ein Locus B vorliegt, der über zwei Allele ( $B_D$  und  $B_T$ ) verfügt, die codominant sind. Die THC- und CBD-Synthasen, die für die Umwandlung des CBG in THC bzw. CBD verantwortlich sind, werden jeweils durch die Allele  $B_T$  und  $B_D$  codiert. Die intermediären Phänotypen sind heterozygot und haben die Allele  $B_D/B_T$  am Genort B. Hier sind beide Enzyme vorhanden und produzieren THC und CBD in einem Verhältnis von ungefähr 1:1. Die Drogen-Typen und die Nicht-Drogen-Typen sind homozygot am Genort B ( $B_T/B_T$  und  $B_D/B_D$ ). Jedes dieser beiden Allele ist verantwortlich für die Umwandlung von CBG in die Endprodukte CBD und/oder THC. Diese Annahme konnte auch durch MANDOLINO und CARBONI (2004) bestätigt werden.



**Abbildung 32:** Biosyntheseweg von CBC (Cannabichrom), THC (Delta-9-Tetrahydrocannabinol) und CBD (Cannabidiol) über CBG (Cannabigerol). Für jeden Syntheseweg ist das Enzym aufgeführt (wenn bekannt). Zusätzlich wird der angenommene Status der codominanten Allele am B-Locus aufgezeigt (Quelle: MANDOLINO und CARBONI 2004)

Die von DE MEIJER et al. (2003) erstellte F<sub>2</sub>-Population wurde mit RAPD-Markern gescreent. Somit gelang es zwar, einen codominanten Marker zu finden, der allerdings nur innerhalb einer Abstammung nutzbar ist. Die Gensequenzen, die für THC und CBD codieren, zeigen eine sehr hohe Ähnlichkeit (89.3%). Trotzdem werden die Unterschiede als groß genug angesehen, um spezifische Primer zu nutzen, die es ermöglichen, die Allelsituation am Locus

B einer einzelnen Pflanze zu beschreiben und somit Chemotyp-assoziierte Marker zu entwickeln (MANDOLINO und CARBONI 2004). Darauf basierend könnte es in der Zukunft gelingen, transgene Ansätze zu etablieren, um das B<sub>7</sub>-Allel und damit die THC-Synthese zu blockieren und infolgedessen das THC aus den Nutzhanfsorten vollständig zu eliminieren. Die Notwendigkeit einer solchen Vorgehensweise ist allerdings fraglich, da mehrere Arbeitsgruppen bereits schon durch einfache Selektion niedrige THC-Gehalte erzielen konnten (VIROVETS 1996, SYTNIK und STELMAH 1999, MANDOLINO und CARBONI 2004). Ausnahmen stellen aber z. B. die wertvollen Faserhanfsorten 'Eletta Campana' und 'Kompolti' dar, bei denen eine solche Selektion nicht erfolgreich war. Diese Sorten weisen immer einen erhöhten THC-Gehalt auf und dürfen daher in der EU nicht mehr angebaut werden. 'Kompolti' z. B. ist seit 2002 für den Nutzhanfanbau in der EU nicht mehr zugelassen, da der festgestellte THC-Gehalt deutlich über 0,2% der BLE-Richtlinie lag. Eine Möglichkeit, diese Sorten wieder anbaufähig zu machen, wäre das Entfernen von THC-produzierenden Pflanzen aus dem jeweiligen Sortenbestand durch markergestützte Selektion. Aber auch das Einkreuzen THC-armer Genotypen mit anschließender Selektion ist ein gangbarer Weg. Bei der Untersuchung der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften aus der Kreuzung 'Kompolti' × Genbankherkunft GB16 (00/43, 00/48) und reziprok (00/49, 00/50) ist eine Variation im THC-Gehalt erkennbar (**Abbildung A3**). Für die F<sub>2</sub>-Nachkommenschaft 00/49 konnten THC-Gehalte unterhalb der kritischen Grenze von 0,2% festgestellt werden. Innerhalb dieser Kreuzung besteht auch die Möglichkeit, auf niedrigen THC-Gehalt in Verbindung mit einem hohen Fasergehalt zu selektieren und ihn so zu modifizieren. Des Weiteren konnte auch ein früherer Blühbeginn beobachtet werden. Infolgedessen verlängert sich die Samenreifung, was wiederum eine Körnernutzung ermöglichen könnte.

#### 5.4 Genotypendifferenzierung unter Betrachtung der phänotypischen und molekularbiologischen Daten

Es gelang mit Hilfe von Clusteranalysen auf Basis der phänotypischen Merkmale Blühbeginn, Öl- und Fasergehalt, THC- und CBD-Gehalt, Pflanzenlänge, Frischgewicht sowie Stängeldurchmesser einige Hanfgenotypen entsprechend ihrer Herkunft, ihren THC-Gehalten und ihrer Geschlechtsform gemeinsam zu gruppieren (**Abbildung 28 (A)**). So konnten die Hanfgenotypen für die oben aufgeführten Merkmale in entsprechende Gruppen eingeteilt werden (**Tabelle 30**). Diese Gruppen können für züchterische Zwecke verwendet werden, z.B. bei der Suche nach geeigneten Kreuzungspartnern. Beispielsweise werden die Kreuzungspartner für die Hybridentwicklung bei Mais vorzugsweise aus verschiedenen Genpools gewählt, um in der Hybride einen größt möglichen Heterosiseffekt zu erzielen. Die Hanfgenotypen wiesen insgesamt für die Merkmale Blühbeginn, Öl- und Fasergehalt, THC- und CBD-Gehalt, Pflanzenlänge, Frischgewicht sowie Stängeldurchmesser eine große Variation auf. Bei den Merkmalen Tocopherolgehalt und Fettsäuremuster schwanken die erhobenen Werte in einem engeren Bereich, so dass die Ähnlichkeit zwischen den Hanfgenotypen, besonders bei den Fettsäuremustern, insgesamt hoch ist (**Abbildung 28 (B)** und **(C)**). Für die Tocopherolgehalte gelang aber noch eine Gruppenbildung mittels modellbasierter Clusteranalyse (**Tabelle 31**). Bei den Fettsäuregehalten funktionierte diese nicht mehr. Mit Hilfe der modellbasierten Clusteranalyse konnten multiple Scatterplot-Matrixen erstellt werden (**Abbildung 29** und **A4**). Die einzelnen phänotypischen Merkmale sind hierbei gegeneinander aufgetragen und gemeinsame Gruppen sind durch gleiche Symbole gekennzeichnet. Bei dieser Darstellungsweise lassen sich die Gruppierungen auf den ersten Blick klar erkennen und die betroffenen Gruppen schnell identifizieren.

Auch in der Pflanzenzüchtungsforschung kommen routinemäßig molekulargenetische Methoden zur Anwendung, um die genetischen Hintergründe der Vererbungsgänge der monogenen als auch der polygenen komplexen Merkmale aufzudecken. Häufig verwendet werden molekulare Marker in Verbindung mit der PCR-Technik. Ziel dabei ist es, DNA-Sequenzunterschiede, so genannte Polymorphismen, an homologen Genorten zwischen Individuen oder Populationen aufzudecken und für die Züchtung nutzbar zu machen, z. B. bei Verwandtschaftsanalysen oder bei der marker-gestützten Selektion (MAS), bei der die phänotypische Selektion im Feld oder im Gewächshaus durch den Einsatz von Markern substituiert wird. Mit den in dieser Arbeit verwendeten AFLP-Markern ist es möglich, die Hanfgenotypen gemäß ihrer Verwandtschaftsverhältnisse und ihrer Geschlechtsform zu

klassifizieren (KLEIN 2003). Sie können aber auch als Hilfsmittel zur Sortenidentifizierung dienen. Da Hanf ein Fremdbefruchter und natürlicherweise diözisch ist, kann nicht erwartet werden, dass einzelne Pflanzen einer Sorte und noch weniger einer Genbankherkunft identische Markerprofile aufweisen. Bei der Untersuchung von jeweils fünf Einzelpflanzen von insgesamt 40 Hanfformen wurde deutlich, dass die mittleren Distanzen innerhalb der Hanfgenotypen, mit Ausnahme von 'Fasamo', größer waren als die mittlere genetische Distanz zwischen ihnen (KLEIN 2003). Schon FORAPANI et al. (2001) fanden bei RAPD-Untersuchungen von je 10 Einzelpflanzen aus 6 verschiedenen Hanfgenotypen einen hohen Grad an Variabilität innerhalb der untersuchten Sorten, die etwa die Hälfte der Gesamtvariabilität ausmachte. Sie beobachteten, dass die Mehrzahl der Loci niedrigere Trennungsschärfen besaßen. Dies spricht für einen eingeeengten Genpool. Es erscheint nicht möglich, eng miteinander verwandte Sorten wie 'CS' und 'Carmagnola' auf Grund der limitierten Allelzahl voneinander zu trennen. Auch MANDOLINO und CARBONI (2004) berichteten von Schwierigkeiten bei der Identifikation von Drogenhanfpflanzen und Faserhanfpflanzen mittels Marker auf Grund fehlender, klar differenzierender Allele bei allen verwendeten Markersystemen. Die eigene Untersuchung ergab, dass die geringste Ähnlichkeit zwischen den untersuchten Hanfgenotypen in der Gesamtstichprobe bei 60% lag. Dieses Ergebnis spricht ebenso für einen relativ engen Genpool, was bereits von DE MEIJER (1995) und WATSON und CLARKE (1997) beschrieben wurde.

Bei der Verrechnung der gesamten phänotypischen Ergebnisse mit den durch die AFLP-Analyse detektierten Banden konnten signifikante Bandenausprägungen gefunden werden, die mit den phänotypischen Merkmalen assoziiert sind (**Tabelle A28**). Diese Banden können als Marker für die jeweiligen Merkmale verwendet werden, da eine Korrelation zwischen Bande und Merkmal besteht. Besonders die Merkmale Blühbeginn und die Gehalte an  $\gamma$ -Linolensäure und Stearidonsäure sind durch eine hohe Anzahl an signifikanten Bandenausprägungen von über 40 gekennzeichnet (**Tabelle 32**). Aber auch für andere Merkmale von züchterischem Interesse, wie z. B. dem Fasergehalt, konnten signifikante Bandenausprägungen gefunden werden. Hier würde sich der Versuch lohnen, Marker für eine MAS zu entwickeln. Allerdings ist es hierbei wichtig, die Kosten mit dem Nutzen abzuwägen, da nicht für alle Merkmale eine MAS effizient ist, z. B. wenn die phänotypische Selektion erheblich günstiger ist als die Markeranalyse oder wenn das betreffende Merkmal keine große wirtschaftliche Bedeutung besitzt.

Bei den Mittelwertvergleichen der infolge der Clusteranalyse der molekularbiologischen Daten definierten Gruppen konnten bei den Merkmalen Blühbeginn, Fasergehalt, CBD-Gehalt, Pflanzenlänge, Frischgewicht und Stängeldurchmesser Signifikanzen festgestellt

werden (**Tabelle 33, Abbildung 31**). Bei der Pflanzenlänge, dem Frischgewicht und dem Stängeldurchmesser unterscheiden sich lediglich die ungarischen Sorten im Vergleich zu den anderen Gruppen signifikant voneinander. Als Merkmale mit hohen Variationen sind der Blühbeginn und der Fasergehalt zu nennen.

## 6 Ausblick

Die Hanfpflanze hat ein gewaltiges Potenzial für die Nutzung als Kulturpflanze. Sie liefert Fasern, Zellulose, Samen, Öl sowie Cannabinoide und produziert innerhalb weniger Monate hohe Anteile an Biomasse. Ihre Nutzungsmöglichkeiten hängen wesentlich von der Sorte ab. Die sich aktuell im Anbau befindlichen Hanfsorten stammen von einigen wenigen Vorfahren ab. Nach DE MEIJER (1995) stammen sie aus nur drei Genpools, dem nord- und mitteleuropäischen, dem südeuropäischen und dem ostasiatischen Genpool. Umso wichtiger für die Erhaltung der genetischen Vielfalt sind Hanfakzessionen, die in Genbanken eingelagert sind. Große Bedeutung hat hierbei eine genaue Erfassung der im Genpool vorhandenen Variabilität. Auch DIEDERICHSEN und HAMMER (1995), die die Variation von Flachs (*Linum* spp.) untersuchten, heben die Wichtigkeit der Erfassung und Erhaltung der für den Züchtungsprozess wichtigen agronomischen Merkmale hervor. Leider ist nicht alles in Genbanken und bei verschiedensten Arbeitsgruppen vorhandene Hanfmaterial frei verfügbar, wobei häufig kommerzielle Interessen im Vordergrund stehen. Diese Vorgehensweise behindert den züchterischen Fortschritt. Im Rahmen dieser Arbeit konnten im Hinblick auf Merkmale von züchterischem Interesse einige Genotypen für zukünftige Züchtungsarbeit herausgearbeitet werden. Besonders die Genbankherkünfte bereichern den Genpool. Denn genetische Variation ist eine zwingende Voraussetzung für erfolgreiche Züchtungsprozesse.

## 7 Zusammenfassung

In der vorliegenden Arbeit wurde das genetische Potenzial heute verfügbarer Hanfgenotypen hinsichtlich nutzbarer Merkmale (Fasern, Öl und THC) für eine zielgerichtete Züchtung erfasst. Aufbauend auf den experimentellen Daten wurden Kreuzungspopulationen zwischen ausgewählten Hanfgenotypen, die sich in der Merkmalsausprägung deutlich unterschieden, erstellt und ihre Vererbung untersucht. Die erhaltenen Ergebnisse können einen Beitrag für kommende Züchtungsprogramme leisten.

*(Genotypendifferenzierung)* Eine vorhandene Hanfkollektion (35 Hanfsorten, 24 Genbankakzessionen, 8 ungarische Kreuzungspopulationen) wurde zweijährig (2000, 2001) untersucht. Bei allen agronomischen und physiologischen Merkmalen waren zwischen den Genotypen deutliche Unterschiede feststellbar. Die Hanfgenotypen wiesen sowohl beim Blühbeginn (zwischen 52 und mehr als 100 Tagen nach der Aussaat) als auch bei den morphologischen Merkmalen Stängeldurchmesser, Frischgewicht und Pflanzenlänge eine breite Variation auf.

Die Fasergehalte schwankten im Mittel zwischen 11,94% (Drogenhanfsorte 'Skunk 1' im Jahr 2000) und 42,15% (ungarische Fasersorte 'Kompolti' im Jahr 2001), wobei die männlichen Pflanzen der Genbankakzessionen im Vergleich zu den weiblichen Pflanzen leicht erhöhte Fasergehalte aufwiesen. Für den Fasergehalt wurde eine Heritabilität von 0,91 ermittelt.

Die mittleren Ölgehalte lagen zwischen 26,25% (Genbankherkunft GB30 im Jahr 2001) und 37,67% (Drogenhanfsorte 'Skunk 1' im Jahr 2000), und die Heritabilität betrug 0,53.

Die Gesamttocopherolgehalte (Vitamin E) schwankten im Versuchszeitraum von 14,15-33,80 mg/100g Samen und 40,75-111,16 mg/100g Öl. Das dominierende Tocopherol im Hanföl ist das  $\gamma$ -Tocopherol gefolgt von  $\alpha$ -Tocopherol,  $\delta$ -Tocopherol, Plastochromanol-8 und  $\beta$ -Tocopherol. Die Gehalte an  $\gamma$ -Tocopherol schwankten von 12,58-29,40 mg/100g Samen und von 36,21-96,37 mg/100g Öl. Die Gehalte am biologisch aktivem  $\alpha$ -Tocopherol lagen zwischen 0,78-3,09 mg/100g Samen und zwischen 2,24-9,90 mg/100g Öl. Die Anteile an  $\beta$ - und  $\delta$ -Tocopherol sowie an Plastochromanol-8 waren im Hanfsamen als auch im Hanföl gering. Hanföl zeichnet sich durch einen hohen Anteil an mehrfach ungesättigten Fettsäuren aus (Gesamtmittel: 78,68 g/100g Öl bzw. 25,36 g/100g Samen). Zu den interessierenden Fettsäuren im Hanföl zählen die essentiellen Fettsäuren Linolsäure,  $\alpha$ - und  $\gamma$ -Linolensäure und die vierfach ungesättigte Stearidonsäure.

Die Hanfformen konnten in Abhängigkeit vom THC- und CBD-Gehalt drei Chemotypen (Nicht-Drogen-Typ, intermediärer Typ und Drogen-Typ) zugeordnet werden. Die THC- und CBD-Gehalte waren bei den untersuchten Hanfgenotypen sehr unterschiedlich. Gemittelt über

beide Versuchsjahre lieferten die Genbankherkünfte GB36 und GB37 die höchsten THC-Gehalte (4,23 bzw. 4,62%), gefolgt von den Drogenhanfsorten. Die höchsten CBD-Gehalte im Versuchszeitraum lieferten die italienischen Sorten 'CS' und 'Carmagnola' mit 2,71 bzw. 2,61%. Bei einigen Genotypen war kein THC bzw. CBD nachweisbar.

Mit Hilfe von Clusteranalysen für die Merkmalen Blühbeginn, Öl- und Fasergehalt, THC- und CBD-Gehalt, Pflanzenlänge, Frischgewicht und Stängeldurchmesser gelang es, einige Hanfgenotypen entsprechend ihrer Herkunft, ihren THC-Gehalten und ihrer Geschlechtsform gemeinsam zu gruppieren. Bei den Tocopherol- und Fettsäuregehalten wiesen die Genotypen größere Ähnlichkeiten auf, was eine Gruppenbildung erschwerte.

Ausgewählte Hanfgenotypen wurden mittels AFLP-Technik molekulargenetisch untersucht. Ein Vergleich von Genotypen mit und ohne Bande ergab signifikante Unterschiede in den 64 analysierten Merkmalen (t-Test). Dabei konnten 875 signifikante Bandenausprägungen gefunden werden. Die höchste Anzahl mit über 40 wurden für den Blühbeginn und die Gehalte an den mehrfach ungesättigten Fettsäuren  $\gamma$ -Linolensäure und Stearidonsäure beobachtet. Diese Banden können als Marker für die jeweiligen Merkmale verwendet werden, da eine Korrelation zwischen Bande und Merkmal besteht.

*(Kreuzungspopulationen)* Hanfgenotypen mit extremen Merkmalsausprägungen für die Merkmale Blühbeginn, Fasergehalt, Ölgehalt sowie THC-/CBD-Gehalt wurden gekreuzt.

Der Blühbeginn der F<sub>1</sub>- und F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften der Kreuzung zwischen der früh blühenden slowakischen Genbankherkunft GB16 und der spät blühenden ungarischen Sorte 'Kompolti' lag im Bereich des Elters GB16. Dies deutet darauf hin, dass früher Blühbeginn weitgehend dominant vererbt wird. Die Ergebnisse verschiedener F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften, deren Eltern sich in ihren Faser- und Ölgehalten unterschieden, zeigten deutlich, dass Fasergehalt und Ölgehalt einem polygenen Erbgang unterliegen. Eine gezielte Selektion auf hohe Faser- und Ölgehalte ist möglich, da eine genetisch vererbare Variation vorliegt. Bei der Kreuzung zwischen weiblichen Nicht-Drogenpflanzen und männlichen Drogenpflanzen war die F<sub>1</sub>-Nachkommenschaft hinsichtlich des Chemotypes homogen vom intermediären Typ. Bei der Kreuzung von weiblichen Drogenpflanzen mit männlichen Nicht-Drogenpflanzen wurde eine in einem Verhältnis von 1:1 (Drogen-Typ : intermediärer Typ) spaltende F<sub>1</sub>-Nachkommenschaft beobachtet. Die durch Selbstung der F<sub>1</sub>-Nachkommenschaft entstandene F<sub>2</sub>-Nachkommenschaft erbrachte eine 1:2:1 Spaltung in Nicht-Drogen-Typ : intermediärer Typ : Drogen-Typ. Die Vererbung des Verhältnisses von THC zu CBD wird durch ein Gen bedingt, welches zwei Allele besitzt.

## 8 Summary

The genetic potential of today available hemp genotypes was evaluated with respect to important traits like fibre, oil and THC for modern breeding efforts. Progenies were created from crosses between selected hemp genotypes with clear differentiation in trait expression. These progenies were used to analyse the inheritance of the traits. The results will contribute to future selection programmes.

*(Differentiation of genotypes)* A hemp collection already available consisted of 35 hemp varieties, 24 gene bank accessions and 8 Hungarian crossing progenies. It was analysed in 2000 and 2001. The hemp genotypes differed significant in all agronomic and physiological traits. A wide variation in first bloom (between 52 and more than 100 days after sowing) and morphological traits like stem diameter, plant height and fresh weight could be detected.

The mean fibre contents of the hemp genotypes varied between 11.94% (drug hemp variety 'Skunk 1' in 2000) and 42.15% (Hungarian variety 'Kompolti' in 2001). The male plants of the gene bank accessions showed a slightly increased fibre content in comparison with the female plants. The heritability of fibre content was 0.91.

The average oil contents ranged from 26.25% (gene bank accession GB30 in 2001) to 37.67% (drug hemp variety 'Skunk 1' in 2000). The heritability was 0.53.

The mean contents of total tocopherols (vitamin E) varied between 14.14 and 33.80 mg/100g seed and 40.75 and 111.16 mg/100g oil. The dominant tocopherol in the hemp oil is the  $\gamma$ -tocopherol followed by  $\alpha$ -tocopherol,  $\delta$ -tocopherol, plastochromanol-8 and  $\beta$ -tocopherol. Mean contents of  $\gamma$ -tocopherol ranged from 12.58 to 29.40 mg/100g seed and from 36.21 to 96.37 mg/100g oil. The contents of the biological active  $\alpha$ -tocopherol varied between 0.78 and 3.09 mg/100g seed and 2.24 and 9.90 mg/100g oil. The proportions of  $\beta$ -tocopherol,  $\delta$ -tocopherol and plastochromanol-8 in hemp seeds and oil are low. Hemp oil is characterized by a high amount of polyunsaturated fatty acids with total means of 78.68 g/100g oil and 25.36 g/100g seed. The most important fatty acids in hemp oil are the essential fatty acids linoleic acid,  $\alpha$ - and  $\gamma$ -linolenic acids and the fourfold unsaturated stearidonic acid.

Three chemotypes (non-drug-type, intermediate type and drug-type) could be identified dependent on THC and CBD content. THC and CBD contents of the investigated genotypes were significantly different. On average the gene bank accessions GB36 and GB37 showed the highest THC contents (4.23 and 4.62%) followed by the drug hemp varieties. The highest CBD contents were found in the Italian varieties 'CS' and 'Carmagnola' with 2.71 and 2.61%, respectively. In some hemp genotypes no THC or CBD could be determined.

Hemp genotypes were grouped concerning origin, THC-content, and sex determination by means of cluster analyses based on the phenotypic traits first bloom, oil and fibre content, THC- and CBD content, plant height, fresh weight, and stem diameter. Tocopherol and fatty acid contents did not differ enough for successful classification.

Selected hemp genotypes were analysed with AFLP marker. A comparison of hemp genotypes with and without fragments resulted in significant differences by t-test for the 64 traits. At all 875 significant fragments could be detected. The highest number with more than 40 was found for first bloom and the contents of the polyunsaturated fatty acids  $\gamma$ -linolenic acid and stearidonic acid. These fragments can be used as marker-assisted selection because a correlation between fragment and trait exists.

(*Crossing progenies*) Hemp genotypes with extreme trait expressions for first bloom, fibre content, oil content and THC/CBD content were crossed.

First bloom of the  $F_1$  and  $F_2$  progenies from the cross between the early flowering Slovakian gene bank accession GB16 and the late flowering Hungarian variety 'Kompolti' was comparable to the parent GB16. This gives evidence for a dominant mode of inheritance for early flowering. The results from various  $F_2$  progenies between parents differing in fibre and oil content indicate a polygenic mode of inheritance useful for selection. The  $F_1$  progeny from the cross between female non-drug plants and male drug plants was homogenous intermediate. The  $F_1$  progeny from the cross between male non-drug plants and female drug plants showed a 1:1 (drug-type : intermediate type) segregation.  $F_2$  progenies were created by selfing of  $F_1$  individuals. There was a 1:2:1 segregation of non-drug- type : intermediate type : drug-type. The inheritance of the ratio between THC and CBD is determined by a single gene which shows two alleles.

## 9 Literaturverzeichnis

- ABRAHAMOV, A.; ABRAHAMOV, A.; MECHOULAM, R. (1995): An efficient new cannabinoid antiemetic in pediatric oncology. *Journal of the International Hemp Association* 2, 76-79.
- ADAM, L.; OBERDOERSTER, U.; SONNENSCHNEIN, M.; DÖPELHEUER, E.; SPRINGER, M.; OLCHEWSKI, B. (2000): Verbundvorhaben:  $\gamma$ -Linolensäure - Anbau, Ernte und Produktentwicklung. *UFOP-Schriften, Heft 14 Öl- und Faserpflanzen*, 233-237.
- ALGHANIM, H. J.; ALMIRALL, J. R. (2003): Development of microsatellite markers in *Cannabis sativa* for DNA typing and genetic relatedness analysis. *Anal Bioanal Chem* 376, 1225-1233.
- AOCS (American Oil Chemists` Society) (1993): Official Methods and Recommended Practices of the American Oil Chemists` Society, 4<sup>th</sup> edn., edited by D. Firestone, AOCS Press, Champaign.
- BACIGALUPO, M. A.; IUS, A.; MERONI, G.; GRASSI, G.; MOSCHELLA, A. (1999): Time-resolved fluoroimmunoassay for  $\Delta^9$ -Tetrahydrocannabinol as applied to early discrimination of *Cannabis sativa* plants. *Journal of Agriculture and Food Chemistry* 47, 2743-2745.
- BALZ, M.; SCHULTE, E.; THIER, H.-P. (1992): Trennung von Tocopherolen und Tocotrienolen durch HPLC. *Fat Science Technology* 94, 209-213.
- BARTHET, V. J.; DAUN, J. K. (2002): An Evaluation of Supercritical Fluid Extraction as an Analytical Tool to Determine Fat in Canola, Flax, Solin, and Mustard. *Journal of the American Oil Chemists` Society* 79, 245-251.
- BECU, D. M. S.; MASTEBROEK, H. D.; MARVIN, H. J. P. (1998): Breeding for root knot nematode resistance in hemp. *Proc. of bast fibrous plants today and tomorrow*, St. Petersburg, Russia, 149.
- BEUTLER, J. A.; DER MANDEROSIAN, A. H. (1978): Chemotaxonomy of *Cannabis* I. Crossbreeding between *Cannabis sativa* and *C. ruderalis* with analysis of cannabinoid content. *Econ. Bot.* 32, 387-394.
- BGBL I (1996): Zweites Gesetz zur Änderung des Betäubungsmittelgesetzes, 582-583.
- BICKEL-SANDKÖTTER, S. (2001): *Nutzpflanzen und ihre Inhaltsstoffe*. 1. Auflage. Quelle & Meyer Verlag, Wiebelsheim.
- BILCESCU, O. (1965): Beiträge zur Bestimmung des Fasergehaltes bei Massenuntersuchungen von Hanf bei der Züchtung auf Fasergehalt. *Zeitschrift für Pflanzenzüchtung* 54, 206-224.
- BIRKELBACH, M.; MÜLLER, U. (2001): Gesamtfettbestimmung in Lebensmitteln mit der SFE-Methode. *Labo* 5, 14-19.

- BLADE, S. F.; AMPONG-NYARKO, K.; PRZYBYLSKI, R. (2005): Fatty acid and tocopherol profiles of industrial hemp cultivars grown in the high latitude prairie region of Canada. *Journal of Industrial Hemp* 10, 33-43.
- BÓCSA, I. (1958): Beiträge zur Züchtung eines ungarischen monözischen Hanfes und zur Kenntnis der Inzuchterscheinungen beim Hanf (*Cannabis sativa* L.). *Zeitschrift für Pflanzenzüchtung* 39, 11-34.
- BÓCSA, I.; KARUS, M. (1997): Der Hanfanbau. Botanik, Sorten, Anbau und Ernte. 1. Auflage. C. F. Müller Verlag, Hüthig GmbH, Heidelberg.
- BÓCSA, I.; MÁTHÉ, P.; HANGYEL, L. (1997): Effect of nitrogen on tetrahydrocannabinol (THC) content in hemp (*Cannabis sativa* L.) leaves at different positions. *Journal of the International Hemp Association* 4, 80-81.
- BÓCSA, I. (2000): persönliche Mitteilung.
- BÓCSA, I. (2001): Hanfzüchtung - Ein Überblick, Möglichkeiten der weiteren Optimierung von Fasererträgen durch Hanfhybriden. Tagungsband des Innovationsforums Wertschöpfungsketten in der Naturstoffverarbeitung. 11. und 12. Dezember 2001 in Gardelegen, 83-92.
- BOESS, C.; PALAVINSKAS, R.; DUSEMUND, B.; GEBHARDT, G.; BLAAS, W. (2000): Bestimmung von Gesamt- $\Delta^9$ -Tetrahydrocannabinol in Hanföl. *Lebensmittelchemie* 54, 101-120.
- BONATTI, P. M.; FERRARI, C.; FOCHER, B.; GRIPPO, C.; TORRI, G.; COSENTINO, C. (2004): Histochemical and supramolecular studies in determining quality of hemp fibres for textile applications. *Euphytica* 140, 55-64.
- BOZAN, B.; TEMELLI, F. (2002): Supercritical CO<sub>2</sub> Extraction of Flaxseed. *Journal of the American Oil Chemists` Society* 79, 231-235.
- BRAUT-BOUCHER, F. (1986): Stabilité phénotypique et chimique de deux clones de *Cannabis sativa* L. sélectionnés et cultivés en phytotron. *Plantes médicinales et phytothérapie Tome XX*, 99-108.
- BREDEMANN, G. (1924): Beiträge zur Hanfzüchtung II: Auslese faserreicher Männchen zur Befruchtung durch Faserbestimmung an der lebenden Pflanze vor der Blüte. *Angewandte Botanik* 6, 348-360.
- BREDEMANN, G. (1942): Züchtung auf Fasergehalt bei Hanf (*Cannabis sativa* L.). *Der Züchter* 14, 201-213.
- BREDEMANN, G. (1952): Weitere Beobachtungen bei Züchtung des Hanfes auf Fasergehalt. *Der Züchter* 22, 257-269.

- BREDEMANN, G.; GARBER, K.; HUHNKE, W.; VON SENGBUSCH, R. (1961): Die Züchtung von monözischen und diözischen, faserertragreichen Hanfsorten Fbrimon und Fbridia. Zeitschrift für Pflanzenzüchtung 46, 235-245.
- BRENNEISEN, R.; KESSLER, T. (1987): Psychotrope Drogen: V. Die Variabilität der Cannabinoidführung von Cannabispflanzen aus Schweizer Kulturen in Abhängigkeit von genetischen und ökologischen Faktoren. Pharm. Acta Helv. 62, 134-139.
- BRÜHL, L.; MATTHÄUS, B. (1999): Extraction of oilseeds by SFE - a comparison with other methods for the determination of the oil content. Fresenius' Journal of Analytical Chemistry 364, 631-634.
- BUNDESSORTENAMT (1999): Anlage zur Anbauliste Hanf Ernte 1999. Richtlinie für die Durchführung von Wertprüfungen und Sortenversuchen mit Hanf zur Fasernutzung (Stand: März 1999).
- CALLAWAY, J. C.; LAAKKONEN, T. T. (1996): Cultivation of *Cannabis* oil seed varieties in Finland. Journal of the International Hemp Association 3, 32-34.
- CALLAWAY, J. C.; TENNILÄ, T.; PATE, D. W. (1997): Occurrence of „omega-3“ stearidonic acid (cis-9,6,12,15-octadecatetraenoic acid) in hemp (*Cannabis sativa* L.) seed. Journal of the International Hemp Association 3, 61-63.
- CALLAWAY, J. C. (2004): Hempseed as a nutritional resource: An overview. Euphytica 140, 65-72.
- CAPPELLETTO, P.; BRIZZI, M.; MONGARDINI, F.; BARBERI, B.; SANNIBALE, M.; NENCI, G.; POLI, M.; CORSI, G.; GRASSI, G.; PASINI, P. (2001): Italy-grown hemp: yield, composition and cannabinoid content. Industrial Crops and Products 13, 101-113.
- CLARKE, R. C.; PATE, D. W. (1994): Medical Marijuana. Journal of the International Hemp Association 1, 9-12.
- CLARKE, R. C. (1998): Hanf. Botanik, Anbau, Vermehrung und Züchtung. 2. Auflage. AT Verlag, Aarau, Schweiz.
- CLOUGH, P. (2001): Sources and production of speciality oils containing GLA and stearidonic acid. Lipid Technology 13, 9-12.
- COFFMAN, C. B.; GENTNER, W. A. (1975): Cannabinoid profile and elemental uptake of *Cannabis sativa* L. as influenced by soil characteristics. Agronomy Journal 67, 491-497.
- COFFMAN, C. B.; GENTNER, W. A. (1977): Responses of Greenhouse-grown *Cannabis sativa* L. to nitrogen, phosphorus and potassium. Agronomy Journal 69, 832-836.

- COYLE, H. M.; SHUTLER, G.; ABRAMS, S.; HANNIMAN, J.; NEYLON, S.; LADD, C.; PALMBACH, T.; LEE, H. C. (2003): A simple DNA extraction method for marijuana samples used in amplified fragment length polymorphism (AFLP) analysis. *Journal Forensic Science* 48, 343-347.
- CROMACK, H. T. H. (1998a): The effect of cultivar and seed density on the production and fibre content of *Cannabis sativa* in Southern England. *Industrial Crops and Products* 7, 205-210.
- CROMACK, H. T. H. (1998b): The effect of sowing date on the growth and production of *Lunaria annua* in Southern England. *Industrial Crops and Products* 7, 217-221.
- DEFERNE, J. L.; PATE, D. W. (1996): Hemp seed oil: a source of valuable essential fatty acids. *Journal of the International Hemp Association* 3, 1-6.
- DE JAGER, H. (2002): Oils and Fats in Life. *SÖFW-Journal* 128, 2-6.
- DE MEIJER, E. P. M., VAN SOEST, L. J. M. (1992): The CPRO *Cannabis* germplasm collection. *Euphytica* 62, 201-211.
- DE MEIJER, E. P. M.; VAN DER KAMP, H. J.; VAN EEUWIJK, F. A. (1992): Characterisation of *Cannabis* accessions with regard to cannabinoid content in relation to other plant characters. *Euphytica* 62, 187-200.
- DE MEIJER, E. P. M.; VAN DER WERF, H. M. G. (1994): Evaluation of current methods to estimate pulp yield of hemp. *Industrial Crops and Products* 2, 111-120.
- DE MEIJER, E. P. M. (1995): Fibre hemp cultivars: A survey of origin, ancestry, availability and brief agronomic characteristics. *Journal of the International Hemp Association* 2, 66-72.
- DE MEIJER, E. P. M.; KEIZER, L. C. P. (1996): Patterns of diversity in *Cannabis*. *Genetic Resources and Crop Evolution* 43, 41-52.
- DE MEIJER, E. P. M.; BAGATTA, M.; CARBONI, A.; CRUCITTI, P.; MOLITERNI, V. M. C.; RANALLI, P.; MANDOLINO, G. (2003): The Inheritance of Chemical Phenotype in *Cannabis sativa* L.. *Genetics* 163, 335-346.
- DEWEY, L. H. (1927): Hemp varieties of improved type are result of selection. *Yearbook of the Department of Agriculture U.S.A.*, 358-361.
- DGF (Deutsche Gesellschaft für Fettwissenschaft e. V.) (2001): Deutsche Einheitsmethoden zur Untersuchung von Fetten, Fettprodukten, Tensiden und verwandten Stoffen, Wissenschaftliche Verlagsgesellschaft mbH, Stuttgart.
- DIEDERICHSEN, A.; HAMMER, K. (1995): Variation of cultivated flax (*Linum usitatissimum* L. subsp. *usitatissimum*) and its wild progenitor pale flax (subsp. *angustifolium* (Huds.) Thell.). *Genetic Resources and Crop Evolution* 42, 263-272.

- DIEPENBROCK, W.; FISCHBECK, G.; HEYLAND, K. U.; KNAUER, N. (1999): Spezieller Pflanzenbau. 3. Auflage, Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart.
- DIEPENBROCK, W.; RENNEBAUM, H.; NAUMENKO, V.; FINZE, J.; JÄHN, A.; SCHENZEL, K.; GRIMM, E. (2002): Pflanzenfasern - natürliche Eigenschaften und Nutzung in Werkstoffen. Wissenschaftliche Beiträge 10. Hochschultagung der Landwirtschaftliche Fakultät der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Impulse aus der Wissenschaft für die landwirtschaftliche Praxis, 19. April 2002, ISBN 3-86010-642-2, 71-80.
- DOLDE, D.; VLAHAKIS, C.; HAZEBROEK, J. (1999): Tocopherols in breeding lines and effects of planting location, fatty acid composition and temperature during development. J. Am. Oil. Chem. Soc. 76, 349-355.
- ECKE, W.; UZUNOVA, M.; WEIBLEDER, K. (1995): Mapping the genome of rapeseed (*Brassica napus* L.). II. Localization of genes controlling erucic acid synthesis and seed oil content. Theor. Appl. Genet. 91, 972-977.
- FAETI, V.; MANDOLINO, G.; RANALLI, P. (1996): Genetic diversity of *Cannabis sativa* germplasm based on RAPD markers. Plant Breeding 115, 367-370.
- FETTERMANN, P. S.; KEITH, E. S.; WALLER, C. W.; GUERRERO, O.; DOORENBOS, N. J.; QUIMBY, M. W. (1971): Mississippi-grown *Cannabis sativa* L.: preliminary observation on chemical definition of phenotype and variations in tetrahydrocannabinol content versus age, sex, and plant part. Journal of Pharmaceutical Sciences 60, 1246-1249.
- FIELDSEND, A. F.; MORISON, J. I. L (2000): Climatic conditions during seed growth significantly influence oil content and quality in winter and spring evening primrose crops (*Oenothera* spp.). Industrial Crops and Products 12, 137-147.
- FLACHOWSKY, H.; SCHUMANN, E.; WEBER, W. E.; PEIL, A. (2001): Application of AFLP for the detection of sex specific markers in hemp (*Cannabis sativa* L.). Plant Breeding 120, 305-309.
- FLACHOWSKY, H. (2003): Erstellung einer genetischen Karte an Hanf (*Cannabis sativa* L.) mit molekularen Markern. Dissertation, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg.
- FORAPANI, S.; CARBONI, A.; PAOLETTI, C.; MOLITERNI, C. V. M.; RANALLI, P.; MANDOLINO, G. (2001): Comparison of hemp varieties using random amplified polymorphic DNA markers. Crop Science 41, 1682-1689.
- FOSFA (Federation of Oils, Seeds and Fats Association) (1998): International Method: Determination of Oil Content in Oilseeds - Solvent Extract (Reference Method).
- FOURNIER, G.; PARIS, M. R. (1979): Le chanvre papetier (*Cannabis sativa* L.) cultivé en France: Le point sur les constituants. Plant Med. Phytother. 13, 116-121.

- FOURNIER, G.; PARIS, M. R. (1980): Détermination de chemotypes à partir des cannabinoïdes chez le chanvre à fibres monoïque (*Cannabis sativa* L.). Possibilités de sélection. *Physiol. Veg.* 18, 349-356.
- FOURNIER, G. (1981): Les chemotypes du chanvre (*Cannabis sativa* L.). Intérêt pour un programme de sélection. *Agronomie* 1, 679-688.
- FOURNIER, G.; RICHEL-DUMANOIS, C.; DUVEZIN, J.; MATHIEU, J.-P.; PARIS, M. R. (1987): Identification of a new chemotype in *Cannabis sativa*: cannabigerol-dominant plants, biogenetic and agronomic prospects. *Plant Med.* 53, 277-280.
- FRANKE, W. (1997): *Nutzpflanzenkunde. Nutzbare Gewächse der gemäßigten Breiten, Subtropen und Tropen.* 6. Auflage, Georg Thieme Verlag Stuttgart, New York.
- GILMORE, S.; PEAKALI, R. (2003): Isolation of microsatellite markers in *Cannabis sativa* L. (marijuana). *Molecular Ecology Notes* 3, 105-107.
- GILMORE, S.; PEAKALI, R.; ROBERTSON, J. (2003): Short Tandem Repeat (STR) DNA markers are hypervariable and informative in *Cannabis sativa*: Implications for forensic investigations. *Forensic Science International* 131, 65-74.
- GOFFMANN, F. D.; MÖLLERS, C. (2000): Changes in tocopherol and plastochromanol-8 contents in seed and oil of oilseed rape (*Brassica napus* L.) during storage as influenced by temperature and air oxygen. *Journal Agric Food Chem* 48, 1605-1609.
- GOFFMANN, F. D.; BECKER, H. C. (2001): Diallel analysis for tocopherol contents in seeds of rapeseed. *Crop Science* 41, 1072-1079.
- GOFFMANN, F. D.; GALLETI, S. (2001): Gamma-linolenic acid and tocopherol contents in the seed oil of 47 accessions from several *Ribes* species. *Journal Agric Food Chem* 49, 349.
- GOFFMANN, F. D.; BECKER, H. C. (2002): Genetic variation of tocopherol content in a germplasm collection of *Brassica napus* L. *Euphytica* 125, 189-196.
- GRABOWSKA, L.; MANKOWSKA, G.; BARANIECKI, P. (2005a): Description of selected genotypes of *Cannabis sativa* L. stored in the INF Gene Bank. Proc. 11<sup>th</sup> International Conference for Renewable Resources and Plant Biotechnology, June 6-7, 2005, Poznan, Poland, auf CD.
- GRABOWSKA, L.; BURZYK, H.; BARANIECKI, P., TYMKOW, J. (2005b): Progress in maintenance breeding of Polish hemp cultivar Bialobrzeskie. Proc. 11<sup>th</sup> International Conference for Renewable Resources and Plant Biotechnology, June 6-7, 2005, Poznan, Poland, auf CD.
- GRASSI, G.; RANALLI, P. (1999): Detecting and Monitoring Plant THC Content: Innovative and Conventional Methods. In: Ranalli, P. (ed.): *Advances in Hemp Research.* The Haworth Press, Binghamton, NY, first edition, 43-60.

- GROTENHERMEN, F. (Hrsg.) (2001): Cannabis und Cannabinoide. Pharmakologie, Toxikologie und therapeutisches Potential. 1. Auflage, Verlag Hans Huber, Bern-Göttingen-Toronto-Seattle.
- HANEY, A., KUTSCHEID, B. B. (1973): Quantitative variation in the chemical constituents of marihuana from stands of naturalized *Cannabis sativa* L. in East-Central Illinois. *Economic Botany* 27, 193-203.
- HEMPHILL, J. K.; TURNER, J. C.; MAHLBERG, P. G. (1980): Cannabinoid content of individual plant organs from different geographical strains of *Cannabis sativa* L. (Cannabinaceae). *Journal of Natural Products* 43, 112-122.
- HENNINK, S. (1994): Optimisation of breeding for agronomic traits in fibre hemp (*Cannabis sativa* L.) by study of parent-offspring relationships. *Euphytica* 78, 69-76.
- HEUSER, O. (1924): Der deutsche Hanf. Bücherei der Faserforschung, Verlag S. Hirzel, Leipzig.
- HEYLAND, K.-U. (1996): Spezieller Pflanzenbau. 7. Auflage, Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart.
- HILLIG, K. W. (2005): Genetic evidence for speciation in *Cannabis* (Cannabaceae). *Genetic Resources and Crop Evolution* 52, 161-180
- HIRATA, K. (1928): Sex determination in hemp (*Cannabis sativa* L.). *Journal Genetics* 19, 65-79.
- HIRST, R. A.; LAMBERT, D. G.; NOTCUTT, W. G. (1998): Pharmacology and potential therapeutic uses of cannabis. *British Journal of Anaesthesia* 81, 77-84.
- HOBSON, R. N.; HEPWORTH, D. G.; BRUCE, D. M. (2001): Quality of Fibre Separated from unretted Hemp Stems by Decortication. *Journal Agriculture Engineering Research* 78, 153-158.
- HOF, L.; NIEBOER, I. G.; DOLSTRA O. (1999a): Heritability of oil content and the onset of flowering in a population of *Dimorphotheca pluvialis*. *Plant Breeding* 118, 63-69.
- HOF, L.; NIEBOER, I. G.; DOLSTRA O. (1999b): Response to mass selection and estimation of heritability for oil content in *Dimorphotheca pluvialis*. *Euphytica* 106, 111-116.
- HOFFMANN, W. (1941): Gleichzeitig reifender Hanf. *Der Züchter* 13, 277-283.
- HOFFMANN, W. (1961): Hanf, *Cannabis sativa* L. In: Kappert, H.; Rudolf, W. (eds.), *Handbuch der Pflanzenzüchtung*. Band 5, Verlag Paul Parey, Berlin, 204-261.
- HOFFMANN, W., MUDRA, A., PLARRE, W. (1985): Lehrbuch der Züchtung landwirtschaftlicher Kulturpflanzen, Band 2: Spezieller Teil, 2. Auflage, Verlag Paul Parey, Berlin und Hamburg, 344-349.
- HÖPPNER, F.; MENGE-HARTMANN, U. (1994): Anbau zur Stickstoffdüngung und Bestandesdichte von Faserhanf. *Landbauforschung Völkenrode* 44, 314-324.

- HÖPPNER, F.; MENGE-HARTMANN, U. (1996a): Organspezifische Entwicklung der  $\Delta$ -9-Tetrahydrocannabinol (THC)- und Cannabidiol (CBD)-Konzentration während der Vegetationsperiode zweier Faserhanfsorten. *Landbauforschung Völkenrode* 46, 55-64.
- HÖPPNER, F.; MENGE-HARTMANN, U. (1996b): Nachwachsende Rohstoffe: Hanf - alte Kulturpflanze mit neuen Chancen? Forschungsreport Ernährung Landwirtschaft Forsten, 2/1996, <http://www.verbraucherministerium.de/forschungsreport/rep2-96/hanf.htm>.
- HORKAY, E.; BÓCSA, I. (1997): Objective basis for evaluation of differences in fibre quality between male, female and monoecious hemp. *Journal of International Hemp Association* 3, 67-68.
- HUHNKE, W.; JORDAN, C.; NEUER, H.; VON SENGBUSCH, R. (1951): Grundlagen für die Züchtung eines monözischen Hanfes. *Zeitschrift für Pflanzenzüchtung* 29, 55-75.
- ISO (International Organization for Standardization) (1988): Oilseeds – Determination of Hexane Extract (or light petroleum extract) Called ‚Oil Content‘, ISO, Genève, Standard No. 659.
- ISO (International Organization for Standardization) (1998): Oilseeds Standard No. 5509, Preparation of methyl esters of fatty acids.
- IVONYI, I.; IZSOKIL, Z.; VAN DER WERF, H. M. G. (1997): Influence of nitrogen supply and P and K levels of the soil on dry matter and nutrient accumulation of fiber hemp (*Cannabis sativa* L.). *Journal of the International Hemp Association* 4, 84-88.
- JACOB, F.; JÄGER, E. J.; OHMANN, E. (1994): Botanik. 4. Auflage, Gustav Fischer Verlag, Jena.
- JAGADISH, V.; ROBERTSON, J.; GIBBS, A. (1996): RAPD analysis distinguishes *Cannabis sativa* samples from different sources. *Forensic Science International* 79, 113-121.
- JAHREIS, G., HILLER, S. (2002): Physiologische Wirkungen von Pflanzenölen in der menschlichen Ernährung. OIL 2002, 2. Symposium Öl- und Faserpflanzen, 7.–8.10.2002, Jena/Thüringen. Kurzfassungen der Vorträge und Poster, 20.
- KAMAL-ELDIN, A.; APPELQVIST, L.-Å. (1996): The Chemistry and Antioxidant Properties of Tocopherols and Tocotrienols. *Lipids* 31, 671-701.
- KARUS, M.; Vogt, D. (2004): European hemp industry: Cultivation, processing and product lines. *Euphytica* 140, 7-12.
- KELLER, A.; LEUPIN, M.; MEDIAVILLA, V; WINTERMANTEL, E. (2001): Influence of the growth stage of industrial hemp on chemical and physical properties of the fibres. *Industrial Crops and Products* 13, 35-48.
- KERSCHBAUM, S.; SCHWEIGER, P. (2001): Einfluß von Temperatur und Lagerung auf die Zusammensetzung von Hanf-, Borretsch- und Weizenkeimöl. *SÖFW-Journal* 127, 2-7.

- KIM, E.-S.; MAHLBERG, P. G. (1997): Immunochemical localization of Tetrahydrocannabinol (THC) in cryofixed glandular trichomes of *Cannabis* (*Cannabaceae*). *American Journal of Botany* 84, 336-342.
- KLEIN, H. (1999a): Erfahrungen aus den Untersuchungen von Nahrungsfetten und -ölen aus dem Handel. Teil 1. *Ernährung/Nutrition* 23, 452-460.
- KLEIN, H. (1999b): Erfahrungen aus den Untersuchungen von Nahrungsfetten und -ölen aus dem Handel. Teil 2. *Ernährung/Nutrition* 23, 496-504.
- KLEIN, H. (1999c): Erfahrungen aus den Untersuchungen von Nahrungsfetten und -ölen aus dem Handel. Teil 3. *Ernährung/Nutrition* 24, 9-18.
- KLEIN, M. (2003): Differenzierung von Hanfgenotypen mittels AFLP. Diplomarbeit, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Landwirtschaftliche Fakultät, Institut für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz.
- KÖHLER, D. (1961): Ein Beitrag zur Physiologie und Genetik der Geschlechtsausprägung von *Cannabis sativa* L. *Planta* 56, 150-173.
- KÖRBER-GROHNE, U. (1994): Nutzpflanzen in Deutschland. Kulturgeschichte und Biologie. 3. Auflage, Konrad Theiss Verlag, Stuttgart.
- KOJOMA, M.; IIDA, O.; MAKINO, Y.; SEKITA, S.; SATAKE, M. (2002): DNA fingerprinting of *Cannabis sativa* using Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR) amplification. *Planta Medicine* 68, 60-63.
- KREJCI, Z. (1970): Changes with maturation in the amounts of biologically interesting substances of *Cannabis*. In: Joyce, C. R. B.; Curry, S. H. (eds.), *The Botany & Chemistry of Cannabis*, J. & A. Churchill-London, 49-55.
- KRIESE, U.; SCHUMANN, E.; WEBER, W. E.; BEYER, M.; BRÜHL, L.; MATTHÄUS, B. (2004): Oil content, tocopherol composition and fatty acid patterns of the seeds of 51 *Cannabis sativa* L. genotypes. *Euphytica* 137, 339-351.
- KUHN, M.; JATSCH, C.; VON BUTTLAR, H. B.; SLANSKY, I. (1997): Neue Untersuchungen zur Nährstoffzusammensetzung von cannabinolarmen Hanfsamen (*Cannabis sativa* L.). *Agribiological Research* 50, 26-31.
- KUTUZOVA, S.; RUMYANTSEVA, L.; GRIGORYEV, S.; CLARKE, R. C. (1997): Maintenance of *Cannabis* germplasm in the Vavilov Research Institute Gene Bank – 1996. *Journal of the International Hemp Association* 4, 17-21.
- LINACRE, A.; THORPE, J. (1998): Detection and identification of *Cannabis* by DNA. *Forensic Science International* 91, 71-76.
- LISSON, S. N.; MENDHAM, N. J.; CARBERRY, P. S. (2000a): Development of a hemp (*Cannabis sativa* L.) simulation model. 1. General introduction and the effect of temperature on the

- pre-emergent development of hemp. *Australian Journal of Experimental Agriculture* 40, 405-411.
- LISSEON, S. N.; MENDHAM, N. J.; CARBERRY, P. S. (2000b): Development of a hemp (*Cannabis sativa* L.) simulation model. 2. The flowering response of two hemp cultivars to photoperiod. *Australian Journal of Experimental Agriculture* 40, 413-417.
- LISSEON, S. N.; MENDHAM, N. J.; CARBERRY, P. S. (2000c): Development of a hemp (*Cannabis sativa* L.) simulation model. 3. The effect of plant density on leaf appearance, expansion and senescence. *Australian Journal of Experimental Agriculture* 40, 419-423.
- LUCCHESI, C.; VENTURI, G.; AMADUCCI, M. T.; LOVATO, A. (2001): Electrophoretic polymorphism of *Cannabis sativa* L. cultivars: characterisation and geographical classification. *Seed Science and Technology* 29, 239-248.
- MANDOLINO, G.; CARBONI, A.; FORAPANI, S.; FAETI, V.; RANALLI, P. (1999): Identification of DNA markers linked to the male sex in dioecious hemp (*Cannabis sativa* L.). *Theor. Appl. Genet.* 98, 86-92.
- MANDOLINO, G.; CARBONI, A.; BAGATTA, M.; MOLITERNI, V. M. C.; RANALLI, P. (2002): Occurrence and frequency of putatively Y chromosome linked DNA markers in *Cannabis sativa* L.. *Euphytica* 126, 211-218.
- MANDOLINO, G.; BAGATTA, M.; CARBONI, A.; RANALLI, P.; DE MEIJER, E. P. M. (2003): Qualitative and quantitative aspects of the inheritance of chemical phenotype in *Cannabis*. *Journal Industrial Hemp* 8, 51-72.
- MANDOLINO, G.; CARBONI, A. (2004): Potential of marker-assisted selection in hemp genetic improvement. *Euphytica* 140, 107-120.
- MARQUARD, R. (1976): Der Einfluß von Sorte und Standort sowie einzelner definierter Klimafaktoren auf den Tocopherolgehalt im Rapsöl. *Fette, Seifen, Anstrichmittel* 78, 341-346.
- MARQUARD, R. (1990): Untersuchungen über den Einfluß von Sorte und Standort auf den Tocopherolgehalt verschiedener Pflanzenöle. *Fat. Sci. Technol.* 92, 452-455.
- MARWEDE, V.; SCHIERHOLT, A.; MÖLLERS, C.; BECKER, H. C. (2004): Genotype × environment interactions and heritability of tocopherol contents in canola. *Crop Science* 44, 728-731.
- MATHIEU, J.-P. (1980): Chanvre (hemp). *Techniques Agricoles* 5, 1-10.
- MATTHÄUS, B.; BRÜHL, L.; KRIESE, U.; SCHUMANN, E.; PEIL, A. (2002): Hanföl: Ein „Highlight“ für die Küche? Forschungsreport Verbraucherschutz-Ernährungs-Landwirtschaft 2, 22-25.

- MATTHÄUS, B.; SCHUMANN, E.; BRÜHL, L.; KRIESE, U. (2005): Hempseed oil – influence of the genotype on the composition in a two-year study. *Journal of Industrial Hemp* 10, 45-65.
- MCPARTLAND, J.; CLARKE, R. C.; WATSON, D. P. (2000): *Hemp diseases and pests*. Wellingford, UK, CAB International.
- MECHTLER, K.; BAILER, J.; DE HUEBER, K. (2004): Variations of  $\Delta^9$ -THC content in single plants of hemp varieties. *Industrial Crops and Products* 19, 19-24.
- MEDIAVILLA, V.; BRENNEISEN, R. (1996): THC-Gehalt von Industriehanf-Sorten. *Mitteilungen der Gesellschaft für Pflanzenbauwissenschaften* 9, 243-244.
- MEDIAVILLA, V.; JONQUERA, M.; SCHMID-SLEMBROUCK, I.; SOLDATI, A. (1998): Decimal code for growth stages of hemp (*Cannabis sativa* L.). *Journal of the International Hemp Association* 5, 67-72.
- MEDIAVILLA, V.; BASSETTI, P.; LEUPIN, M. (1999): Agronomic characteristics of some hemp genotypes. *Journal of the International Hemp Association* 6, 47-53.
- MEDIAVILLA, V.; LEUPIN, M.; KELLER, A. (2001): Influence of growth stage of industrial hemp on the yield formation in relation to certain fibre quality traits. *Industrial Crops and Products* 13, 49-56.
- MEIER, C.; MEDIAVILLA, V. (1998): Factors influencing the yield and the quality of hemp (*Cannabis sativa* L.) essential oil. *Journal of the International Hemp Association* 5, 16-20.
- MENGE-HARTMANN, U.; HÖPPNER, F. (1995): Einfluß variierter Anbaubedingungen auf die Faserausbildung zweier Hanffasensorten. *Landbauforschung Völkenrode* 45, 168-176.
- MENGE-HARTMANN, U.; HÖPPNER, F. (1996): BrakteentricHOME und ihre Beziehung zum Cannabinoidgehalt zweier Faserhanfsorten. *Landbauforschung Völkenrode* 46, 49-54.
- MIRANDA, Z. F. S.; ARIAS, C. A. A.; DE TOLEDO, J. F. F.; DE OLIVEIRA, M. F. (1998): Soybean seed oil content: genetic control under different photoperiods. *Genet. Mol. Biol.* 21 (3), ISSN 1415-4757.
- MÖLLEKEN, H.; HUSMANN, H. (1997): Cannabinoids in seed extracts of *Cannabis sativa* cultivars. *Journal of the International Hemp Association* 4, 75-79.
- MÖLLEKEN, H.; THEIMER, R. R. (1997): Survey of minor fatty acids in *Cannabis sativa* L. fruits of various origins. *Journal of the International Hemp Association* 4, 13-17.
- MÖLLEKEN, H. (1999): Hanf (*Cannabis sativa*) als Novel Food. *BIOforum Forschung und Entwicklung*. Sonderdruck, GIT Verlag, Darmstadt.

- MÖLLEKEN, H.; THEIMER, R. R. (2000): Quality of hemp fruits and hemp oil in relation to the maturity of the fruits. Tagungsband 3. Intern. Symposium Biorohstoff Hanf & andere Faserpflanzen, 13.-16.9.2000, Wolfsburg, auf CD.
- MOLITERNI, V. M. C.; CATTIVELLI, L.; RANALLI, R.; MANDOLINO, G. (2004): The sexual differentiation of *Cannabis sativa* L.: A morphological and molecular study. *Euphytica* 140, 95-106.
- MÜNzing, K.; ZWINGELBERG, H.; WEßLER, C. (1999): Untersuchungen zur Aufbereitung von Speisehanfsamen. *Getreide Mehl und Brot* 53, 180-186.
- MÜSSIG, J.; MARTENS, R. (1998): Rohstoffbereitstellung und Faserqualitäten von Hanf. In: Forumprogramm der Fachausstellung „Nachwachsende Rohstoffe“ auf der Innovationsmesse Leipzig, 03.-06. November 1998. Gesamtausgabe Januar 1999. Umweltinstitut Leipzig e. V., 73-81.
- MURARI, G.; LOMBARDI, S.; PUCCINI, A. M.; DE SANCTIS, R. (1983): Influence of environmental conditions on tetrahydrocannabinol (delta 9 THC) in different cultivars of *Cannabis sativa* L. *Fitoterapia* 54, 195-202.
- NEUER, H.; VON SENGBUSCH, R. (1943): Die Geschlechtsvererbung bei Hanf und die Züchtung eines monözischen Hanfes. *Der Züchter* 15, 49-62.
- NEUER, H.; PRIEGER, E.; VON SENGBUSCH, R. (1946): Hanfzüchtung - Die Steigerung des Faserertrages von Hanf. *Der Züchter* 17/18, 33-39.
- NOVA-INSTITUT (2002): Nachwachsende Rohstoffe, Statistiken und Grafiken. Das Internet-Dienstleistungszentrum für die Naturfaserwirtschaft und nachwachsende Rohstoffe. [www.nova-institut.de](http://www.nova-institut.de)
- NTSYS: NTSYSpc. Version 2.02J. Copyright (C) 1986-1998. Applied Biostatistics Inc., all rights reserved worldwide.
- OLEJNIK, D.; GOGOLEWSKI, M.; NOGALA-KALUCKA, M. (1997): Isolation and some properties of plastochromanol-8. *Nahrung/Nutrition* 41, 101-104.
- OOMAH, B. D.; BUSSON, M.; GODFREY, D. V.; DROVER, J. C. G. (2002): Characteristics of hemp (*Cannabis sativa* L.) seed oil. *Food Chemistry* 76, 33-43.
- PARIS, M.; BOUCHER, F.; COSSON, L. (1975): The constituents of *Cannabis sativa* pollen. *Economic Botany* 29, 245-253.
- PATE, D. W. (1994): Chemical ecology of Cannabis. *Journal of the International Hemp Association* 1, 31-37.

- PATE, D. W. (1999): The phytochemistry of *Cannabis*: its ecological and evolutionary implications. In: Ranalli, P. (ed.): Advances in Hemp Research. The Haworth Press, Binghamton, NY, 21-42.
- PERTWEE, R. G. (2004): Pharmacological therapeutic targets for  $\Delta^9$ -tetrahydrocannabinol and cannabidiol. *Euphytica* 140, 73-82.
- PETRI, G.; OROSZLAN, P.; FRIDVALSZKY, L. (1988): Histochemical detection of hemp trichomes and their correlation with the THC content. *Acta Biologica Hungarica* 39, 59-74.
- PRZYTYK, S. (1999): 'FIN-314' in Canada. *Journal of the International Hemp Association* 6, 22-24.
- QUIMBY, M. W.; DOORENBOS, N. J.; TURNER, C. E.; MASOUD, A. (1973): Mississippi-Grown Marihuana - *Cannabis sativa* Cultivation and Observes Morphological Variations. *Economic Botany* 27, 117-127.
- R DEVELOPMENT CORE TEAM (2005): A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, ISBN 3-900051-07-0, <http://www.R-project.org>
- RANALLI, P. (2004): Current status and future scenarios of hemp breeding. *Euphytica* 140, 121-131.
- RANALLI, P.; VENTURI, G. (2004): Hemp as a raw material for industrial applications. *Euphytica* 140, 1-6.
- RASIG, M.; SEITH, B.; SCHWEIGER, P. (1999): Extraction of oils of hemp seed and analysis of the content of fatty acids in hemp oil. *SÖFW- Journal* 125, 16-18.
- RATH, L. (1967): Heterosisversuche mit Hanf. *Technische Textilien* 10, 247-260.
- RIEDEL, M. (2000): Zytologische und molekularbiologische Untersuchungen beim Hanf. Diplomarbeit, Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, Landwirtschaftlichen Fakultät, Institut für Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz.
- RODE, J.; IN-CHOL, K.; SAAL, B.; FLACHOWSKY, H.; KRIESE, U.; WEBER, W. E. (2005): Sex-linked SSR marker in hemp. *Plant Breeding* 124, 167-170.
- ROTH, L.; KORMANN, K. (2000): Ölpflanzen – Pflanzenöle: Fette, Wachse, Fettsäuren, Botanik, Inhaltsstoffe, Analytik. 1. Auflage, ecomed Verlagsgesellschaft Landsberg/Lech.
- RUSTICHELLI, C.; FERIOLO, V.; BARALDI, M.; ZANOLI, P.; GAMBERINI, G. (1998) Analysis of Cannabinoids in Fiber Hemp Plant Varieties (*Cannabis sativa* L.) by High Performance Liquid Chromatography. *Chromatographia* 47, 215-222.
- SAKAMOTO, K.; SHIMOMURA, K.; KOMEDA, Y.; KAMADA, H.; SATOH, A. S. (1995): A male-associated DNA sequence in a dioecious plant, *Cannabis sativa* L. *Plant Cell Physiology* 36, 1549-1554.

- SAKAMOTO, K.; AKIYAMA, Y.; FUKUI, K.; KAMADA, H.; SATOH, A. S. (1998): Characterization, Genom Size and Morphology of Sex Chromosomes in Hemp (*Cannabis sativa* L.). *Cytologia* 63, 459-464.
- SAKAMOTO, K.; OHMIDO, N.; FUKUI, K.; KAMADA, H.; SATOH, A. S. (2000): Site-specific accumulation of a LINE-like retrotransposon in a sex chromosome of the dioecious plant *Cannabis sativa* L. *Plant Mol. Bio.* 44, 723-732.
- SANKARI, H. S. (2000): Comparison of bast fibre yield and mechanical fibre properties of hemp (*Cannabis sativa* L.) cultivars. *Industrial Crops and Products* 11, 73-84.
- SAS: Version 6.12, SAS Institute Inc., Cary, N. C., USA.
- SCHEIFELE, G. (1999): 1998 Ontario studies in determining the genetic stability, environment and latitude effect on the level of delta-9-THC for industrial hemp varieties. Kemptville College/University of Guelph, Thunder Bay, Ontario.
- SCHILLING, G. (2000): *Pflanzenernährung und Düngung*. 1. Auflage, Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart.
- SCHULTZ, G. (1990): Biosynthesis of  $\alpha$ -Tocopherol in chloroplasts of higher plants. *Fat Sci. Technol.* 92, 86-90.
- SCHUMANN, E., WEBER, W. E. (1997): Biorohstoff Hanf - I. Wiederentdeckung einer alten Kulturpflanze. *Kühn-Archiv* 91, 47-58.
- SCHUMANN, E.; PEIL, A.; WEBER, W. E. (1999): Preliminary results of a German field trial with different hemp (*Cannabis sativa* L.) accessions. *Genetic Resources and Crop Evolution* 46, 399-407.
- SCHWEDT, G. (1999): *Taschenatlas der Lebensmittelchemie*. 1. Auflage, Georg Thieme Verlag, Stuttgart - New York.
- SCHWEIGER, P. (1998): Untersuchungen zum Gehalt an delta-9-Tetrahydrocannabinol (THC) in verschiedenen Hanfsorten.  
[http://www.infodienst-mlr.bwl.de/la/lap/neuekult/faserpfl/thc\\_faser.htm](http://www.infodienst-mlr.bwl.de/la/lap/neuekult/faserpfl/thc_faser.htm)
- SHIROTA, O.; WATANABE, A.; YAMAZAKI, M.; SAITO, K.; SHIBANO, K.; SEKITA, S.; SATAKE, M. (1998): Random Amplified Polymorphic DNA and Restriction Fragment Length Polymorphism analyses of *Cannabis sativa*. *Natural Medicines* 52, 160-166.
- SHOYAMA, Y.; YAGI, M.; NISHIOKA, I. (1974): Biosynthesis of cannabinoid acids. *Phytochemistry* 14, 2189-2192.
- SINISCALCO GIGLIANO, G. (1999): Preliminary data of the usefulness of internal transcribed spacer I (IST1) sequence in *Cannabis sativa* L. identification. *Journal Forensic Sciences* 44, 475-477.

- SITNIK, V. P. (1995): Changes in yield characteristics among various seed generations of hemp variety USO-14. *Journal of the International Hemp Association* 2, 79-82.
- SITTE, P.; ZIEGLER, H.; EHRENDORFER, F.; BRESINSKY, A. (1991): *Strasburger - Lehrbuch der Botanik*. 33. Auflage, Gustav Fischer Verlag, Stuttgart - Jena - New York.
- SMALL, E.; BECKSTEAD, H. D. (1973): Common cannabinoid phenotypes in 350 stocks of *Cannabis*. *Lloydia* 36, 144-165.
- SMALL, E.; CHAN, A. (1975): The evolution of cannabinoid phenotypes in *Cannabis*. *Econ. Bot.* 29, 219-232.
- SPSS: SPSS for Windows, Student Version Release 7.5 (1989-1996). SPSS Inc., Chicago, Illinois, USA.
- STAUFFER, C. E. (1996): *Fats and Oils*. 1. Auflage, American Association of Cereal Chemists' Inc., Eagan Press Handbook Series, St. Paul, Minnesota, USA.
- STOTT, C. G.; GUY, G. W. (2004): Cannabinoids for the pharmaceutical industry. *Euphytica* 140, 83-93.
- STRUIK, P. C.; AMADUCCI, S.; BULLARD, M. J.; STUTTERHEIM, N. C.; VENTURI, G.; CROMACK, H. T. H. (2000): Agronomy of fibre hemp. *Industrial Crops and Products* 11, 107-118.
- SYTNIK, V. P.; STELMAH, A. F. (1999): The character of inheritance of differences in cannabinoid content in hemp (*Cannabis sativa* L.). *Journal of the International Hemp Association* 6, 8-9.
- TAMBURINI, E.; LEON, A. G.; PERITO, B.; DI CANDILO, M.; MASTROMEI, G. (2004): Exploitation of bacterial pectinolytic strains for improvement of hemp water retting. *Euphytica* 140, 47-54.
- TAURA, F.; MORIMOTO, S.; SHOYAMA, Y. (1995): First direct evidence for the mechanism of delta-1-tetrahydrocannabinolic acid biosynthesis. *J. Am. Chem. Soc.* 38, 9766-9767.
- Taura, F.; MORIMOTO, S.; SHOYAMA, Y. (1996): Purification and characterization of cannabidiolic-acid synthase from *Cannabis sativa* L. Biochemical analysis of a novel enzyme that catalyzes the oxidocyclization of cannabigerolic acid to cannabidiolic acid. *J. Biol. Chem.* 271, 17411-17416.
- TAURA, F.; MORIMOTO, S.; SHOYAMA, Y. (2000): Biosynthesis of marijuana compounds-purification and characterization of biosynthetic enzymes. *Current Topics in Plant Biology* 2, 63-73.
- TOONEN, M. A.; MALIEPAARD, C.; REUMERS, T. H.; VAN DER VOET, H.; MASTEBROEK, H. D.; VAN DEN BROECK, H. C.; EBSKAMP, M. J. M.; KESSLER, W.; KESSLER, R. W. (2004): Predicting the chemical composition of fibre and core fraction of hemp (*Cannabis sativa* L.). *Euphytica* 140, 39-45.

- TÖRJÉK, O.; BUCHERNA, N.; KISS, E.; HOMOKI, H. (2002): Novel male-specific molecular markers (MADC5, MAD6) in hemp. *Euphytica* 127, 209-218.
- TURNER, C. E.; HADLEY, K.; FETTERMAN, P. S. (1973): Constituents of *Cannabis sativa* L. VI: Propyl homologs in samples of known geographical origin. *Journal of Pharmaceutical Sciences* 62, 1739-1741.
- TURNER, J. C.; HEMPHILL, J. K.; MAHLBERG, P. G. (1978): Cannabinoid composition and gland distribution in clones of *Cannabis sativa* L. (*Cannabaceae*). *Bulletin on Narcotics* 30, 55-65.
- UTZ, H. F. (2002): PLABSTAT-Software to analyse plant breeding experiments. Institute of Plant Breeding, Seed Science and Population Genetics, University Hohenheim.
- VAN DER WERF, H. M. G. (1994): Crop physiology of fibre hemp (*Cannabis sativa* L.). Dissertation, Universität Wageningen.
- VAN DER WERF, H. M. G.; HAASKEN, H. J.; WIJLHUIZEN, M. (1994a): The effect of daylength on yield and quality of fibre hemp (*Cannabis sativa* L.). *European Journal of Agronomy* 3, 117-123.
- VAN DER WERF, H. M. G.; HARSVELD VAN DER VEEN, J. E.; BOUMA, A. T. M., TEN CATE, M. (1994b): Quality of fibre hemp (*Cannabis sativa* L.) stems as a raw material for paper. *Industrial Crops and Products* 2, 219-227.
- VAN DER WERF, H. M. G.; BROUWER, K.; WIJLHUIZEN, M.; WITHAGEN, J. C. M. (1995a): The effect of temperature on leaf appearance and Canopy establishment in fibre hemp (*Cannabis sativa* L.). *Annals of Applied Biology* 126, 551-561.
- VAN DER WERF, H. M. G.; WIJLHUIZEN, M.; DE SCHUTTER, J. A. A. (1995b): Plant density and self-thinning affect yield and quality of fibre hemp (*Cannabis sativa* L.). *Field Crops Research* 40, 153-164.
- VAN DER WERF, H. M. G. (2004): Life Cycle Analysis of field production of fibre hemp, the effect of production practices on environmental impacts. *Euphytica* 140, 13-23.
- VELASCO, L.; MÖLLERS, C.; BECKER, H. C. (1999): Estimation of seed weight, oil content and fatty acid composition in intact single seeds of rapeseed (*Brassica napus* L.) by near-infrared reflectance spectroscopy. *Euphytica* 106, 79-85.
- VIROVETS, V. G. (1996): Selection for non-psychoactive hemp varieties (*Cannabis sativa* L.) in the CIS (former USSR). *Journal of the International Hemp Association* 3, 13-15.
- VOLLHARDT, K. P. C. (1990): Organische Chemie. 1. korrigierter Nachdruck der 1. Auflage, VCH Verlagsgesellschaft mbH, Weinheim.

- VON SENGBUSCH, R. (1952): Ein weiterer Beitrag zur Vererbung des Geschlechts bei Hanf als Grundlage für die Züchtung eines monözischen Hanfes. Zeitschrift für Pflanzenzüchtung, 31, 319-338.
- VROMANS, J. (2006): Molecular genetic studies in flax (*Linum usitatissimum* L.) Dissertation, Universität Wageningen.
- WATSON, D. P.; CLARKE, R. C. (1997): Genetic future of hemp. Journal of the International Hemp Association 4, 32-36.
- WEIBLEDER, K. (1996): Genetische Kartierung von Loci für züchterisch bedeutsame Merkmale beim Winterraps (*Brassica napus* L.). Dissertation, Fachbereich Agrarwissenschaften, Georg-August-Universität Göttingen.
- WHO & FAO Joint Expert Consultation Report (1995): Fats and oils in human nutrition. Nutrition Review 53, 202-205.
- WIELGUS, K.; PLAWUSZEWSKI, M. (2005): RAPD analysis of Polish cultivars of monoecious hemp (*Cannabis sativa* L.). Proc. 11<sup>th</sup> International Conference for Renewable Resources and Plant Biotechnology, June 6-7, 2005, Poznan, Poland, auf CD.
- ZEVEN, A. C.; DE WET, J. M. J. (1982): Dictionary of cultivated plants and their regions of diversity. 2. Auflage: Centre for Agricultural Publication and Documentation, Wageningen, Niederlande.
- ZOLLER, O.; RHYN, P.; ZIMMERLI, B. (2000): High performance liquid chromatographic determination of  $\Delta^9$ -tetrahydrocannabinol and the corresponding acid in hemp containing foods with special regard to the fluorescence properties of  $\Delta^9$ -tetrahydrocannabinol. Journal of Chromatography A - 872, 101-110

## 10 Abbildungsverzeichnis

- Abbildung 1** 7  
Hanfnarbe, bestäubt mit Hanfpollen der Drogenhanfsorte ‘Northern Light’ (A) und Hanfpollenkörner der Genbankherkunft GB16 (B)
- Abbildung 2** 17  
Drüsenzellen (A) und einzelne Drüsenzelle (B) auf den Hüllblättern einer weiblichen Hanfpflanze der Sorte ‘Skunk 1’
- Abbildung 3** 31  
Hanfkreuzungen im Gewächshaus in Isolierkabinen (die männliche Hanfpflanze ist durch einen gelben Kreis gekennzeichnet)
- Abbildung 4** 33  
Hanfkreuzungen im Freiland: (A) Stützgestelle aus Eisen, (B) Isolierhülle aus Baumwolle, (C) Isolierhülle aus Schlauchfolie (Polyethylen)
- Abbildung 5** 36  
Fasergehalt in Abhängigkeit von der Anzahl der Durchläufe durch den Flachsbrecher. Mittelwertvergleiche wurden mit dem Tukey-Test ( $p = 0,05$ ) durchgeführt. Genbankherkunft GB29, Saison 2000,  $n = 12$ , Fehlerbalken = Standardabweichung
- Abbildung 6** 41  
(A) Pore des Gewebestoffes im Vergleich zum Hanfpollen, (B) Durchwuchs der Hanfpflanzen durch die Isolationsmaterialien
- Abbildung 7** 43  
Blühbeginn von 48 Hanfgenotypen (ohne ungarische Kreuzungspopulationen) in den Versuchsjahren 2000 und 2001 (in Tagen nach der Aussaat)
- Abbildung 8** 44  
Blühbeginn (in Tagen nach Aussaat) der Kreuzungseltern GB16 und ‘Kompolti’ sowie der F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften (Saison 2001, (A)) und der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften (Saison 2002, (B))
- Abbildung 9** 47  
Pflanzenlänge (cm) der F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften, gruppiert in Kreuzungen mit ‘Kompolti’ als Elter und in Kreuzungen ohne ‘Kompolti’ als Elter, sowie ‘Kompolti’ und der acht ungarischen Kreuzungspopulationen (dargestellt in folgender Reihenfolge von rechts nach links: P51, P52, P53, P54, P56, P57, P59, P60) im Versuchsjahr 2000 (Daten von P56 aus Versuchsjahr 2001)
- Abbildung 10** 48  
Mittlerer Fasergehalt (% der Trockenmasse) von 47 zweijährig (2000, 2001) geprüften Hanfgenotypen
- Abbildung 11** 51  
Mittlerer Fasergehalt (%) in den Jahren 2000 und 2001 (A) 6 diözische und 21 monözische (inklusive der vier französischen Hybridpopulationen) Faserhanfsorten, (B) männliche und weibliche Pflanzen der diözischen Sorten separat dargestellt, (C) männliche und weibliche Pflanzen der 21 Genbankakzessionen

- Abbildung 12** **51**  
Mittlerer Fasergehalt (in % der Trockenmasse) der selbst erstellten F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften im Versuchsjahr 2000, gruppiert nach Kreuzungen mit und ohne den Elter 'Kompolti' sowie Fasergehaltswerte von 'Kompolti' (Daten aus 2000 und 2001)
- Abbildung 13** **52**  
Mittlerer Fasergehalt (in % Trockenmasse) der Kreuzungseltern GB16 und 'Kompolti' sowie der F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften 00/09 (kein Signifikanztest, da nur 2 Werte vorliegen) und 00/10, der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften 00/43 und 00/48 (aus 00/10) sowie 00/49 und 00/50 (aus 00/09), Boxplots mit gleichen Buchstaben sind nach dem Student Newman Keuls Test (p = 0,05) nicht unterschiedlich
- Abbildung 14** **53**  
Mittlerer Fasergehalt (% der Trockenmasse) der Kreuzungseltern 'Kompolti' und 'Skunk 1' sowie der F<sub>1</sub>-Generationen (K x S: 00/18, 00/19, 00/32, 00/34; S x K: 00/35, 00/36) und der F<sub>2</sub>-Generationen aus 'Skunk 1' x 'Kompolti' (00/75, 00/78), Boxplots mit gleichem Buchstaben sind nach dem Student Newman Keuls Test (p = 0,05) nicht unterschiedlich
- Abbildung 15** **56**  
Ölgehalt (%) von 51 in beiden Versuchsjahren (2000, 2001) angebauten Hanfgenotypen
- Abbildung 16** **57**  
Häufigkeitsverteilung des Ölgehaltes (%) von 51 in beiden Versuchsjahren (2000, 2001) analysierten Hanfgenotypen
- Abbildung 17** **57**  
Ölgehalte (%) der diözischen und monözischen Hanfgenotypen in den Versuchsjahren 2000 und 2001 (**A**) und über beide Versuchsjahre gepoolt (**B**)
- Abbildung 18** **61**  
Ölgehalte (%) der Kreuzungseltern 'Skunk 1' und 'Kompolti' und der F<sub>1</sub>- (00/36) sowie F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften (00/75, 00/78), Boxplots mit gleichem Buchstaben sind nach dem Student Newman Keuls Test (p = 0,05) nicht unterschiedlich
- Abbildung 19** **62**  
Häufigkeitsverteilungen der Ölgehalte der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften 00/75 und 00/78 im Versuchsjahr 2001
- Abbildung 20** **62**  
Ölgehalte (%) der Kreuzungseltern 'Kompolti' und GB16 und der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften 00/43, 00/48, 00/49 und 00/50 (keine Untersuchung der F<sub>1</sub> auf Grund von geringem Materialumfang)
- Abbildung 21** **63**  
Gesamttocopherolgehalt ((**A**): in mg/100g Samen; (**B**): in mg/100g Öl der 51 in beiden Versuchsjahren untersuchten Hanfgenotypen
- Abbildung 22** **73**  
Induktionszeit (h) der 11 kaltgepressten Hanföle in einem von insgesamt zwei Durchläufen bei einer Leitfähigkeit von 47,6 µS/cm

- Abbildung 23** **74**  
 (A) THC- und CBD-Gehalte (% der TM, Mittelwerte über alle Versuchsjahre) von 65 Hanfgenotypen. Rot gekennzeichnet ist die zur Zeit in der EU gültige Höchstgrenze an THC von 0,2%. Werte in Klammern geben die jeweilige Anzahl der Hanfgenotypen an (B) Frequenzverteilung des log-transformierten THC/CBD-Verhältnisses von allen 1005 untersuchten Hanfpflanzen verschiedener Sorten und Kreuzungen
- Abbildung 24** **76**  
 THC- bzw. CBD-Verteilung (% der TM) in oberirdischen Teilen einer weiblichen Hanfpflanze der Genbankabstammungen GB22 (A) und GB36 (B)
- Abbildung 25** **78**  
 CBD- und THC-Gehalte der F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften im Versuchsjahr 2000
- Abbildung 26** **80**  
 Beziehung zwischen den CBD- und THC-Gehalten der F<sub>1</sub>-Nachkommenschaft 00/36 (A) und der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften 00/75 (B) und 00/78 (C)
- Abbildung 27** **80**  
 Beziehung zwischen CBD- und THC-Gehalt der F<sub>3</sub>-Nachkommenschaften 00/86-00/89 (Versuchsjahr 2002)
- Abbildung 28** **82**  
 Dendrogramme der Merkmale Blühbeginn, Öl- und Fasergehalt, THC- und CBD-Gehalt, Pflanzenlänge, Frischgewicht sowie Stängeldurchmesser (A), der Tocopherolgehalte (B) und der Fettsäuregehalte (C) geclustert nach der Ward-Methode. Auf der y-Achse ist die euklidische Distanz aufgetragen. Den einzelnen Genotypen wurden Zahlen zugeordnet (siehe Legende). Monözische Herkünfte sind fett markiert; Erläuterungen der Farben siehe Legende und Text
- Abbildung 29** **85**  
 Multipler Scatterplot der Merkmale Blühbeginn, Öl- und Fasergehalt, THC- und CBD-Gehalt, Pflanzenlänge, Frischgewicht sowie Stängeldurchmesser ermittelt durch eine modellbasierte Clusteranalyse. 4 Gruppen sind zu erkennen, Symbole siehe **Tabelle 30** für eine Gruppenzuordnung
- Abbildung 30** **87**  
 Dendrogramm von 40 Hanfgenotypen (Bulks aus 5 Einzelpflanzen), Banden aus 16 Primer-Kombinationen, Distanzmaß: Dice, UPGMA in NTSYS. Monözische Herkünfte sind fett markiert; Bedeutung der Farben sind der Legende aus der **Abbildung 28** zu entnehmen
- Abbildung 31** **92**  
 Boxplots der definierten Gruppen aus dem Dice-Dendrogramm für die Merkmale Blühbeginn (in x Tagen nach Aussaat) (A), Öl- (B) und Fasergehalt (C) (% der TM), THC- (D) und CBD-Gehalt (E) (% der TM), Pflanzenlänge (cm) (F), Frischgewicht (g) (G) sowie Stängeldurchmesser (mm) (H)
- Abbildung 32** **110**  
 Biosyntheseweg von CBC (Cannabichrom), THC (Delta-9-Tetrahydrocannabinol) und CBD (Cannabidiol) über CBG (Cannabigerol). Für jeden Syntheseweg ist das Enzym aufgeführt (wenn bekannt). Zusätzlich wird der angenommene Status der codominanten Allele am B-Locus aufgezeigt (Quelle: MANDOLINO und CARBONI 2004)

**Verzeichnis der Abbildungen im Anhang**

<b>Abbildung A1</b>	<b>146</b>
Verteilung der im Hanföl vorkommenden Tocopherole (HPLC-Chromatograph)	
<b>Abbildung A2</b>	<b>188</b>
THC- und CBD-Gehalte (% der TM) ausgewählter Hanfformen in verschiedenen Versuchsjahren. Die Bereiche der drei Chemotypen sind entsprechend gekennzeichnet	
<b>Abbildung A3</b>	<b>189</b>
THC- und CBD-Gehalte (% der TM) der Eltern GB16 und 'Kompolti' sowie deren F <sub>2</sub> -Nachkommenschaften 00/43, 00/48, 00/49 und 00/50	
<b>Abbildung A4</b>	<b>190</b>
Multipler Scatterplot für die einzelnen Tocopherolfractionen ermittelt durch eine modellbasierte Clusteranalyse. 5 Gruppen sind zu erkennen, Symbole siehe <b>Tabelle 31</b> für eine Gruppenzuordnung	

## 11 Tabellenverzeichnis

<b>Tabelle 1</b>	<b>19</b>
Klassifizierung der Hanfchemotypen (verändert nach DE MEJIER et al. 1992)	
<b>Tabelle 2</b>	<b>26</b>
Formenkreise des Hanfes (in Anlehnung an BÓCSA und KARUS 1997)	
<b>Tabelle 3</b>	<b>29</b>
In den Versuchsjahren 2000 und 2001 angebaute Hanfgenotypen	
<b>Tabelle 4</b>	<b>31</b>
Kenndaten der Witterung in den Versuchsjahren (Wetterstation in Seeben)	
<b>Tabelle 5</b>	<b>32</b>
Im Winter/Frühjahr 1999/2000 erstellte F <sub>1</sub> -Kreuzungsnachkommenschaften (00/01-00/37) aus den Kreuzungen verschiedener Hanfgenotypen (Angaben in Klammern entsprechen der vegetativen Kennung der jeweiligen Einzelpflanzen)	
<b>Tabelle 6</b>	<b>33</b>
Pärchenkreuzungen in den F <sub>1</sub> -Kreuzungsnachkommenschaften	
<b>Tabelle 7</b>	<b>34</b>
Pärchenkreuzungen in den F <sub>2</sub> -Kreuzungsnachkommenschaften	
<b>Tabelle 8</b>	<b>43</b>
Mittlerer Blühbeginn der 59 Hanfgenotypen und 8 ungarischen Kreuzungspopulationen in den Jahren 2000 und 2001, eingeteilt in 13 Klassen	
<b>Tabelle 9</b>	<b>44</b>
Blühbeginn (in x Tagen nach Aussaat) der Eltern (P <sub>1</sub> und P <sub>2</sub> ) in der Saison 2000 und 2001 sowie der F <sub>1</sub> - (2000) und der F <sub>2</sub> -Nachkommenschaften (2001). 10% der männlichen Pflanzen wiesen zum angegebenen Termin offene Blüten auf	
<b>Tabelle 10</b>	<b>46</b>
Deskriptive Statistik der morphologischen Merkmale von 48 untersuchten Hanfgenotypen im Versuchsjahr 2000	
<b>Tabelle 11</b>	<b>47</b>
Korrelationen zwischen den morphologischen Merkmalen der 56 untersuchten Hanfgenotypen in der Saison 2000	
<b>Tabelle 12</b>	<b>49</b>
Deskriptive Statistik des Fasergehaltes (%) von 53 untersuchten Hanfgenotypen und den ungarischen Kreuzungspopulationen in den Jahren 2000 und 2001	
<b>Tabelle 13</b>	<b>54</b>
Fasergehalt (%) der Kreuzungseltern 'Kompolti' und GB16 (gemittelt über zwei Versuchsjahre) und 'Skunk 1' in der Saison 2000 sowie der F <sub>1</sub> -Nachkommenschaften (00/09, 00/10, 00/18, 00/19, 00/32, 00/35 und 00/36) im Jahr 2000 und der F <sub>2</sub> -Nachkommenschaften (00/43, 00/48, 00/49, 00/50, 00/75 und 00/78) im Jahr 2001	
<b>Tabelle 14</b>	<b>55</b>
Fasergehalte (% der TM) der F <sub>3</sub> -Nachkommenschaften	

<b>Tabelle 15</b>	<b>58</b>
Ölgehalt (%) von insgesamt 66 Hanfgenotypen (inkl. ungarischer Kreuzungspopulationen) in den Versuchsjahren 2000 (60) und 2001 (57) und über beide Versuchsjahre gemittelt (Mittelwert und Standardabweichung)	
<b>Tabelle 16</b>	<b>60</b>
Ölgehalt (%) der F <sub>1</sub> -Nachkommenschaften im Versuchsjahr 2000	
<b>Tabelle 17</b>	<b>60</b>
Ölgehalt (%) der F <sub>2</sub> -Nachkommenschaften (00/43 – 00/50: Eltern ‘Kompolti’ und GB16; 00/75 – 00/78: Eltern ‘Kompolti’ und ‘Skunk 1’) im Versuchsjahr 2001	
<b>Tabelle 18</b>	<b>61</b>
Ölgehalt (%) der Kreuzungseltern (gemittelt über beide Versuchsjahre), der F <sub>1</sub> -Nachkommenschaft 00/36 und der F <sub>2</sub> -Nachkommenschaften 00/43, 00/48, 00/49, 00/50, 00/75 und 00/78 (Versuchsjahr 2001)	
<b>Tabelle 19</b>	<b>65</b>
Gehalte an Tocopherolen und P-8 in mg/100g Öl und in mg/100g Samen der in den Jahren 2000 und 2001 untersuchten Hanfgenotypen	
<b>Tabelle 20</b>	<b>67</b>
Ermittelte Heritabilitäten der einzelnen Tocopherolfractionen (mg/100g Samen) (Versuchsjahre 2000 und 2001)	
<b>Tabelle 21</b>	<b>67</b>
Korrelationen zwischen den Tocopherolfractionen inklusive Plastochromanol-8 (P-8) (mg/100g Samen) und dem Ölgehalt (% der TM) von 51 Hanfgenotypen in den Jahren 2000 und 2001	
<b>Tabelle 22</b>	<b>69</b>
Deskriptive Statistik ausgewählter Fettsäuregehalte der 51 untersuchten Hanfgenotypen in den Versuchsjahren 2000 und 2001 in mg/100g Öl und in mg/100g Samen	
<b>Tabelle 23</b>	<b>70</b>
Heritabilitäten der untersuchten Fettsäuren (mg/100g Samen) in den Versuchsjahren 2000 und 2001	
<b>Tabelle 24</b>	<b>71</b>
Pearson Korrelationskoeffizient für die Beziehung zwischen den antioxidativen Inhaltsstoffen (mg/100g Samen) und den Fettsäuregehalten (g/100g Samen) von 51 zweijährig untersuchten Hanfgenotypen	
<b>Tabelle 25</b>	<b>72</b>
Mittlere Induktionzeit, Summe der einfach (MUFA) und mehrfach (PUFA) ungesättigten Fettsäuren sowie die Gesamttocopherolgehalte (mg/100g Öl) von 11 kaltgepressten Hanfölen im Vergleich zu einem handelsüblichen Hanföl	
<b>Tabelle 26</b>	<b>75</b>
THC/CDB-Quotient (% der TM) der untersuchten Hanfgenotypen über alle Jahre	
<b>Tabelle 27</b>	<b>77</b>
Deskriptive Statistik der THC- und der CBD-Gehalte (in % der TM) der F <sub>1</sub> -Nachkommenschaften	

<b>Tabelle 28</b>	<b>79</b>
Deskriptive Statistik der THC- und der CBD-Gehalte (% der TM) der F <sub>2</sub> -Nachkommenschaften im Versuchsjahr 2001	
<b>Tabelle 29</b>	<b>80</b>
Deskriptive Statistik der THC- und der CBD-Gehalte (in % der TM) der F <sub>3</sub> -Nachkommenschaften (Versuchsjahr 2002)	
<b>Tabelle 30</b>	<b>83</b>
Gruppierung der Hanfgenotypen nach ihren phänotypischen Merkmalen Blühbeginn, Öl- und Fasergehalt, THC- und CBD-Gehalt, Pflanzenlänge, Frischgewicht sowie Stängeldurchmesser mit Hilfe einer modellbasierten Clusteranalyse	
<b>Tabelle 31</b>	<b>84</b>
Gruppierung der Hanfgenotypen nach ihren Tocopherolgehalten mit Hilfe einer modellbasierten Clusteranalyse	
<b>Tabelle 32</b>	<b>88</b>
Anzahl signifikanter Bandenausprägungen an ausgewählten Merkmalen	
<b>Tabelle 33</b>	<b>89</b>
Zweiseitige 95%ige Tukey-Konfidenzintervalle sowie adjustierte p-Werte und Mittelwertdifferenzen der Merkmale Blühbeginn, Öl- und Fasergehalt, THC- und CBD-Gehalt, Pflanzenlänge, Frischgewicht sowie Stängeldurchmesser (SDM) (Versuchsjahre 2000 und 2001) der definierten Gruppen aus <b>Abbildung 30</b>	
<b>Tabelle 34</b>	<b>103</b>
Ölgehalt (%) und $\gamma$ -Linolensäuregehalt (%) ausgewählter Pflanzenarten (verändert nach CLOUGH (2001))	
<b>Tabelle 35</b>	<b>104</b>
Vergleich Samenerträge, Ölerträge und $\gamma$ -Linolensäurerträge (kg/ha) von Borretsch, Nachtkerze und Hanf	

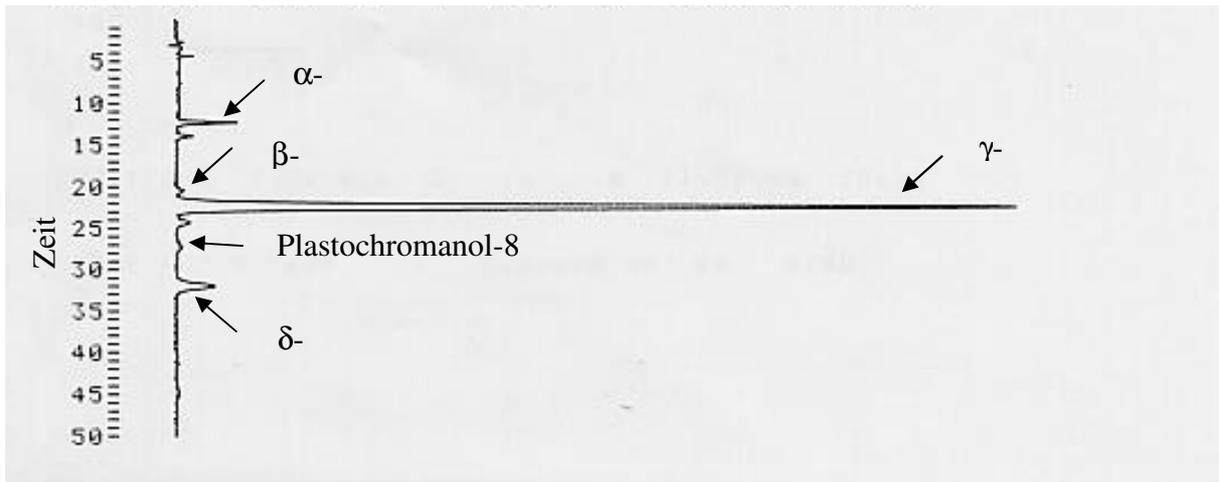
### Verzeichnis der Tabellen im Anhang

<b>Tabelle A1</b>	<b>147</b>
Gruppierung von 56 Hanfgenotypen (28 Sorten, 20 Genbankakzessionen, 8 ungarische Kreuzungspopulationen) hinsichtlich Pflanzenlänge (cm) im Versuchsjahr 2000	
<b>Tabelle A2</b>	<b>149</b>
Gruppierung von 56 Hanfgenotypen (28 Sorten, 20 Genbankakzessionen, 8 ungarische Kreuzungspopulationen) hinsichtlich Frischgewicht (g) im Versuchsjahr 2000	
<b>Tabelle A3</b>	<b>151</b>
Gruppierung von 56 Hanfgenotypen (28 Sorten, 20 Genbankakzessionen, 8 ungarische Kreuzungspopulationen) hinsichtlich Stängeldurchmesser (mm) im Versuchsjahr 2000	
<b>Tabelle A4</b>	<b>153</b>
Gruppierung von 56 Hanfgenotypen (28 Sorten, 20 Genbankakzessionen, 8 ungarische Kreuzungspopulationen) hinsichtlich Blattstellungswechsel (Anzahl Nodium) im Versuchsjahr 2000	
<b>Tabelle A5</b>	<b>155</b>
Deskriptive Statistik der morphologischen Merkmale von 32 untersuchten F <sub>1</sub> -Nachkommenschaften (00/01 – 00/37), ‘Kompolti’ und den 8 ungarischen Kreuzungspopulationen (P51 – P60) im Versuchsjahr 2000	
<b>Tabelle A6</b>	<b>157</b>
Mittelwertvergleiche (LSD) hinsichtlich Pflanzenlänge der F <sub>1</sub> -Nachkommenschaften, gruppiert in Kreuzungen mit ‘Kompolti’ als Elter und ohne ‘Kompolti’ als Elter, der Sorte ‘Kompolti’ (Werte aus 2000 und 2001) sowie der acht ungarischen Kreuzungspopulationen (P51-P60)	
<b>Tabelle A7</b>	<b>158</b>
Gruppierung von 61 Hanfgenotypen (32 Sorten, 21 Genbankakzessionen, 8 ungarische Kreuzungspopulationen) hinsichtlich Fasergehalt (% der TM) der Versuchsjahre 2000 und 2001	
<b>Tabelle A8</b>	<b>160</b>
Deskriptive Statistik des Fasergehaltes (% der TM) von 32 untersuchten F <sub>1</sub> -Nachkommenschaften (00/01 – 00/37), ‘Kompolti’ und den 8 ungarischen Kreuzungspopulationen (P51 – P60) im Versuchsjahr 2000	
<b>Tabelle A9</b>	<b>161</b>
Mittelwertvergleiche (LSD) hinsichtlich Fasergehalt (% der TM) der F <sub>1</sub> -Nachkommenschaften, gruppiert in Kreuzungen mit ‘Kompolti’ als Elter und ohne ‘Kompolti’ als Elter, der Sorte ‘Kompolti’ (Versuchsjahre 2000 und 2001) sowie der acht ungarischen Kreuzungspopulationen (P51-P60)	
<b>Tabelle A10</b>	<b>162</b>
Mittelwertvergleiche (LSD) hinsichtlich Fasergehalt (% der TM) der F <sub>3</sub> -Nachkommenschaften (Werte aus 2002)	

<b>Tabelle A11</b>	<b>163</b>
Gehalte an Tocopherolen und P-8 in mg/100g Öl und in mg/100g Samen der im Jahr 2000 angebauten F <sub>1</sub> - Populationen (Öl verschiedener Pflanzen wurde für die Analyse gepoolt) sowie der verwendeten Eltern (Mittelwerte über beide Versuchsjahre, wenn Daten für 2000 und 2001 vorliegen, ansonsten einjährige Angabe)	
<b>Tabelle A12</b>	<b>164</b>
Gehalte an Tocopherolen und P-8 in mg/100g Öl und in mg/100g Samen der im Jahr 2001 angebauten F <sub>2</sub> - Populationen ((00/43 – 00/50: Eltern ‘Kompolti’ und GB16; 00/75 und 00/78: Eltern ‘Kompolti’ und ‘Skunk 1’)	
<b>Tabelle A13</b>	<b>165</b>
Mittelwertvergleiche (LSD) der verschiedenen Tocopherolfractionen (mg/100g Öl) der F <sub>2</sub> -Nachkommenschaften (Werte aus 2001)	
<b>Tabelle A14</b>	<b>167</b>
Mittelwertvergleiche (LSD) der verschiedenen Tocopherolfractionen (mg/100g Samen) der F <sub>2</sub> -Nachkommenschaften (Werte aus 2001)	
<b>Tabelle A15</b>	<b>169</b>
Fettsäurezusammensetzung (g/100g Öl) von 60 Hanfgenotypen in der Saison 2000	
<b>Tabelle A16</b>	<b>171</b>
Fettsäurezusammensetzung (g/100g Öl) von 57 Hanfgenotypen im Versuchsjahr 2001	
<b>Tabelle A17</b>	<b>173</b>
Fettsäurezusammensetzung (g/100g Samen) von 60 Hanfgenotypen im Versuchsjahr 2000	
<b>Tabelle A18</b>	<b>175</b>
Fettsäurezusammensetzung (g/100g Samen) von 57 Hanfgenotypen im Versuchsjahr 2001	
<b>Tabelle A19</b>	<b>177</b>
Fettsäurezusammensetzung (in g/100g Öl und in g/100g Samen) der F <sub>1</sub> -Nachkommenschaften im Versuchsjahr 2000	
<b>Tabelle A20</b>	<b>178</b>
Fettsäurezusammensetzung (in g/100g Öl und in g/100g Samen) der F <sub>2</sub> -Nachkommenschaften im Versuchsjahr 2001	
<b>Tabelle A21</b>	<b>181</b>
Mittelwertvergleiche (LSD) von vier Fettsäuren (mg/100g Öl) der F <sub>2</sub> -Nachkommenschaften (Werte aus 2001)	
<b>Tabelle A22</b>	<b>182</b>
Mittelwertvergleiche (LSD) von vier Fettsäuren (mg/100g Samen) der F <sub>2</sub> -Nachkommenschaften (Werte aus 2001)	
<b>Tabelle A23</b>	<b>183</b>
CBD-Gehalt (% der TM) der untersuchten Hanfgenotypen über alle Jahre	
<b>Tabelle A24</b>	<b>184</b>
THC-Gehalt (% der TM) der untersuchten Hanfgenotypen über alle Jahre	
<b>Tabelle A25</b>	<b>185</b>
Gruppierung aller THC/CBD-Quotienten über alle Versuchsjahre	

<b>Tabelle A26</b>	<b>186</b>
Gruppierung aller THC-Werte in % der TM über alle Versuchsjahre	
<b>Tabelle A27</b>	<b>187</b>
Gruppierung aller CBD-Werte in % der TM über alle Versuchsjahre	
<b>Tabelle A28</b>	<b>191</b>
Vergleich der mit den durch die AFLP-Untersuchung detektierten Bandenausprägungen mit den phänotypischen Merkmalen, aufgeführt sind die Bandennummern (Zeilen), die 64 phänotypischen Merkmale (Spalten) sowie die signifikanten p-Werte des t-Testes	

## 12 Anhang



**Abbildung A1:** Verteilung der im Hanföl vorkommenden Tocopherole (HPLC-Chromatograph)

**Tabelle A1:** Gruppierung von 56 Hanfgenotypen (28 Sorten, 20 Genbankakzessionen, 8 ungarische Kreuzungspopulationen) hinsichtlich Pflanzenlänge (cm) im Versuchsjahr 2000

Genotyp	Länge (cm) <sup>a</sup>	Signifikanz <sup>b</sup>
Uniko-B	314,89	A
Helvetica	291,16	A
Kompolti	263,03	B
P51	256,46	B C
P52	251,14	B C D
GB29	241,12	B C D E
GB15	238,87	B C D E
P54	238,16	B C D E F
P53	236,79	B C D E F G
P56	235,97	B C D E F G
Fibrimon 56	232,91	B C D E F G H
Ramo	230,82	B C D E F G H
Lipko	225,87	B C D E F G H I
GB23	223,58	B C D E F G H I J
P59	222,13	B C D E F G H I J K
GB20	220,85	B C D E F G H I J K L
Fédora 17	220,70	B C D E F G H I J K L
P60	219,95	B C D E F G H I J K L
GB22	219,82	B C D E F G H I J K L
GB26	214,92	C D E F G H I J K L M
Lovrin 110	213,41	C D E F G H I J K L M
GB17	212,96	C D E F G H I J K L M
FxT	212,96	C D E F G H I J K L M
Epsilon 68	208,69	C D E F G H I J K L M
GB34	206,96	D E F G H I J K L M N
Fédrina 74	205,93	D E F G H I J K L M N
GB33	203,42	D E F G H I J K L M N
GB21	202,18	E F G H I J K L M N
Futura	200,45	E F G H I J K L M N
Félina 34	196,43	E F G H I J K L M N O
P57	196,03	E F G H I J K L M N O
Zolo.-11 <sup>5</sup>	193,65	E F G H I J K L M N O P
GB28	191,67	E F G H I J K L M N O P
Bialo. <sup>1</sup>	188,78	F G H I J K L M N O P
GB24	187,79	G H I J K L M N O P
Fibrimon	184,99	H I J K L M N O P Q
Fédora 19	181,52	I J K L M N O P Q
Uso 14	180,85	I J K L M N O P Q
Beniko	179,97	I J K L M N O P Q
Glu.-46 <sup>4</sup>	179,58	I J K L M N O P Q
D. o. 14 <sup>2</sup>	177,85	I J K L M N O P Q
Uso 31	174,60	J K L M N O P Q
GB30	172,89	K L M N O P Q
GB37	171,24	L M N O P Q
GB35	170,78	L M N O P Q
GB27	169,17	M N O P Q
Férimon	168,97	M N O P Q
GB32	168,45	M N O P Q
GB31	167,55	M N O P Q
Glu.-33 <sup>3</sup>	165,43	M N O P Q
Glera	158,92	N O P Q
Fasamo	158,21	N O P Q

**Fortsetzung Tabelle A1:** Gruppierung von 56 Hanfgenotypen (28 Sorten, 20 Genbankakzessionen, 8 ungarische Kreuzungspopulationen) hinsichtlich Pflanzenlänge (cm) im Versuchsjahr 2000

Genotyp	Länge (cm) <sup>a</sup>	Signifikanz <sup>b</sup>
GB16	148,98	O P Q
GB36	147,91	O P Q
Juso 31	146,18	P Q
Juso 14	137,77	Q

<sup>1</sup> Bialobrezeskie

<sup>2</sup> Dneprovskaya odnodomnaya 14

<sup>3</sup> Gluchivski-33

<sup>4</sup> Gluchivski-46

<sup>5</sup> Zolotonoshskaya-11

<sup>a</sup>Mittelwert

<sup>b</sup>Mittelwerte mit gleichem Buchstaben sind nach dem Student Newman Keuls Test ( $p = 0,05$ ) nicht unterschiedlich

**Tabelle A2:** Gruppierung von 56 Hanfgenotypen (28 Sorten, 20 Genbankakzessionen, 8 ungarische Kreuzungspopulationen) hinsichtlich Frischgewicht (g) im Versuchsjahr 2000

Genotyp	Frischgewicht <sup>a</sup> (g)	Signifikanz <sup>b</sup>
Uniko-B	1038,56	A
Fibrimon 56	460,12	B
GB17	400,24	B C
GB23	377,29	B C D
GB15	359,53	B C D E
P53	350,62	B C D E F
P51	340,89	B C D E F G
Helvetica	332,21	B C D E F G H
P59	320,43	B C D E F G H I
GB36	298,23	B C D E F G H I J
GB33	259,41	C D E F G H I J
Ramo	258,94	C D E F G H I J
GB21	245,38	C D E F G H I J
P60	242,11	C D E F G H I J
Kompolti	241,83	C D E F G H I J
GB34	239,98	C D E F G H I J
Fibrimon	234,10	C D E F G H I J
P56	228,05	C D E F G H I J
GB20	227,97	C D E F G H I J
P52	221,44	C D E F G H I J
Félinea	210,29	C D E F G H I J
GB29	206,06	C D E F G H I J
Fédrina 74	205,00	C D E F G H I J
Lipko	200,21	C D E F G H I J
FxT	200,01	C D E F G H I J
Futura	196,80	C D E F G H I J
Epsilon 68	196,74	C D E F G H I J
GB37	196,42	C D E F G H I J
GB31	192,31	C D E F G H I J
GB28	190,63	C D E F G H I J
Fédora 17	189,30	C D E F G H I J
P54	187,26	C D E F G H I J
GB35	186,27	C D E F G H I J
Lovrin 110	185,07	C D E F G H I J
GB26	184,78	C D E F G H I J
GB32	183,90	C D E F G H I J
Zolo.-11 <sup>5</sup>	182,30	C D E F G H I J
GB22	179,29	C D E F G H I J
Bialo. <sup>1</sup>	176,35	C D E F G H I J
GB24	158,80	D E F G H I J
Glu.-33 <sup>3</sup>	156,31	D E F G H I J
Glu.-46 <sup>4</sup>	154,34	D E F G H I J
P57	152,53	D E F G H I J
Uso 14	151,00	D E F G H I J
Beniko	149,03	D E F G H I J
Fédora 19	144,54	D E F G H I J
D. o. 14 <sup>2</sup>	144,14	D E F G H I J
GB30	141,38	D E F G H I J
Férimon	123,54	E F G H I J
GB27	109,71	F G H I J
Uso 31	105,06	F G H I J
Fasamo	100,53	G H I J

**Fortsetzung Tabelle A2:** Gruppierung von 56 Hanfgenotypen (28 Sorten, 20 Genbankakzessionen, 8 ungarische Kreuzungspopulationen) hinsichtlich Frischgewicht (g) im Versuchsjahr 2000

Genotyp	Frischgewicht <sup>a</sup> (g)	Signifikanz <sup>b</sup>
Glera	99,34	G H I J
Juso 14	88,98	H I J
Juso 31	77,99	I J
GB16	65,66	J

<sup>1</sup> Bialobrezeskie

<sup>2</sup> Dneprovskaya odnodomnaya 14

<sup>3</sup> Gluchivski-33

<sup>4</sup> Gluchivski-46

<sup>5</sup> Zolotonoshskaya-11

<sup>a</sup>Mittelwert

<sup>b</sup>Mittelwerte mit gleichem Buchstaben sind nach dem Student Newman Keuls Test ( $p = 0,05$ ) nicht unterschiedlich

**Tabelle A3:** Gruppierung von 56 Hanfgenotypen (28 Sorten, 20 Genbankakzessionen, 8 ungarische Kreuzungspopulationen) hinsichtlich Stängeldurchmesser (mm) im Versuchsjahr 2000

Genotyp	SDM <sup>a</sup> (g)	Signifikanz <sup>b</sup>
Uniko-B	29,83	A
P60	19,55	B
GB34	17,02	B C
Fibrimon 56	16,98	B C
Helvetica	16,76	B C
GB17	16,04	B C
GB23	15,36	B C
P51	14,90	B C
P53	14,73	B C
Kompolti	14,46	B C
GB15	14,15	B C
Ramo	13,87	B C
GB33	13,74	B C
P59	13,29	B C
Fédrina 17	13,21	B C
GB32	12,83	B C
GB20	12,74	B C
GB36	12,56	B C
P56	12,34	B C
P52	12,31	B C
GB26	12,29	B C
P54	12,14	B C
Lipko	12,12	B C
GB29	12,09	B C
GB21	12,05	B C
GB37	11,97	B C
GB31	11,94	B C
Fédora 74	11,76	B C
Epsilon 68	11,70	B C
FxT	11,68	B C
GB22	11,54	B C
Zolo.-11 <sup>5</sup>	11,41	B C
Futura	11,40	B C
Fibrimon	11,07	B C
Félina 34	11,03	B C
Lovrin 110	10,96	B C
GB30	10,77	B C
GB24	10,52	B C
GB28	10,46	B C
Glu.-46 <sup>4</sup>	10,45	B C
Bialo. <sup>1</sup>	10,28	B C
P57	10,14	B C
Glu.-33 <sup>3</sup>	10,09	B C
D. o. 14 <sup>2</sup>	10,08	B C
Uso 14	9,93	B C
GB35	9,89	B C
Beniko	9,72	B C
Fédora 19	9,56	B C
Férimon	9,36	B C

**Tabelle A3:** Gruppierung von 56 Hanfgenotypen (28 Sorten, 20 Genbankakzessionen, 8 ungarische Kreuzungspopulationen) hinsichtlich Stängeldurchmesser (mm) im Versuchsjahr 2000

Genotyp	SDM <sup>a</sup> (g)	Signifikanz <sup>b</sup>
GB27	9,31	B C
Uso 31	9,19	B C
Fasamo	8,90	B C
Glera	8,70	B C
Juso 14	8,49	C
GB16	8,30	C
Juso 31	8,13	C

<sup>1</sup> Bialobrezeskie

<sup>2</sup> Dneprovskaya odnodomnaya 14

<sup>3</sup> Gluchivski-33

<sup>4</sup> Gluchivski-46

<sup>5</sup> Zolotonoshskaya-11

<sup>a</sup>Mittelwert

<sup>b</sup>Mittelwerte mit gleichem Buchstaben sind nach dem Student Newman Keuls Test ( $p = 0,05$ ) nicht unterschiedlich

**Tabelle A4:** Gruppierung von 56 Hanfgenotypen (28 Sorten, 20 Genbankakzessionen, 8 ungarische Kreuzungspopulationen) hinsichtlich Blattstellungswechsel (Anzahl Nodium) im Versuchsjahr 2000

Genotypen	Blattstellungswechsel <sup>a</sup> (Nodium)	Signifikanz <sup>b</sup>
P59	14,86	A
P52	14,43	AB
Helvetica	13,97	A B C
P54	13,65	A B C D
GB26	13,63	A B C D
GB36	13,56	A B C D E
Kompolti	13,47	B C D E
Zolo.-11 <sup>5</sup>	13,41	B C D E
GB37	13,41	B C D E
P56	13,30	B C D E
GB29	13,18	B C D E F G
P51	13,15	B C D E F G
P60	13,12	B C D E F G
Lipko	12,99	B C D E F G H
GB20	12,77	C D E F G H I
FxT	12,76	C D E F G H I
Lovrin 110	12,73	C D E F G H I J
P53	12,71	C D E F G H I J
Uniko-B	12,67	C D E F G H I J K
GB23	12,33	D E F G H I J K L
GB21	12,33	D E F G H I J K L
GB24	12,26	D E F G H I J K L
P57	12,25	D E F G H I J K L
Bialo. <sup>1</sup>	12,14	D E F G H I J K L M
Fédora 17	12,10	D E F G H I J K L M
Fibrimon	12,06	D E F G H I J K L M N
GB15	12,05	D E F G H I J K L M N
Fasamo	11,94	E F G H I J K L M N
Futura	11,92	E F G H I J K L M N
GB28	11,73	F G H I J K L M N
Ramo	11,68	F G H I J K L M N
D. o. 14 <sup>2</sup>	11,68	F G H I J K L M N
GB22	11,59	G H I J K L M N
Fédora 19	11,56	G H I J K L M N
Beniko	11,55	G H I J K L M N
Usó 31	11,44	H I J K L M N
Glera	11,29	I J K L M N
GB27	11,24	I J K L M N
Glu.-46 <sup>4</sup>	11,08	J K L M N
Fédrina 74	11,06	J K L M N
Félina 34	11,03	K L M N
GB30	10,92	L M N
Epsilon 68	10,84	L M N O
Férimon	10,76	L M N O
Juso 31	10,70	L M N O
GB17	10,67	L M N O
Juso 14	10,54	M N O P
GB33	10,43	N O P

**Fortsetzung Tabelle A4:** Gruppierung von 56 Hanfgenotypen (28 Sorten, 20 Genbankakzessionen, 8 ungarische Kreuzungspopulationen) hinsichtlich Blattstellungswechsel (Anzahl Nodium) im Versuchsjahr 2000

Genotypen	Blattstellungswechsel <sup>a</sup> (Nodium)	Signifikanz <sup>b</sup>
Fibrimon 56	10,41	N O P Q
Glu.-33 <sup>3</sup>	10,41	N O P Q
Uso 14	10,40	N O P Q
GB34	9,39	O P Q R
GB32	9,23	P Q R
GB35	9,15	P Q R
GB16	9,11	Q R
GB31	9,00	R

<sup>1</sup> Bialobrezeskie

<sup>2</sup> Dneprovskaya odnodomnaya 14

<sup>3</sup> Gluchivski-33

<sup>4</sup> Gluchivski-46

<sup>5</sup> Zolotonoshskaya-11

<sup>a</sup>Mittelwert

<sup>b</sup>Mittelwerte mit gleichem Buchstaben sind nach dem Student Newman Keuls Test ( $p = 0,05$ ) nicht unterschiedlich

**Tabelle A5:** Deskriptive Statistik der morphologischen Merkmale von 32 untersuchten F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften (00/01 – 00/37), 'Kompolti' und den 8 ungarischen Kreuzungspopulationen (P51 – P60) im Versuchsjahr 2000

Kreuzungsnummer	Kreuzungspartner	N	Länge (cm)				Frischmasse (g)				Stängeldurchmesser (mm)				Blattstellungswechsel (Nodium)			
			Mean	Max	Min	STD	Mean	Max	Min	STD	Mean	Max	Min	STD	Mean	Max	Min	STD
00/01	(B1)GB22x(C1)Kompolti	19	185,06	236,30	101,90	37,72	135,47	607,00	38,00	127,47	11,34	20,41	6,55	3,34	13,06	17	11	2,02
00/02	(B2)GB22x(C1)Kompolti	22	213,56	262,50	104,00	42,25	122,73	465,00	3,00	114,86	13,35	20,84	4,28	4,13	12,58	17	8	2,54
00/04	B-7x (C1)Kompolti	16	241,19	276,50	176,00	22,05	160,03	297,00	21,50	71,84	15,03	18,15	12,44	1,54	13,92	16	9	1,89
00/05	(B5)GB19x(C1)Kompolti	33	241,52	335,00	117,00	41,70	208,67	627,00	33,00	149,38	15,37	23,77	7,58	4,32	12,73	17	8	1,70
00/06	(B6)GB19x(C1)Kompolti	8	219,35	256,60	193,70	25,37	160,75	239,00	81,00	57,20	14,55	18,05	11,15	2,23	13,29	17	6	3,55
00/07	(B7)GB19x(C1)Kompolti	23	227,35	288,00	106,00	38,85	264,04	951,00	16,00	199,73	15,42	24,50	5,62	4,31	13,35	17	10	2,06
00/08	(B8)GB17x(C1)Kompolti	18	216,99	259,00	146,00	32,62	145,72	361,00	30,00	87,74	13,26	19,41	7,64	3,15	12,93	16	10	1,97
00/09	(B9)GB16x(C1)Kompolti	5	227,88	262,00	202,00	24,45	124,00	216,00	48,00	76,52	13,89	18,42	10,61	3,93	11,20	13	9	1,64
00/10	(B10)Kompoltix(C2)GB16	7	211,20	232,80	168,40	20,81	82,43	104,00	63,00	13,89	12,64	14,97	10,99	1,33	9,83	10	9	0,41
00/11	(B11)Kompoltix(C2)GB16	9	193,56	232,00	112,00	36,30	194,00	411,00	22,00	112,57	16,07	21,57	6,88	3,95	10,29	13	8	1,70
00/12	(B12)GB19x(C2)GB16	8	142,89	196,00	102,00	32,52	52,13	117,00	20,00	35,57	10,01	15,27	6,30	2,64	9,75	12	9	1,50
00/13	(B13)GB19x(C2)GB16	18	199,78	252,40	128,00	35,67	113,28	546,00	29,00	116,49	11,95	18,66	7,06	3,15	10,56	13	9	1,03
00/14	(B14)GB19x(C2)GB16	11	168,19	212,00	120,50	36,89	57,00	116,00	17,00	26,86	11,03	12,70	6,49	1,85	9,44	17	4	3,64
00/15	(B15)GB22x(C2)GB16	37	189,18	229,60	130,50	24,35	89,59	255,00	10,00	62,77	10,48	14,19	4,70	2,31	9,26	12	7	1,31
00/16	(B16)GB22x(C2)GB16	35	156,63	208,00	71,00	34,20	70,49	145,50	5,00	32,29	9,59	13,28	3,73	1,87	10,79	14	8	1,32
00/17	(B17)KompoltixWhite Widow (Pfl.5)	11	179,55	226,50	124,00	34,92	290,73	606,00	61,00	167,25	17,54	25,35	13,38	3,39	15,89	18	10	2,42
00/18	(B18))KompoltixSkunk 1 (Pfl.2)	39	229,74	277,50	98,00	41,03	228,69	694,00	13,00	144,11	17,10	26,77	5,13	4,28	14,13	17	4	2,49
00/19	(B19)KompoltixSkunk 1 (Pfl.2)	45	215,19	264,00	160,00	24,80	182,02	481,00	38,00	105,86	15,55	24,90	8,06	3,76	15,09	17	13	1,06
00/20	(B20)GB22xSkunk 1 (Pfl.2)	34	187,32	266,50	101,00	33,19	150,00	390,00	22,00	99,08	14,04	21,58	7,08	3,60	13,38	16	11	1,35
00/21	GB22 x B-7	29	217,16	286,00	147,50	32,12	146,07	339,00	31,00	81,46	14,28	21,59	7,89	3,20	13,08	17	10	1,80
00/22	Kompolti x B-7	16	204,56	269,00	130,00	40,81	158,31	348,00	18,00	101,17	16,76	26,38	8,26	5,31	13,63	18	9	3,11
00/23	GB22 x B-7	40	192,01	251,00	91,00	36,29	164,40	1480,00	8,00	228,89	13,65	31,15	4,35	4,72	13,41	17	9	1,80
00/24	Eletta campana x B-7	15	204,60	284,00	147,50	39,79	159,80	352,00	38,00	95,34	15,51	21,48	8,57	3,91	13,20	17	6	3,58
00/25	White Widow (Pfl.7)x(C4)Kompolti	12	246,92	270,50	218,00	13,80	221,25	494,00	103,00	108,87	17,50	28,31	11,92	4,68	14,83	19	12	1,85
00/26	White Widow (Pfl.9)x(C4)Kompolti	33	168,88	247,50	82,00	49,03	179,03	1186,00	6,00	261,33	12,71	32,84	4,13	6,31	15,25	19	13	1,73
00/27	White Widow (Pfl.10)x(C4)Kompolti	48	182,11	259,00	67,00	42,82	129,13	626,00	4,00	111,41	13,13	22,84	3,24	4,12	14,40	18	6	3,02
00/31	(B29)GB24x(C9)Skunk 1	21	138,55	189,00	66,00	33,33	151,67	735,00	15,00	161,97	11,28	20,70	5,17	3,48	11,38	16	3	4,10
00/32	(B36)Kompoltix(C9)Skunk 1	36	172,03	282,50	88,00	40,34	137,14	325,00	19,00	74,28	13,87	20,71	6,26	3,75	15,20	18	12	1,58
00/34	(B40)Kompoltix(C9)Skunk 1	16	160,66	234,00	102,00	43,24	112,10	276,00	12,60	68,86	12,89	17,92	7,86	3,16	15,50	19	11	2,55
00/35	(B35)Skunk 1x(C5)Kompolti	23	224,54	268,00	134,00	32,83	209,39	513,00	26,00	135,35	16,67	25,37	7,23	5,25	14,45	18	12	2,38

**Fortsetzung Tabelle A5:** Deskriptive Statistik der morphologischen Merkmale von 32 untersuchten F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften (00/01 – 00/37), 'Kompolti' und den 8 ungarischen Kreuzungspopulationen (P51 – P60) im Versuchsjahr 2000

Kreuzungsnummer	Kreuzungspartner	N	Länge (cm)				Frischmasse (g)				Stängeldurchmesser (mm)				Blattstellungswechsel (Nodium)			
			Mean	Max	Min	STD	Mean	Max	Min	STD	Mean	Max	Min	STD	Mean	Max	Min	STD
00/36	(B32)Skunk 1x(C5)Kompolti	65	218,38	297,00	102,00	47,91	181,98	369,00	4,00	100,24	21,18	338,00	3,38	40,17	14,22	17	6	2,82
00/37	(B37)GB36x(C9)Skunk 1	14	144,32	170,00	107,00	20,74	236,36	479,00	29,00	136,43	15,08	19,40	9,19	3,27				
Kompolti	Kompolti	11	210,95	249,00	170,50	24,60	211,18	351,00	118,00	60,57	17,21	19,42	13,69	1,59	15,40	17	13	1,43
P51	T. belt × Sz. belt	54	256,46	361,00	51,00	69,51	339,61	3322,00	2,00	505,80	14,90	36,48	2,28	7,06	13,15	21	8	3,07
P52	K.unisex × Kompolti	97	251,14	370,00	89,00	77,05	221,44	1391,00	7,00	275,80	12,31	34,65	3,26	6,30	14,43	20	9	2,65
P53	F. belt × T. belt	39	236,79	381,00	67,00	89,31	350,62	2004,00	2,00	455,16	14,73	34,98	2,65	8,54	12,71	16	8	1,73
P54	K.unisex × Uniko-B	91	238,16	361,00	105,00	63,41	187,26	1139,00	13,00	230,30	12,14	31,70	2,63	5,79	13,65	18	8	1,72
P56	Fibr. × T. belt	84	235,97	354,50	107,50	66,30	217,86	2102,00	5,00	331,92	12,34	29,28	4,56	6,03	13,30	20	9	2,04
P57	Fibr. × (F×T)	86	196,03	350,00	22,50	67,83	152,53	1630,00	3,00	264,70	10,14	30,50	2,59	5,24	12,25	17	6	2,24
P59	Kinai unisex	71	222,13	350,00	32,35	81,27	320,43	3598,00	2,28	521,89	13,29	35,74	2,59	7,30	14,86	20	8	2,25
P60	Fibr. × K.unisex	89	219,95	342,00	79,00	67,85	234,51	1812,00	0,70	370,56	19,55	642,00	3,96	67,04	13,12	19	9	1,97

**Tabelle A6:** Mittelwertvergleiche (LSD) hinsichtlich Pflanzenlänge der F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften, gruppiert in Kreuzungen mit 'Kompolti' als Elter und ohne 'Kompolti' als Elter, der Sorte 'Kompolti' (Werte aus 2000 und 2001) sowie der acht ungarischen Kreuzungspopulationen (P51-P60)

Gruppe 1	Gruppe 2	Mean Difference (I-J)	Std. Error	Sig.	95% Confidence Interval	
					Lower Bound	Upper Bound
mit Kompolti	ohne Kompolti	26,53	4,39	0,00	17,92	35,13
mit Kompolti	P51	-48,95	8,25	0,00	-65,13	-32,78
mit Kompolti	P52	-43,64	6,39	0,00	-56,16	-31,11
mit Kompolti	P53	-29,29	9,57	0,00	-48,07	-10,51
mit Kompolti	P54	-30,65	6,56	0,00	-43,52	-17,78
mit Kompolti	P56	-28,46	6,79	0,00	-41,78	-15,15
mit Kompolti	P57	11,48	6,72	0,09	-1,70	24,67
mit Kompolti	P59	-14,62	7,30	0,05	-28,95	-0,30
mit Kompolti	P60	-12,44	6,62	0,06	-25,43	0,55
mit Kompolti	Kompolti	-3,45	17,56	0,84	-37,88	30,99
ohne Kompolti	mit Kompolti	-26,53	4,39	0,00	-35,13	-17,92
ohne Kompolti	P51	-75,48	8,61	0,00	-92,37	-58,60
ohne Kompolti	P52	-70,16	6,85	0,00	-83,59	-56,74
ohne Kompolti	P53	-55,82	9,89	0,00	-75,21	-36,42
ohne Kompolti	P54	-57,18	7,01	0,00	-70,93	-43,43
ohne Kompolti	P56	-54,99	7,22	0,00	-69,16	-40,82
ohne Kompolti	P57	-15,05	7,16	0,04	-29,09	-1,00
ohne Kompolti	P59	-41,15	7,71	0,00	-56,27	-26,03
ohne Kompolti	P60	-38,97	7,07	0,00	-52,83	-25,11
ohne Kompolti	Kompolti	-29,98	17,73	0,09	-64,75	4,80

**Tabelle A7:** Gruppierung von 61 Hanfgenotypen (32 Sorten, 21 Genbankakzessionen, 8 ungarische Kreuzungspopulationen) hinsichtlich Fasergehalt (% der TM) der Versuchsjahre 2000 und 2001

Genotypen	Fasergehalt <sup>a</sup> (% der TM)	Signifikanz <sup>b</sup>
Kompolti	41,436	A
P52	38,503	A B
Helvetica	38,427	A B
Beniko	38,36	A B
P54	37,555	A B C
P57	35,456	B C D
P59	35,125	B C D E
Uniko-B	34,835	B C D E F
Juso 14	34,205	B C D E F
Zolo.-11 <sup>5</sup>	33,858	C D E F
Uso 14	33,69	C D E F G
Juso 31	33,409	C D E F G H
Fédrina 74	33,342	C D E F G H
Uso 31	33,335	C D E F G H
Glera	33,047	C D E F G H I
P60	33,01	C D E F G H I
Glu.-46 <sup>4</sup>	32,664	D E F G H I
FxT	32,567	D E F G H I
Lipko	32,469	D E F G H I
Bialo. <sup>1</sup>	32,295	D E F G H I
Glu.-33 <sup>3</sup>	32,12	D E F G H I
Féline 34	31,61	D E F G H I J
Epsilon 68	31,503	D E F G H I J
Férimon	30,497	D E F G H I J K
D.o. 14 <sup>2</sup>	30,371	E F G H I J K
GB28	30,11	E F G H I J K
P56	30,024	E F G H I J K
Futura	29,728	F G H I J K
Carmagnola	28,727	G H I J K L
Fédora 19	28,47	H I J K L
Fibrimon	28,184	I J K L
P53	28,071	I J K L
GB30	27,006	J K L M
Fibranova	26,696	K L M N
P51	26,474	K L M N
CS	26,099	K L M N O
Lovrin 110	25,874	K L M N O
Fasamo	25,811	K L M N O
Fibrimon 56	24,912	L M N O P
GB21	23,422	M N O P Q

**Fortsetzung Tabelle A7:** Gruppierung von 61 Hanfgenotypen (32 Sorten, 21 Genbankakzessionen, 8 ungarische Kreuzungspopulationen) hinsichtlich Fasergehalt (% der TM) der Versuchsjahre 2000 und 2001

Genotypen	Fasergehalt <sup>a</sup>	Signifikanz <sup>b</sup>
	(% der TM)	
GB19	23,156	M N O P Q
GB35	22,456	N O P Q R
GB29	21,891	O P Q R
GB25	21,743	O P Q R
GB33	21,584	O P Q R
GB32	20,746	P Q R S
Ramo	20,323	Q R S T
GB16	20,246	Q R S T
GB27	20,147	Q R S T
GB24	20,006	Q R S T
GB22	19,156	Q R S T U
GB34	18,696	Q R S T U
GB31	18,292	R S T U
GB15	18,12	R S T U
GB26	17,732	R S T U
GB23	16,459	S T U V
GB20	15,935	T U V
White Widow	15,444	U V W
GB36	15,249	U V W
GB37	13,538	V W
Skunk 1	11,944	W

<sup>1</sup> Bialobrezeskie

<sup>2</sup> Dneprovskaya odnodomnaya 14

<sup>3</sup> Gluchivski-33

<sup>4</sup> Gluchivski-46

<sup>5</sup> Zolotonoshskaya-11

<sup>a</sup>Mittelwert

<sup>b</sup>Mittelwerte mit gleichem Buchstaben sind nach dem Student Newman Keuls Test ( $p = 0,05$ ) nicht unterschiedlich

**Tabelle A8:** Deskriptive Statistik des Fasergehaltes (% der TM) von 32 untersuchten F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften (00/01 – 00/37), ‘Kompolti’ und den 8 ungarischen Kreuzungspopulationen (P51 – P60) im Versuchsjahr 2000

Kreuzungsnummer	Kreuzungspartner	Mittelwert	STD	Min	Max	N
00/01	(B1)GB22x(C1)Kompolti	24,70	2,80	18,44	30,99	13
00/02	(B2)GB22x(C1)Kompolti	22,51	1,93	20,17	26,45	13
00/04	B-7x (C1)Kompolti	35,99	2,00	33,26	39,22	13
00/05	(B5)GB19x(C1)Kompolti	36,50	3,27	32,42	42,34	17
00/06	(B6)GB19x(C1)Kompolti	33,38	4,13	22,90	36,46	9
00/07	(B7)GB19x(C1)Kompolti	27,33	2,66	23,07	33,33	12
00/08	(B8)GB17x(C1)Kompolti	27,88	2,60	24,15	31,15	10
00/09	(B9)GB16x(C1)Kompolti	24,47	2,93	22,41	26,54	2
00/10	(B10)Kompoltix(C2)GB16	25,98	2,11	22,43	28,85	8
00/11	(B11)Kompoltix(C2)GB16	26,54	1,83	23,81	29,56	7
00/12	(B12)GB19x(C2)GB16	26,94	2,47	23,58	30,58	8
00/13	(B13)GB19x(C2)GB16	23,47	3,25	18,37	29,68	17
00/14	(B14)GB19x(C2)GB16	24,14	2,41	21,83	28,04	8
00/15	(B15)GB22x(C2)GB16	21,10	1,89	18,63	25,79	27
00/16	(B16)GB22x(C2)GB16	18,80	3,60	13,20	27,85	14
00/17	(B17)KompoltixWhite Widow (Pfl.5)	23,88	2,70	21,26	27,15	5
00/18	(B18)KompoltixSkunk 1 (Pfl.2)	23,64	2,47	19,68	26,65	10
00/19	(B19)KompoltixSkunk 1 (Pfl.2)	27,61	5,23	20,97	46,41	18
00/20	(B20)GB22xSkunk 1 (Pfl.2)	21,89	2,04	20,00	24,05	3
00/21	GB22 × B-7	23,35	2,23	20,68	27,51	15
00/22	Kompolti × B-7	37,41	3,83	31,00	45,63	11
00/23	GB22 × B-7	26,41	1,85	23,29	29,21	12
00/24	Eletta campana × B-7	31,97	3,17	28,38	37,82	10
00/25	White Widow (Pfl.7)x(C4)Kompolti	21,48	1,77	18,91	23,38	8
00/26	White Widow (Pfl.9)x(C4)Kompolti	23,10	1,91	20,19	26,39	13
00/27	White Widow (Pfl.10)x(C4)Kompolti	25,50	2,82	21,71	34,57	21
00/31	(B29)GB24x(C9)Skunk 1	13,97	1,33	12,32	16,95	10
00/32	(B36)Kompoltix(C9)Skunk 1	24,46	4,00	20,05	34,63	16
00/34	(B40)Kompoltix(C9)Skunk 1	22,97	2,83	19,21	28,14	11
00/35	(B35)Skunk 1x(C5)Kompolti	22,94	2,26	19,72	26,23	11
00/36	(B32)Skunk 1x(C5)Kompolti	23,85	2,39	19,31	27,89	20
00/37	(B37)GB36x(C9)Skunk 1	12,53	2,63	7,98	16,08	8
Kompolti	Kompolti	40,89	3,80	34,95	47,12	13
P51	T. belt × Sz. belt	23,94	2,73	18,01	27,70	10
P52	K.unisex × Kompolti	39,25	3,86	33,84	46,76	13
P53	F. belt × T. belt	23,45	2,53	20,61	27,06	5
P54	K.unisex × Uniko-B	35,20	3,12	28,99	41,46	17
P56	Fibr. × T. belt	28,01	4,16	20,43	34,31	9
P57	Fibr. × (F×T)	34,91	3,51	30,94	40,00	5
P59	Kinai unisex	34,41	3,30	28,93	41,72	10
P60	Fibr. × K.unisex	35,22	2,44	31,51	39,84	11

**Tabelle A9:** Mittelwertvergleiche (LSD) hinsichtlich Fasergehalt (% der TM) der F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften, gruppiert in Kreuzungen mit 'Kompolti' als Elter und ohne 'Kompolti' als Elter, der Sorte 'Kompolti' (Versuchsjahre 2000 und 2001) sowie der acht ungarischen Kreuzungspopulationen (P51-P60)

Gruppe 1	Gruppe 2	Mean Difference (I-J)	Std. Error	Sig.	95% Confidence Interval	
					Lower Bound	Upper Bound
mit Kompolti	ohne Kompolti	4,78	0,57	0,00	3,67	5,89
mit Kompolti	P51	3,06	1,69	0,07	-0,26	6,39
mit Kompolti	P52	-12,25	1,49	0,00	-15,18	-9,32
mit Kompolti	P53	3,56	2,37	0,13	-1,10	8,21
mit Kompolti	P54	-8,19	1,31	0,00	-10,77	-5,61
mit Kompolti	P56	-1,01	1,78	0,57	-4,50	2,49
mit Kompolti	P57	-7,90	2,37	0,00	-12,56	-3,25
mit Kompolti	P59	-7,41	1,69	0,00	-10,73	-4,08
mit Kompolti	P60	-8,21	1,62	0,00	-11,39	-5,04
mit Kompolti	Kompolti	-13,88	1,49	0,00	-16,82	-10,95
ohne Kompolti	mit Kompolti	-4,78	0,57	0,00	-5,89	-3,67
ohne Kompolti	P51	-1,72	1,72	0,32	-5,10	1,66
ohne Kompolti	P52	-17,03	1,52	0,00	-20,02	-14,04
ohne Kompolti	P53	-1,23	2,39	0,61	-5,92	3,46
ohne Kompolti	P54	-12,98	1,35	0,00	-15,63	-10,32
ohne Kompolti	P56	-5,79	1,81	0,00	-9,34	-2,25
ohne Kompolti	P57	-12,69	2,39	0,00	-17,38	-8,00
ohne Kompolti	P59	-12,19	1,72	0,00	-15,57	-8,81
ohne Kompolti	P60	-13,00	1,65	0,00	-16,23	-9,77
ohne Kompolti	Kompolti	-18,67	1,52	0,00	-21,66	-15,67

**Tabelle A10:** Mittelwertvergleiche (LSD) hinsichtlich Fasergehalt (% der TM) der F<sub>3</sub>-Nachkommenschaften (Werte aus 2002)

Gruppe 1	Gruppe 2	Mean Difference (I-J)	Std. Error	Sig.	95% Confidence Interval	
					Lower Bound	Upper Bound
00/80	00/81	-1,06	0,67	0,12	-2,37	0,26
00/80	00/82	-2,24	0,59	0,00	-3,41	-1,08
00/80	00/83	0,87	0,78	0,27	-0,66	2,41
00/81	00/82	-1,19	0,81	0,14	-2,77	0,40
00/81	00/83	1,93	0,96	0,04	0,05	3,81
00/82	00/83	3,12	0,90	0,00	1,34	4,89
00/84	00/85	-3,95	0,60	0,00	-5,12	-2,78
00/84	00/86	-0,62	0,52	0,24	-1,65	0,41
00/84	00/87	1,45	0,56	0,01	0,34	2,55
00/84	00/88	-2,62	0,54	0,00	-3,67	-1,56
00/84	00/89	-1,63	0,53	0,00	-2,67	-0,59
00/84	00/90	-5,70	0,56	0,00	-6,79	-4,61
00/85	00/86	3,33	0,59	0,00	2,17	4,49
00/85	00/87	5,40	0,63	0,00	4,17	6,63
00/85	00/88	1,34	0,61	0,03	0,15	2,52
00/85	00/89	2,32	0,60	0,00	1,15	3,50
00/85	00/90	-1,75	0,62	0,01	-2,97	-0,53
00/86	00/87	2,07	0,56	0,00	0,97	3,16
00/86	00/88	-2,00	0,54	0,00	-3,05	-0,94
00/86	00/89	-1,01	0,53	0,06	-2,04	0,03
00/87	00/88	-4,06	0,57	0,00	-5,19	-2,93
00/89	00/87	3,07	0,57	0,00	1,96	4,18
00/89	00/88	-0,99	0,54	0,07	-2,05	0,08
00/90	00/86	5,08	0,55	0,00	3,99	6,16
00/90	00/87	7,14	0,59	0,00	5,99	8,30
00/90	00/88	3,08	0,57	0,00	1,97	4,20
00/90	00/89	4,07	0,56	0,00	2,97	5,17

**Tabelle A11:** Gehalte an Tocopherolen und P-8 in mg/100g Öl und in mg/100g Samen der im Jahr 2000 angebauten F<sub>1</sub>- Populationen (Öl verschiedener Pflanzen wurde für die Analyse gepoolt) sowie der verwendeten Eltern (Mittelwerte über beide Versuchsjahre, wenn Daten für 2000 und 2001 vorliegen, ansonsten einjährige Angabe)

Kreuzung	Kreuzungs- partner	mg/100 g Öl						mg/100g Samen					
		Σ <sup>a</sup>	α-T	β-T	γ-T	δ-T	P-8	Σ <sup>a</sup>	α-T	β-T	γ-T	δ-T	P-8
00/01	GB22 × Kompolti	83,51	7,21	0,12	73,91	2,27	1,01	29,21	2,52	0,04	25,85	0,79	0,35
00/05	GB19 × Kompolti	76,81	5,37	0,28	67,42	3,74	0,75	29,57	2,07	0,11	25,96	1,44	0,29
00/08	GB17 × Kompolti	75,00	5,74	0,51	66,20	2,55	0,49	20,81	1,59	0,14	18,37	0,71	0,14
00/11	Kompolti × GB16	80,60	8,95	0,17	68,65	2,82	0,65	28,81	3,20	0,06	24,54	1,01	0,23
00/12	GB19 × GB16	77,96	8,51	0,28	66,97	2,20	0,59	27,39	2,99	0,10	23,53	0,77	0,21
00/13	GB19 × GB16	74,88	7,29	0,47	64,11	3,00	0,71	25,71	2,50	0,16	22,01	1,03	0,24
00/14	GB19 × GB16	87,64	10,61	0,61	72,92	3,50	0,82	32,21	3,90	0,22	26,80	1,29	0,30
00/15	GB22 × GB16	71,60	8,55	0,28	60,28	2,48	0,80	22,86	2,73	0,09	19,24	0,79	0,25
00/16	GB22 × GB16	82,21	6,00	0,33	72,42	3,45	0,86	28,36	2,07	0,12	24,99	1,19	0,30
00/17	Kompolti × White Widow	92,78	6,99	0,46	78,53	6,81	0,65	31,66	2,38	0,16	26,79	2,32	0,22
00/20	GB 22 × Skunk 1	77,03	4,92	0,15	67,40	4,56	0,92	28,89	1,85	0,06	25,28	1,71	0,34
00/26	White Widow × Kompolti	93,19	6,26	0,43	80,71	5,80	1,63	32,15	2,16	0,15	27,84	2,00	0,56
00/31	GB24 × Skunk 1	79,45	5,97	0,23	70,09	3,16	1,21	27,28	2,05	0,08	24,06	1,08	0,42
00/34	Kompolti × Skunk 1	91,28	6,44	0,19	82,49	2,16	0,79	33,54	2,37	0,07	30,31	0,79	0,29
00/36	Skunk 1 × Kompolti	74,85	4,10	0,47	65,01	5,28	0,47	27,67	1,51	0,17	24,03	1,96	0,17
	GB16	82,85	9,53	0,54	69,56	3,22	0,835	24,13	2,78	0,16	20,26	0,94	0,24
	GB17	69,18	3,04	0,37	63,05	2,72	0,25	20,44	0,91	0,11	18,62	0,8	0,08
	GB19	77,03	6,72	0,66	64,94	4,72	0,61	24,46	2,13	0,21	20,62	1,50	0,19
	GB22	69,17	3,64	0,34	62,66	2,54	0,46	23,18	1,23	0,12	20,99	0,85	0,16
	GB24	74,29	5,33	0,48	65,00	3,48	0,60	23,40	1,68	0,15	20,47	1,10	0,19
	Kompolti	97,09	5,14	0,65	83,93	7,38	0,57	31,92	1,69	0,21	27,59	2,43	0,19
	Skunk 1	82,80	4,96	0,24	74,48	3,11	1,87	31,19	1,87	0,09	28,06	1,17	0,70
	White Widow	78,21	4,90	0,09	68,79	4,44	1,21	26,01	1,63	0,03	22,87	1,48	0,40

<sup>a</sup> Summe aller Tocopherole ohne P-8

**Tabelle A12:** Gehalte an Tocopherolen und P-8 in mg/100g Öl und in mg/100g Samen der im Jahr 2001 angebauten F<sub>2</sub>- Populationen ((00/43 – 00/50: Eltern ‘Kompolti’ und GB16; 00/75 und 00/78: Eltern ‘Kompolti’ und ‘Skunk 1’)

Kreuzung	Statistik	mg/100g Öl						mg/100g Samen					
		$\Sigma^a$	$\alpha$ -T	$\beta$ -T	$\gamma$ -T	$\delta$ -T	P-8	$\Sigma^a$	$\alpha$ -T	$\beta$ -T	$\gamma$ -T	$\delta$ -T	P-8
00/43	Mittelwert	82,73	6,45	0,51	71,34	4,44	0,57	25,65	1,97	0,16	22,13	1,39	0,17
	STD	17,34	2,50	0,20	14,23	1,68	0,17	4,71	0,63	0,06	3,96	0,54	0,04
	CV	0,21	0,39	0,40	0,20	0,38	0,30	0,18	0,32	0,37	0,18	0,39	0,25
	Min	61,88	2,81	0,21	53,92	1,83	0,30	17,45	0,95	0,07	14,80	0,60	0,09
	Max	140,08	14,17	1,01	118,10	7,71	1,10	37,10	3,40	0,26	31,88	2,50	0,27
	N	22	22	22	22	22	22	22	22	22	22	22	22
00/48	Mittelwert	80,07	4,58	0,55	69,78	5,16	0,26	24,79	1,47	0,17	22,53	1,66	0,09
	STD	12,13	1,80	0,21	9,68	1,48	0,22	6,45	0,52	0,06	3,27	0,50	0,07
	CV	0,15	0,39	0,38	0,14	0,29	0,84	0,26	0,35	0,37	0,14	0,30	0,79
	Min	58,66	1,45	0,22	54,34	2,65	0,00	0,00	0,49	0,07	16,55	0,80	0,00
	Max	114,69	10,22	1,25	94,46	8,76	0,64	33,11	2,86	0,35	29,59	2,53	0,19
	N	25	25	25	25	25	25	24 <sup>b</sup>					
00/49	Mittelwert	77,62	5,77	0,67	67,04	4,15	0,41	24,07	1,82	0,21	20,75	1,30	0,12
	STD	10,73	1,16	0,19	9,69	1,03	0,21	3,25	0,38	0,07	2,83	0,32	0,06
	CV	0,14	0,20	0,29	0,14	0,25	0,50	0,13	0,21	0,32	0,14	0,25	0,51
	Min	57,45	3,95	0,21	51,19	1,92	0,00	16,49	1,03	0,06	14,72	0,57	0,00
	Max	104,49	8,36	1,01	93,22	6,32	0,72	28,95	2,63	0,34	25,73	1,65	0,19
	N	20	20	20	20	20	20	19 <sup>b</sup>					
00/50	Mittelwert	68,89	5,42	0,67	58,63	4,17	0,38	21,56	1,69	0,21	18,36	1,30	0,12
	STD	7,93	1,29	0,15	6,88	1,06	0,15	2,41	0,39	0,05	2,13	0,33	0,05
	CV	0,12	0,24	0,23	0,12	0,25	0,39	0,11	0,23	0,23	0,12	0,25	0,39
	Min	51,56	2,95	0,44	43,63	2,71	0,00	16,24	0,87	0,14	13,74	0,83	0,00
	Max	82,43	7,65	0,94	70,84	5,85	0,63	25,11	2,34	0,30	21,62	1,98	0,21
	N	22	22	22	22	22	22	22	22	22	22	22	22
00/75	Mittelwert	81,80	3,95	0,46	71,30	6,09	0,50	27,15	1,37	0,16	24,80	2,11	0,17
	STD	10,50	1,11	0,09	8,77	1,16	0,08	7,42	0,38	0,03	3,74	0,46	0,03
	CV	0,13	0,28	0,19	0,12	0,19	0,17	0,27	0,27	0,18	0,15	0,22	0,18
	Min	62,42	2,27	0,32	55,18	4,23	0,33	0,00	0,73	0,10	18,83	1,35	0,12
	Max	103,07	7,47	0,65	89,54	8,53	0,67	36,46	2,43	0,21	31,50	3,00	0,23
	N	22	22	22	22	22	22	21 <sup>b</sup>					
00/78	Mittelwert	84,85	4,90	0,63	73,37	5,94	0,48	28,78	1,66	0,21	24,90	2,01	0,16
	STD	9,15	1,31	0,23	7,86	0,93	0,14	4,14	0,45	0,07	3,65	0,36	0,05
	CV	0,11	0,27	0,37	0,11	0,16	0,29	0,14	0,27	0,33	0,15	0,18	0,30
	Min	62,38	2,81	0,34	53,95	3,46	0,00	18,78	0,83	0,10	15,94	1,09	0,00
	Max	107,12	10,42	1,73	92,98	8,27	0,74	41,97	3,72	0,55	37,43	3,04	0,25
	N	59	59	59	59	59	59	59	59	59	59	59	59

<sup>a</sup> Summe aller Tocopherole, ausgenommen ist P-8

<sup>b</sup> Stichprobenumfang (N) variiert, da der Ölgehalt einiger Pflanzen nicht exakt bestimmt werden konnte, daher keine Umrechnung in mg/100g Samen bei den betroffenen Pflanzen möglich

**Tabelle A13:** Mittelwertvergleiche (LSD) der verschiedenen Tocopherolfractionen (mg/100g Öl) der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften (Werte aus 2001)

Merkmal	Gruppe 1	Gruppe 2	Mean Difference	STD	Sig.	95%iges Konfidenzintervall		
						Lower Bound	Upper Bound	
$\alpha$ -Tocopherol	00/43	00/48	1,87	0,45	0,00	0,97	2,76	
		00/49	0,68	0,48	0,16	-0,27	1,63	
		00/50	1,03	0,47	0,03	0,11	1,95	
		00/75	2,50	0,47	0,00	1,57	3,42	
		00/78	1,54	0,39	0,00	0,78	2,31	
	00/48	00/49	-1,19	0,47	0,01	-2,11	-0,27	
		00/50	-0,84	0,45	0,07	-1,73	0,06	
		00/75	0,63	0,45	0,17	-0,27	1,52	
	00/49	00/78	-0,32	0,37	0,38	-1,05	0,41	
		00/50	0,35	0,48	0,47	-0,60	1,30	
		00/75	1,82	0,48	0,00	0,87	2,76	
	00/50	00/78	0,86	0,40	0,03	0,07	1,66	
		00/75	1,47	0,47	0,00	0,54	2,39	
		00/78	0,51	0,39	0,19	-0,25	1,28	
	$\beta$ -Tocopherol	00/75	00/78	-0,95	0,39	0,02	-1,72	-0,19
00/43			00/48	-0,04	0,06	0,51	-0,15	0,08
00/49			-0,17	0,06	0,01	-0,29	-0,05	
00/48		00/50	-0,16	0,06	0,01	-0,28	-0,05	
		00/75	0,05	0,06	0,38	-0,07	0,17	
		00/78	-0,12	0,05	0,02	-0,22	-0,02	
00/49		00/49	-0,13	0,06	0,03	-0,24	-0,01	
		00/50	-0,13	0,06	0,03	-0,24	-0,01	
		00/75	0,09	0,06	0,12	-0,02	0,20	
00/50		00/78	-0,08	0,05	0,08	-0,18	0,01	
		00/50	0,00	0,06	0,99	-0,12	0,12	
		00/75	0,22	0,06	0,00	0,10	0,34	
00/75		00/78	0,05	0,05	0,38	-0,06	0,15	
		00/75	0,22	0,06	0,00	0,10	0,33	
		00/78	0,04	0,05	0,37	-0,05	0,14	
$\delta$ -Tocopherol	00/43	00/78	-0,17	0,05	0,00	-0,27	-0,07	
		00/48	00/48	-0,72	0,35	0,04	-1,41	-0,03
		00/49	0,30	0,37	0,42	-0,43	1,03	
		00/50	0,28	0,36	0,45	-0,44	0,99	
		00/75	-1,65	0,36	0,00	-2,36	-0,93	
	00/48	00/78	-1,50	0,30	0,00	-2,09	-0,91	
		00/49	1,02	0,36	0,01	0,31	1,72	
		00/50	0,99	0,35	0,01	0,30	1,68	
	00/49	00/75	-0,93	0,35	0,01	-1,62	-0,24	
		00/78	-0,78	0,29	0,01	-1,34	-0,22	
		00/50	-0,02	0,37	0,95	-0,75	0,71	
	00/50	00/75	-1,95	0,37	0,00	-2,67	-1,22	
		00/78	-1,80	0,31	0,00	-2,41	-1,18	
		00/75	-1,92	0,36	0,00	-2,63	-1,21	
	$\gamma$ -Tocopherol	00/75	00/78	-1,77	0,30	0,00	-2,36	-1,18
00/78			0,15	0,30	0,62	-0,44	0,74	
00/43			00/48	1,56	2,75	0,57	-3,87	6,98
00/48		00/49	4,30	2,90	0,14	-1,43	10,03	
		00/50	12,70	2,83	0,00	7,11	18,30	
		00/75	0,04	2,83	0,99	-5,56	5,63	
00/49		00/78	-2,04	2,35	0,39	-6,67	2,60	
		00/49	2,74	2,82	0,33	-2,82	8,31	
		00/50	11,15	2,75	0,00	5,72	16,57	
00/50		00/75	-1,52	2,75	0,58	-6,94	3,90	
		00/78	-3,59	2,24	0,11	-8,02	0,83	
		00/50	8,41	2,90	0,00	2,67	14,14	
00/75		00/75	-4,26	2,90	0,14	-10,00	1,47	
		00/78	-6,34	2,43	0,01	-11,14	-1,54	
		00/78	-12,67	2,83	0,00	-18,26	-7,07	
00/78	00/78	-14,74	2,35	0,00	-19,38	-10,11		
	00/78	-2,07	2,35	0,38	-6,71	2,56		

**Fortsetzung Tabelle A13:** Mittelwertvergleiche (LSD) der verschiedenen Tocopherolfractionen (mg/100g Öl) der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften (Werte aus 2001)

Merkmal	Gruppe 1	Gruppe 2	Mean Difference	STD	Sig.	95%iges Konfidenzintervall		
						Lower Bound	Upper Bound	
Gesamttocopherolgehalt	00/43	00/48	2,98	3,29	0,37	-3,53	9,48	
		00/49	5,26	3,48	0,13	-1,61	12,14	
		00/50	14,03	3,40	0,00	7,32	20,74	
		00/75	0,95	3,40	0,78	-5,76	7,65	
		00/78	-2,05	2,81	0,47	-7,61	3,50	
	00/48	00/49	2,29	3,38	0,50	-4,38	8,96	
		00/50	11,05	3,29	0,00	4,55	17,56	
		00/75	-2,03	3,29	0,54	-8,53	4,47	
		00/78	-5,03	2,69	0,06	-10,34	0,28	
		00/49	8,77	3,48	0,01	1,89	15,64	
	00/49	00/75	-4,32	3,48	0,22	1-11,19	2,55	
		00/78	-7,32	2,92	0,01	-13,07	-1,56	
		00/50	-13,08	3,40	0,00	-19,79	-6,38	
		00/78	-16,08	2,81	0,00	-21,64	-10,53	
		00/75	00/78	-3,00	2,81	0,29	-8,56	2,56
P-8	00/43	00/48	0,31	0,05	0,00	0,21	0,40	
		00/49	0,15	0,05	0,00	0,05	0,25	
		00/50	0,19	0,05	0,00	0,09	0,29	
		00/75	0,07	0,05	0,18	-0,03	0,16	
		00/78	0,09	0,04	0,04	0,01	0,17	
	00/48	00/49	-0,15	0,05	0,00	-0,25	-0,06	
		00/50	-0,12	0,05	0,01	-0,21	-0,02	
		00/75	-0,24	0,05	0,00	-0,34	-0,15	
		00/78	-0,22	0,04	0,00	-0,30	-0,14	
		00/49	00/50	0,04	0,05	0,47	-0,06	0,14
	00/49	00/75	-0,09	0,05	0,08	-0,19	0,01	
		00/78	-0,07	0,04	0,11	-0,15	0,02	
		00/50	00/75	-0,12	0,05	0,01	-0,22	-0,03
		00/78	-0,10	0,04	0,01	-0,18	-0,02	
		00/75	00/78	0,02	0,04	0,61	-0,06	0,10

**Tabelle A14:** Mittelwertvergleiche (LSD) der verschiedenen Tocopherolfractionen (mg/100g Samen) der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften (Werte aus 2001)

Merkmal	Gruppe 1	Gruppe 2	Mean Difference	STD	Sig.	95%iges Konfidenzintervall		
						Lower Bound	Upper Bound	
$\alpha$ -Tocopherol	00/43	00/48	0,51	0,14	0,00	0,24	0,78	
		00/49	0,16	0,15	0,28	-0,13	0,44	
		00/50	0,28	0,14	0,05	0,00	0,56	
		00/75	0,60	0,14	0,00	0,32	0,88	
		00/78	0,32	0,12	0,01	0,09	0,55	
	00/48	00/49	-0,35	0,14	0,02	-0,63	-0,07	
		00/50	-0,23	0,14	0,10	-0,50	0,04	
		00/75	0,10	0,14	0,49	-0,18	0,37	
	00/49	00/78	-0,19	0,11	0,09	-0,41	0,03	
		00/50	0,12	0,15	0,40	-0,16	0,41	
		00/75	0,45	0,15	0,00	0,16	0,74	
	00/50	00/78	0,16	0,12	0,19	-0,08	0,40	
		00/75	0,32	0,14	0,02	0,04	0,60	
		00/78	0,04	0,12	0,75	-0,19	0,27	
	$\beta$ -Tocopherol	00/75	00/78	-0,29	0,12	0,02	-0,52	-0,05
00/43			00/48	-0,02	0,02	0,32	-0,05	0,02
00/49			-0,05	0,02	0,01	-0,09	-0,02	
00/43		00/50	-0,05	0,02	0,00	-0,09	-0,02	
		00/75	0,00	0,02	0,92	-0,04	0,03	
		00/78	-0,06	0,02	0,00	-0,09	-0,03	
00/48		00/49	-0,04	0,02	0,05	-0,07	0,00	
		00/50	-0,04	0,02	0,05	-0,07	0,00	
		00/75	0,02	0,02	0,37	-0,02	0,05	
00/49		00/78	-0,04	0,02	0,01	-0,07	-0,01	
		00/50	0,00	0,02	0,99	-0,04	0,04	
		00/75	0,05	0,02	0,01	0,01	0,09	
00/50		00/78	0,00	0,02	0,97	-0,03	0,03	
		00/75	0,05	0,02	0,01	0,02	0,09	
		00/78	0,00	0,02	0,94	-0,03	0,03	
$\delta$ -Tocopherol	00/75	00/78	-0,05	0,02	0,00	-0,08	-0,02	
		00/43	00/48	-0,27	0,12	0,03	-0,51	-0,03
		00/49	0,09	0,13	0,51	-0,17	0,34	
		00/50	0,08	0,13	0,52	-0,17	0,33	
		00/75	-0,73	0,13	0,00	-0,97	-0,48	
	00/43	00/78	-0,63	0,10	0,00	-0,83	-0,42	
		00/49	0,27	0,12	0,03	0,03	0,51	
		00/50	0,36	0,13	0,01	0,11	0,61	
	00/48	00/49	0,35	0,12	0,00	0,11	0,59	
		00/75	-0,45	0,12	0,00	-0,70	-0,21	
		00/78	-0,36	0,10	0,00	-0,56	-0,16	
	00/49	00/50	0,00	0,13	0,97	-0,26	0,25	
		00/75	-0,81	0,13	0,00	-1,07	-0,55	
		00/78	-0,71	0,11	0,00	-0,93	-0,50	
	00/50	00/75	-0,81	0,13	0,00	-1,06	-0,56	
00/78		-0,71	0,10	0,00	-0,91	-0,51		
00/75		0,10	0,11	0,36	-0,11	0,30		
$\gamma$ -Tocopherol	00/43	00/48	-0,40	1,01	0,70	-2,38	1,59	
		00/49	1,39	1,07	0,20	-0,72	3,49	
		00/50	3,77	1,03	0,00	1,75	5,80	
		00/75	-2,67	1,04	0,01	-4,72	-0,62	
		00/78	-2,77	0,85	0,00	-4,45	-1,09	
	00/48	00/49	1,78	1,05	0,09	-0,28	3,85	
		00/50	4,17	1,01	0,00	2,19	6,15	
		00/75	-2,28	1,02	0,03	-4,28	-0,27	
	00/49	00/78	-2,38	0,82	0,00	-4,00	-0,75	
		00/50	2,39	1,07	0,03	0,28	4,49	
		00/75	-4,06	1,08	0,00	-6,18	-1,93	
	00/50	00/78	-4,16	0,90	0,00	-5,93	-2,38	
		00/75	-6,45	1,04	0,00	-8,50	-4,39	
		00/78	-6,55	0,85	0,00	-8,22	-4,87	
	00/75	00/78	-0,10	0,87	0,91	-1,81	1,61	

**Fortsetzung Tabelle A14:** Mittelwertvergleiche (LSD) der verschiedenen Tocopherolfractionen (mg/100g Samen) der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften (Werte aus 2001)

Merkmal	Gruppe 1	Gruppe 2	Mean Difference	STD	Sig.	95%iges Konfidenzintervall	
						Lower Bound	Upper Bound
Gesamttocopherolgehalt	00/43	00/48	-0,09	1,17	0,94	-2,41	2,23
		00/49	1,62	1,25	0,19	-0,84	4,08
		00/50	4,14	1,20	0,00	1,77	6,50
		00/75	-2,81	1,21	0,02	-5,21	-0,42
		00/78	-3,14	0,99	0,00	-5,10	-1,17
	00/48	00/49	1,71	1,22	0,16	-0,70	4,12
		00/50	4,22	1,17	0,00	1,91	6,54
		00/75	-2,73	1,19	0,02	-5,07	-0,38
		00/78	-3,05	0,96	0,00	-4,95	-1,15
		00/50	2,51	1,25	0,05	0,05	4,97
	00/49	00/75	-4,44	1,26	0,00	-6,93	-1,95
		00/78	-4,76	1,05	0,00	-6,83	-2,69
		00/50	-6,95	1,21	0,00	-9,35	-4,55
		00/78	-7,27	0,99	0,00	-9,24	-5,31
		00/75	-0,32	1,01	0,75	-2,32	1,67
P-8	00/43	00/48	0,09	0,02	0,00	0,06	0,12
		00/49	0,05	0,02	0,00	0,02	0,08
		00/50	0,06	0,02	0,00	0,03	0,09
		00/75	0,00	0,02	0,98	-0,03	0,03
		00/78	0,01	0,01	0,40	-0,01	0,04
	00/48	00/49	-0,04	0,02	0,02	-0,07	-0,01
		00/50	-0,03	0,02	0,03	-0,06	0,00
		00/75	-0,09	0,02	0,00	-0,12	-0,06
		00/78	-0,08	0,01	0,00	-0,10	-0,05
		00/49	0,01	0,02	0,72	-0,03	0,04
	00/49	00/75	-0,05	0,02	0,00	-0,08	-0,02
		00/78	-0,04	0,01	0,00	-0,07	-0,01
		00/50	-0,06	0,02	0,00	-0,09	-0,03
		00/78	-0,04	0,01	0,00	-0,07	-0,02
		00/75	0,01	0,01	0,39	-0,01	0,04

Tabelle A15: Fettsäurezusammensetzung (g/100g Öl) von 60 Hanfgenotypen in der Saison 2000

Genotyp	14:0	16:0	16:1 D7	16:1 D9	17:0	18:0	18:1 D9	18:1 D11	18:2 D9,12	18:3 D6,9,12	18:3 D9,12,15	18:4 D6,9,12,15	20:0	20:1	22:0	24:0	24:1 D15	SAFA	MUFA	PUFA
Beniko	0,03	5,85	0,03	0,11	0,06	2,56	8,73	0,77	57,50	3,03	18,13	1,03	0,70	0,37	0,27	0,11	0,19	9,58	10,20	79,68
Bialobrezeskie	0,03	5,65	0,03	0,11	0,07	2,44	10,07	0,77	56,98	2,47	18,20	0,91	0,77	0,40	0,30	0,12	0,19	9,38	11,57	78,57
D.o.-14 <sup>1</sup>	0,03	5,97	0,05	0,12	0,07	2,09	8,78	0,89	53,20	2,58	22,11	1,24	0,73	0,46	0,33	0,18	0,19	9,40	10,49	79,13
Epsilon 68	0,04	5,71	0,03	0,11	0,06	2,55	11,74	0,74	55,95	1,46	19,31	0,63	0,67	0,36	0,13	0,00	0,16	9,15	13,14	77,35
Fasamo	0,04	6,18	0,03	0,11	0,07	2,21	8,44	0,89	52,58	3,28	22,14	1,43	0,81	0,41	0,35	0,17	0,21	9,83	10,08	79,43
Fédora 17	0,03	6,29	0,03	0,12	0,06	2,43	9,41	0,83	55,38	2,93	19,78	1,13	0,67	0,36	0,11	0,00	0,15	9,59	10,90	79,22
Fédora 19	0,04	6,06	0,03	0,11	0,07	2,41	9,17	0,79	55,27	2,47	20,80	1,07	0,74	0,36	0,15	0,00	0,21	9,48	10,69	79,60
Fédrina 74	0,03	5,84	0,03	0,11	0,06	2,59	9,64	0,77	56,11	2,06	19,56	0,83	0,82	0,01	0,32	0,15	0,21	9,81	10,77	78,55
Félina	0,03	5,84	0,03	0,12	0,07	2,45	8,99	0,81	56,22	2,84	19,27	1,12	0,71	0,35	0,29	0,13	0,20	9,50	10,50	79,46
Férimon	0,03	6,03	0,03	0,12	0,06	2,45	10,43	0,91	51,92	3,29	19,56	1,36	0,74	0,43	0,35	0,18	0,20	9,83	12,13	76,13
Fibrimon	0,03	5,84	0,03	0,11	0,07	2,22	10,02	0,80	54,69	3,00	19,47	1,15	0,78	0,41	0,33	0,14	0,21	9,41	11,58	78,31
Fibrimon 56	0,03	5,74	0,03	0,10	0,06	2,28	9,32	0,75	54,30	2,63	21,39	1,16	0,73	0,38	0,29	0,12	0,19	9,25	10,77	79,48
Futura	0,03	6,00	0,03	0,12	0,06	2,43	7,64	0,83	55,80	2,12	21,77	0,98	0,65	0,37	0,28	0,13	0,20	9,58	9,20	80,68
FxT	0,03	5,68	0,04	0,11	0,06	2,52	10,60	0,74	55,76	1,64	20,16	0,70	0,77	0,38	0,21	0,02	0,15	9,30	12,01	78,26
GB14	0,03	5,90	0,03	0,11	0,07	2,01	9,33	0,79	54,95	1,09	23,16	0,69	0,59	0,36	0,22	0,11	0,14	8,93	10,77	79,90
GB15	0,03	5,48	0,03	0,09	0,06	2,36	10,68	0,63	55,41	0,97	21,49	0,58	0,72	0,38	0,26	0,10	0,19	9,03	12,00	78,45
GB16	0,04	6,11	0,03	0,09	0,07	2,69	8,24	0,72	52,39	2,86	22,57	1,34	0,90	0,01	0,36	0,17	0,19	10,36	9,29	79,17
GB17	0,03	5,55	0,05	0,10	0,07	2,17	8,39	0,75	51,29	2,74	24,67	1,48	0,73	0,43	0,32	0,14	0,18	9,01	9,90	80,18
GB18	0,04	5,78	0,03	0,12	0,08	2,31	8,85	0,77	53,15	1,14	24,43	0,66	0,83	0,46	0,33	0,15	0,22	9,52	10,45	79,38
GB20	0,03	5,47	0,03	0,11	0,08	2,48	11,02	0,73	54,69	2,28	19,80	1,17	0,62	0,40	0,24	0,11	0,15	9,02	12,44	77,93
GB21	0,03	5,64	0,03	0,10	0,06	2,42	10,06	0,69	54,88	1,92	20,96	0,85	0,84	0,40	0,32	0,13	0,18	9,44	11,44	78,62
GB22	0,02	5,96	0,03	0,11	0,06	2,58	8,36	0,68	57,00	2,06	20,73	0,86	0,64	0,35	0,08	0,00	0,14	9,35	9,66	80,64
GB23	0,03	5,37	0,03	0,09	0,07	2,63	13,14	0,60	52,08	0,67	22,72	0,39	0,74	0,42	0,25	0,10	0,16	9,19	14,44	75,85
GB24	0,03	6,20	0,03	0,10	0,06	2,59	9,89	0,66	53,76	0,80	23,43	0,50	0,63	0,36	0,23	0,09	0,16	9,83	11,21	78,49
GB26	0,03	6,07	0,04	0,11	0,06	2,64	9,14	0,73	53,25	1,22	23,29	0,73	0,72	0,35	0,44	0,21	0,21	10,17	10,58	78,49
GB27	0,03	5,83	0,03	0,11	0,07	2,30	9,16	0,75	54,02	2,21	22,13	1,05	0,74	0,43	0,28	0,11	0,18	9,35	10,66	79,41
GB28	0,03	5,71	0,03	0,11	0,07	2,29	9,64	0,86	55,25	1,92	21,52	0,91	0,63	0,01	0,12	0,00	0,17	8,86	10,82	79,60
GB29	0,03	6,26	0,03	0,12	0,07	2,61	10,67	0,73	54,82	1,12	20,48	0,56	0,82	0,36	0,31	0,16	0,30	10,26	12,21	76,99
GB30	0,03	5,79	0,03	0,10	0,07	2,59	10,25	0,76	55,39	2,70	19,12	1,07	0,70	0,36	0,28	0,13	0,19	9,58	11,68	78,28
GB31	0,03	5,66	0,03	0,09	0,06	2,77	10,10	0,69	55,86	2,56	18,74	0,97	0,88	0,37	0,33	0,14	0,21	9,88	11,48	78,14
GB32	0,04	5,75	0,07	0,10	0,07	2,63	10,97	0,81	53,78	2,58	18,82	0,98	0,97	0,43	0,42	0,19	0,21	10,08	12,60	76,16

Fortsetzung Tabelle A15: Fettsäurezusammensetzung (g/100g Öl) von 60 Hanfgenotypen in der Saison 2000

Genotyp	14:0	16:0	16:1 D7	16:1 D9	17:0	18:0	18:1 D9	18:1 D11	18:2 D9,12	18:3 D6,9,12	18:3 D9,12,15	18:4 D6,9,12,15	20:0	20:1	22:0	24:0	24:1 D15	SAFA	MUFA	PUFA
GB33	0,04	5,94	0,03	0,12	0,07	2,25	9,97	0,76	55,64	1,61	20,07	0,80	0,86	0,40	0,02	0,19	0,21	9,37	11,50	78,12
GB34	0,03	5,62	0,03	0,09	0,07	2,31	9,28	0,69	54,09	2,27	21,99	1,15	0,86	0,40	0,33	0,15	0,19	9,36	10,67	79,49
GB35	0,04	5,72	0,03	0,11	0,07	2,54	10,74	0,70	55,49	1,63	19,44	0,78	0,93	0,01	0,36	0,15	0,20	9,82	11,79	77,33
GB36	0,03	5,85	0,03	0,10	0,07	2,66	8,33	0,67	54,10	0,97	24,58	0,65	0,58	0,34	0,23	0,11	0,19	9,53	9,66	80,29
Glera	0,03	5,83	0,03	0,10	0,06	2,69	9,41	0,78	57,08	2,30	18,71	0,90	0,64	0,41	0,26	0,12	0,20	9,64	10,93	78,98
Gluchivski-33	0,03	5,66	0,03	0,10	0,07	2,26	8,34	0,75	54,19	2,37	22,49	1,14	0,83	0,44	0,35	0,17	0,20	9,37	9,86	80,19
Gluchivski -46	0,04	6,00	0,03	0,11	0,07	2,67	10,09	0,77	56,69	2,07	18,48	0,79	0,71	0,36	0,29	0,13	0,19	9,90	11,56	78,04
Helvetica	0,03	5,49	0,03	0,10	0,06	2,53	10,86	0,71	56,08	2,72	17,98	1,00	0,84	0,42	0,31	0,13	0,20	9,39	12,31	77,78
Lipko	0,04	5,71	0,03	0,12	0,06	2,55	10,07	0,74	55,15	2,00	20,49	0,90	0,76	0,37	0,28	0,12	0,19	9,52	11,51	78,55
Juso 14	0,03	6,54	0,03	0,14	0,05	2,03	7,54	0,93	58,01	4,08	16,88	1,32	0,67	0,41	0,31	0,14	0,21	9,78	9,26	80,28
Juso 31	0,03	5,73	0,03	0,10	0,07	2,78	9,17	0,75	54,80	3,56	19,31	1,33	0,76	0,38	0,30	0,13	0,21	9,80	10,63	79,00
Kompolti	0,03	5,82	0,03	0,09	0,07	2,36	9,14	0,69	54,99	1,23	22,69	0,68	0,67	0,37	0,28	0,12	0,17	9,35	10,50	79,59
Lovrin 110	0,03	5,62	0,03	0,09	0,07	2,31	9,28	0,69	54,09	2,27	21,99	1,15	0,86	0,40	0,33	0,15	0,19	9,36	10,67	79,49
Northern Light	0,04	5,44	0,04	0,05	0,04	2,02	8,64	0,69	49,66	1,19	28,91	1,20	0,47	0,18	0,22	0,10	0,04	8,32	9,64	80,97
P 51	0,03	6,28	0,03	0,10	0,06	2,24	8,64	0,74	53,22	3,13	22,03	1,43	0,66	0,39	0,27	0,12	0,18	9,67	10,07	79,82
P 52	0,03	6,11	0,00	0,10	0,06	2,71	9,95	0,72	53,82	1,68	21,88	0,91	0,71	0,38	0,28	0,13	0,35	10,02	11,50	78,30
P 53	0,03	5,87	0,03	0,09	0,07	2,45	8,67	0,71	54,19	2,20	22,37	1,09	0,72	0,39	0,29	0,13	0,18	9,56	10,07	79,84
P 54	0,03	5,90	0,03	0,11	0,07	2,60	10,67	0,75	55,65	1,58	19,84	0,72	0,67	0,34	0,26	0,12	0,16	9,64	12,06	77,79
P 57	0,03	6,16	0,03	0,12	0,06	2,46	10,69	0,78	55,24	1,11	20,56	0,52	0,77	0,37	0,30	0,12	0,18	9,89	12,17	77,44
P 59	0,03	5,77	0,02	0,10	0,06	2,53	10,15	0,74	56,17	1,64	20,38	0,80	0,65	0,35	0,12	0,00	0,15	9,16	11,52	78,99
P 60	0,03	6,15	0,03	0,11	0,06	2,08	10,12	0,81	57,24	1,77	18,66	0,72	0,68	0,39	0,29	0,13	0,19	9,43	11,64	78,39
Ramo	0,03	5,85	0,04	0,10	0,06	2,49	9,57	0,73	54,54	1,30	22,29	0,66	0,70	0,38	0,29	0,13	0,20	9,56	11,03	78,78
Skunk 1	0,03	5,28	0,04	0,00	0,01	2,60	9,88	0,60	51,75	1,48	25,39	1,00	0,56	0,01	0,21	0,08	0,01	8,77	10,55	79,62
The Passion 1	0,03	5,08	0,03	0,08	0,05	2,88	11,94	0,56	53,62	1,40	21,48	0,73	0,81	0,40	0,29	0,09	0,15	9,23	13,17	77,24
Uniko-B	0,03	5,99	0,03	0,11	0,07	2,68	9,69	0,71	55,40	1,48	20,85	0,71	0,79	0,37	0,29	0,12	0,18	9,97	11,08	78,44
Uso 14	0,04	5,95	0,03	0,13	0,07	2,33	8,89	0,81	54,52	3,43	20,22	1,45	0,78	0,37	0,31	0,13	0,18	9,61	10,41	79,62
Uso 31	0,03	5,93	0,03	0,11	0,07	2,61	9,99	0,77	55,87	2,81	18,35	1,07	0,78	0,39	0,30	0,12	0,21	9,84	11,50	78,10
White Widow	0,03	5,77	0,03	0,00	0,01	2,33	9,24	0,71	54,34	0,01	22,42	1,01	0,58	0,02	0,24	0,08	0,01	9,03	10,01	77,79
Zolo-11 <sup>2</sup>	0,03	5,77	0,04	0,11	0,08	2,41	9,12	0,77	55,69	2,74	19,65	1,11	0,70	0,39	0,29	0,12	0,19	9,40	10,62	79,20

<sup>1</sup>Dneprovskaya odnodomnaya 14

<sup>2</sup>Zolotonoshskaya-11

**Tabelle A16: Fettsäurezusammensetzung (g/100g Öl) von 57 Hanfgenotypen im Versuchsjahr 2001**

Genotyp	14:0	16:0	16:1 D7	16:1 D9	17:0	18:0	18:1 D9	18:1 D11	18:2 D9,12	18:3 D6,9,12	18:3 D9,12,15	18:4 D6,9,12,15	20:0	20:1 D11	20:2 D11,13	22:0	22:1 D13	24:0	24:1 D15	SAFA	MUFA	PUFA
Beniko	0,04	6,38	0,00	0,13	0,05	2,10	9,97	0,96	54,61	2,70	19,85	1,07	0,81	0,40	0,07	0,35	0,00	0,16	0,15	9,90	11,62	78,29
Bialobrezskic	0,04	5,89	0,03	0,13	0,06	2,29	9,66	0,88	53,78	2,42	21,77	1,11	0,71	0,40	0,07	0,28	0,00	0,12	0,14	9,38	11,24	79,16
Carmagnola	0,04	6,27	0,03	0,14	0,05	2,42	12,23	0,77	54,74	1,07	19,70	0,61	0,76	0,44	0,07	0,29	0,00	0,12	0,14	9,95	13,74	76,18
CS	0,03	6,32	0,03	0,11	0,07	2,31	12,81	0,71	53,66	1,24	20,04	0,71	0,73	0,42	0,07	0,28	0,00	0,11	0,14	9,84	14,22	75,71
D.o.-14 <sup>1</sup>	0,04	6,13	0,03	0,14	0,05	2,30	9,18	0,87	54,36	1,41	22,88	0,75	0,69	0,42	0,07	0,27	0,00	0,11	0,15	9,59	10,79	79,48
Epsilon 68	0,00	5,91	0,00	0,11	0,06	2,37	8,90	0,76	53,25	2,03	23,71	1,17	0,68	0,40	0,07	0,26	0,00	0,10	0,13	9,39	10,31	80,23
Fasamo	0,04	6,20	0,03	0,10	0,05	2,35	8,86	0,87	51,79	3,52	22,45	1,60	0,76	0,36	0,08	0,32	0,00	0,14	0,17	9,85	10,40	79,44
Fédora19	0,05	5,93	0,03	0,11	0,05	2,40	9,51	0,79	54,44	2,33	21,09	1,06	0,78	0,41	0,07	0,30	0,03	0,13	0,16	9,64	11,03	78,99
Fédrina74	0,03	5,47	0,03	0,10	0,06	2,42	9,53	0,71	55,22	2,28	21,23	1,03	0,73	0,41	0,07	0,28	0,00	0,11	0,15	9,10	10,94	79,82
Félina34	0,03	5,49	0,03	0,12	0,05	2,37	9,06	0,75	54,93	1,73	22,45	0,88	0,74	0,42	0,07	0,28	0,03	0,11	0,18	9,07	10,58	80,06
Férimon	0,04	5,65	0,03	0,10	0,06	2,63	9,74	0,66	54,44	1,40	22,64	0,85	0,67	0,39	0,07	0,27	0,00	0,10	0,13	9,42	11,06	79,40
Fibranova	0,03	5,70	0,03	0,12	0,07	2,33	13,57	0,71	54,42	1,34	18,94	0,72	0,69	0,39	0,06	0,26	0,03	0,10	0,15	9,18	15,00	75,48
Fibrimon 56	0,05	6,01	0,00	0,11	0,06	2,49	10,05	0,78	54,08	2,51	20,62	1,07	0,77	0,44	0,07	0,29	0,03	0,12	0,17	9,80	11,60	78,34
Futura	0,03	5,91	0,00	0,12	0,06	2,25	8,20	0,81	55,67	2,03	22,03	1,02	0,69	0,41	0,08	0,28	0,00	0,12	0,17	9,33	9,71	80,82
FxT	0,03	5,92	0,03	0,11	0,07	2,83	11,89	0,70	53,78	1,68	20,09	0,87	0,73	0,38	0,07	0,27	0,02	0,11	0,15	9,96	13,28	76,49
GB14	0,04	5,87	0,00	0,10	0,05	2,09	8,66	0,72	53,69	1,27	24,91	0,78	0,72	0,39	0,07	0,29	0,00	0,12	0,12	9,18	9,98	80,73
GB15	0,03	5,87	0,03	0,10	0,06	2,13	11,39	0,70	53,86	0,90	22,36	0,58	0,67	0,44	0,07	0,26	0,03	0,10	0,16	9,11	12,85	77,77
GB16	0,04	5,59	0,03	0,10	0,06	2,69	10,38	0,70	54,86	2,17	19,81	0,95	1,03	0,41	0,07	0,42	0,02	0,18	0,18	10,01	11,83	77,86
GB17	0,03	5,82	0,03	0,11	0,05	2,33	9,73	0,78	55,02	1,75	21,22	0,86	0,75	0,39	0,07	0,31	0,02	0,03	0,01	9,32	11,07	78,90
GB18	0,04	6,09	0,00	0,14	0,06	2,36	9,25	0,85	53,34	1,67	23,23	0,83	0,81	0,46	0,07	0,32	0,00	0,12	0,17	9,80	10,86	79,15
GB19	0,03	5,02	0,03	0,10	0,07	2,99	9,92	0,67	52,44	3,00	22,14	1,66	0,75	0,37	0,07	0,25	0,00	0,10	0,12	9,21	11,21	79,30
GB20	0,06	5,54	0,03	0,14	0,07	2,37	11,63	0,71	52,90	1,80	21,46	1,10	0,67	0,46	0,07	0,27	0,04	0,02	0,02	9,00	13,02	77,33
GB21	0,00	5,50	0,00	0,10	0,06	2,53	10,19	0,68	54,09	1,53	22,52	0,78	0,84	0,39	0,07	0,32	0,03	0,13	0,12	9,38	11,52	78,99
GB22	0,03	5,59	0,03	0,09	0,05	2,46	9,29	0,69	54,33	1,51	22,79	0,84	0,80	0,44	0,07	0,34	0,03	0,13	0,18	9,40	10,75	79,52
GB23	0,03	5,40	0,00	0,10	0,07	2,68	15,50	0,67	49,06	1,54	22,17	0,89	0,61	0,45	0,05	0,23	0,03	0,09	0,14	9,10	16,89	73,70
GB24	0,00	6,21	0,00	0,11	0,06	2,29	9,65	0,76	53,58	1,78	22,76	0,93	0,74	0,45	0,07	0,29	0,00	0,11	0,14	9,70	11,11	79,13
GB25	0,00	5,56	0,00	0,11	0,07	2,38	10,12	0,71	52,27	1,15	24,86	0,78	0,79	0,43	0,07	0,28	0,00	0,12	0,15	9,20	11,52	79,14
GB26	0,04	5,87	0,04	0,11	0,06	2,31	9,65	0,75	52,39	1,62	23,99	1,19	0,66	0,40	0,08	0,25	0,03	0,10	0,15	9,28	11,12	79,28
GB27	0,04	6,18	0,03	0,13	0,05	2,33	9,68	0,85	53,66	2,20	21,85	1,01	0,76	0,44	0,07	0,30	0,00	0,12	0,15	9,77	11,28	78,79
GB28	0,03	5,60	0,03	0,09	0,07	2,57	9,53	0,65	52,79	1,40	24,25	0,89	0,68	0,43	0,07	0,26	0,03	0,10	0,15	9,31	10,92	79,41
GB29	0,04	6,07	0,04	0,11	0,06	2,47	12,39	0,71	53,68	1,54	19,91	0,80	0,84	0,43	0,07	0,32	0,03	0,13	0,14	9,94	13,84	75,99

Fortsetzung Tabelle A16: Fettsäurezusammensetzung (g/100g Öl) von 57 Hanfgenotypen im Versuchsjahr 2001

Genotyp	14:0	16:0	16:1	16:1	17:0	18:0	18:1	18:1	18:2	18:3	18:3	18:4	20:0	20:1	20:2	22:0	22:1	24:0	24:1	SAFA	MUFA	PUFA
			D7	D9			D9	D11	D9,12	D6,9,12	D9,12,15	D6,9,12,15		D11	D11,13		D13	D15				
GB30	0,05	6,00	0,00	0,12	0,06	2,73	10,01	0,74	55,73	2,52	19,00	1,07	0,79	0,39	0,07	0,30	0,00	0,12	0,16	10,04	11,43	78,39
GB31	0,04	5,72	0,03	0,09	0,06	2,30	9,40	0,72	55,86	2,14	20,34	0,94	0,88	0,43	0,07	0,34	0,03	0,15	0,17	9,51	10,86	79,35
GB32	0,04	6,07	0,03	0,12	0,06	2,17	10,30	0,85	57,04	1,28	19,29	0,53	0,86	0,42	0,08	0,36	0,00	0,16	0,17	9,70	11,88	78,22
GB33	0,04	5,64	0,04	0,10	0,06	2,55	9,67	0,69	54,21	1,43	22,54	0,85	0,86	0,43	0,07	0,31	0,03	0,12	0,16	9,57	11,11	79,10
GB36	0,00	6,21	0,00	0,12	0,06	2,70	9,13	0,72	54,28	1,35	23,04	0,83	0,62	0,35	0,07	0,22	0,00	0,09	0,14	9,90	10,45	79,58
Glera	0,03	6,14	0,03	0,14	0,06	2,13	7,71	0,82	54,70	2,92	21,59	1,55	0,71	0,47	0,08	0,28	0,03	0,11	0,17	9,47	9,38	80,84
Gluchivski-33	0,03	5,38	0,04	0,09	0,06	2,14	9,38	0,75	55,37	3,15	20,06	1,32	0,70	0,39	0,07	0,29	0,03	0,02	0,16	8,62	10,83	79,98
Gluchivski-46	0,03	5,75	0,03	0,10	0,05	2,28	9,64	0,78	54,48	1,83	22,04	0,90	0,71	0,43	0,07	0,30	0,05	0,13	0,18	9,24	11,21	79,31
Helvetica	0,00	5,85	0,00	0,09	0,06	2,53	10,55	0,66	52,38	1,53	23,60	0,97	0,72	0,44	0,07	0,27	0,00	0,10	0,12	9,53	11,86	78,55
Lipko	0,00	5,70	0,00	0,11	0,00	2,56	11,09	0,76	54,51	0,00	21,03	0,79	0,79	0,36	0,06	0,31	0,00	0,14	0,13	9,49	12,44	76,38
Juso 14	0,04	5,88	0,04	0,11	0,06	2,24	10,98	0,80	52,18	2,60	21,71	1,31	0,68	0,39	0,07	0,28	0,01	0,12	0,15	9,29	12,49	77,87
Juso 31	0,00	5,31	0,00	0,10	0,06	2,63	10,72	0,73	54,45	2,27	20,64	1,05	0,86	0,37	0,06	0,34	0,03	0,14	0,16	9,34	12,10	78,47
Kompolti	0,03	5,79	0,03	0,10	0,05	2,79	10,17	0,64	54,15	1,21	22,25	0,71	0,74	0,42	0,07	0,27	0,03	0,10	0,17	9,77	11,56	78,39
Lovrin 110	0,00	5,60	0,00	0,10	0,06	2,47	10,21	0,68	55,74	1,36	20,99	0,67	0,88	0,41	0,07	0,36	0,00	0,14	0,14	9,51	11,55	78,84
P51	0,04	5,81	0,03	0,11	0,06	2,48	9,00	0,76	54,45	1,98	22,14	0,90	0,77	0,40	0,07	0,29	0,03	0,11	0,01	9,57	10,35	79,54
P52	0,00	5,94	0,00	0,11	0,07	2,86	12,20	0,71	53,62	1,67	20,03	0,86	0,74	0,39	0,07	0,28	0,09	0,11	0,12	10,00	13,62	76,24
P53	0,03	5,73	0,00	0,09	0,06	2,26	9,23	0,69	53,07	1,97	23,93	1,17	0,66	0,41	0,07	0,25	0,00	0,11	0,13	9,10	10,55	80,22
P54	0,03	5,54	0,00	0,10	0,06	2,56	9,41	0,66	54,79	1,41	22,88	0,86	0,68	0,39	0,07	0,25	0,00	0,10	0,13	9,22	10,68	80,00
P56	0,05	6,71	0,03	0,11	0,05	3,03	12,20	0,75	52,21	0,88	21,40	0,46	0,81	0,37	0,05	0,34	0,05	0,14	0,14	11,14	13,66	75,00
P57	0,04	5,98	0,03	0,11	0,04	2,43	9,95	0,80	55,26	1,60	20,99	0,73	0,82	0,39	0,07	0,33	0,00	0,14	0,14	9,79	11,42	78,64
P59	0,03	5,68	0,00	0,08	0,06	2,54	10,35	0,63	53,55	1,44	23,07	0,85	0,66	0,42	0,07	0,24	0,00	0,10	0,13	9,31	11,61	78,98
P60	0,03	5,31	0,03	0,10	0,06	2,34	10,15	0,72	53,83	2,02	22,44	1,05	0,70	0,40	0,07	0,27	0,00	0,11	0,13	8,82	11,53	79,40
Ramo	0,00	5,77	0,00	0,12	0,07	2,29	10,03	0,79	53,18	1,78	22,49	0,96	0,74	0,49	0,10	0,30	0,46	0,12	0,17	9,30	12,07	78,50
Uniko-B	0,04	5,88	0,03	0,12	0,06	2,49	10,80	0,71	55,01	1,24	20,95	0,68	0,74	0,41	0,07	0,29	0,00	0,11	0,16	9,61	12,23	77,95
Uso 14	0,04	5,74	0,03	0,10	0,05	2,30	9,08	0,81	53,91	3,10	21,41	1,35	0,74	0,37	0,07	0,31	0,04	0,14	0,14	9,33	10,57	79,84
Zolo-11 <sup>2</sup>	0,05	6,49	0,03	0,16	0,07	2,35	9,88	0,81	52,07	1,99	22,87	1,19	0,73	0,42	0,07	0,28	0,05	0,11	0,17	10,09	11,52	78,18

<sup>1</sup>Dneprovskaya odnodomnaya 14

<sup>2</sup>Zolotonoshskaya-11

**Tabelle A17: Fettsäurezusammensetzung (g/100g Samen) von 60 Hanfgenotypen im Versuchsjahr 2000**

Genotyp	14:0	16:0	16:1 D7	16:1 D9	17:0	18:0	18:1 D9	18:1 D11	18:2 D9,12	18:3 D6,9,12	18:3 D9,12,15	18:4 D6,9,12,15	20:0	20:1	22:0	24:0	24:1 D15	SAFA	MUFA	PUFA
Beniko	0,01	2,19	0,01	0,04	0,02	0,96	3,27	0,29	21,56	1,14	6,80	0,39	0,26	0,14	0,10	0,04	0,07	3,59	3,82	29,88
Bialobrezskie	0,01	1,89	0,01	0,04	0,02	0,82	3,37	0,26	19,09	0,83	6,10	0,31	0,26	0,13	0,10	0,04	0,07	3,14	3,88	26,32
D.o.-14 <sup>1</sup>	0,01	1,64	0,01	0,03	0,02	0,58	2,42	0,24	14,63	0,71	6,08	0,34	0,20	0,13	0,09	0,05	0,05	2,59	2,88	21,76
Epsilon 68	0,01	1,84	0,01	0,03	0,02	0,82	3,79	0,24	18,04	0,47	6,23	0,20	0,22	0,12	0,04	0,00	0,05	2,95	4,24	24,95
Fasamo	0,01	1,85	0,01	0,03	0,02	0,66	2,53	0,27	15,77	0,98	6,64	0,43	0,24	0,12	0,11	0,05	0,06	2,95	3,03	23,83
Fédora 17	0,01	2,19	0,01	0,04	0,02	0,84	3,27	0,29	19,25	1,02	6,87	0,39	0,23	0,13	0,04	0,00	0,05	3,33	3,79	27,53
Fédora 19	0,01	1,97	0,01	0,04	0,02	0,78	2,98	0,26	17,96	0,80	6,76	0,35	0,24	0,12	0,05	0,00	0,07	3,08	3,47	25,87
Fédrina 74	0,01	1,87	0,01	0,04	0,02	0,83	3,09	0,25	17,95	0,66	6,26	0,27	0,26	0,00	0,10	0,05	0,07	3,14	3,45	25,14
Félina	0,01	1,97	0,01	0,04	0,02	0,83	3,03	0,27	18,98	0,96	6,50	0,38	0,24	0,12	0,10	0,04	0,07	3,21	3,54	26,82
Férimon	0,01	1,94	0,01	0,04	0,02	0,79	3,36	0,29	16,74	1,06	6,31	0,44	0,24	0,14	0,11	0,06	0,07	3,17	3,91	24,55
Fibrimon	0,01	1,84	0,01	0,03	0,02	0,70	3,15	0,25	17,23	0,94	6,13	0,36	0,25	0,13	0,10	0,04	0,07	2,96	3,65	24,67
Fibrimon 56	0,01	2,07	0,01	0,04	0,02	0,82	3,36	0,27	19,55	0,95	7,70	0,42	0,26	0,14	0,10	0,04	0,07	3,33	3,88	28,61
Futura	0,01	1,91	0,01	0,04	0,02	0,77	2,43	0,26	17,72	0,67	6,91	0,31	0,21	0,12	0,09	0,04	0,06	3,04	2,92	25,61
FxT	0,01	1,99	0,01	0,04	0,02	0,88	3,71	0,26	19,52	0,58	7,06	0,25	0,27	0,13	0,07	0,01	0,05	3,26	4,20	27,39
GB14	0,01	1,99	0,01	0,04	0,02	0,68	3,15	0,27	18,55	0,37	7,82	0,23	0,20	0,12	0,08	0,04	0,05	3,02	3,63	26,96
GB15	0,01	1,88	0,01	0,03	0,02	0,81	3,66	0,22	18,98	0,33	7,36	0,20	0,25	0,13	0,09	0,04	0,06	3,09	4,11	26,87
GB16	0,01	1,79	0,01	0,03	0,02	0,79	2,41	0,21	15,33	0,84	6,60	0,39	0,26	0,00	0,11	0,05	0,06	3,03	2,72	23,16
GB17	0,01	1,76	0,02	0,03	0,02	0,69	2,66	0,24	16,29	0,87	7,83	0,47	0,23	0,14	0,10	0,04	0,06	2,86	3,14	25,46
GB18	0,01	1,98	0,01	0,04	0,03	0,79	3,03	0,26	18,20	0,39	8,37	0,23	0,28	0,16	0,11	0,05	0,08	3,26	3,58	27,19
GB20	0,01	2,00	0,01	0,04	0,03	0,90	4,02	0,27	19,96	0,83	7,23	0,43	0,23	0,15	0,09	0,04	0,06	3,29	4,54	28,45
GB21	0,01	1,95	0,01	0,03	0,02	0,84	3,47	0,24	18,93	0,66	7,23	0,29	0,29	0,14	0,11	0,04	0,06	3,26	3,95	27,12
GB22	0,01	2,16	0,01	0,04	0,02	0,93	3,03	0,25	20,66	0,75	7,51	0,31	0,23	0,13	0,03	0,00	0,05	3,39	3,50	29,23
GB23	0,01	1,60	0,01	0,03	0,02	0,78	3,91	0,18	15,49	0,20	6,76	0,12	0,22	0,13	0,07	0,03	0,05	2,73	4,30	22,57
GB24	0,01	1,97	0,01	0,03	0,02	0,82	3,14	0,21	17,07	0,25	7,44	0,16	0,20	0,11	0,07	0,03	0,05	3,12	3,56	24,92
GB26	0,01	1,97	0,01	0,04	0,02	0,86	2,97	0,24	17,30	0,40	7,57	0,24	0,23	0,11	0,14	0,07	0,07	3,31	3,44	25,51
GB27	0,01	1,78	0,01	0,03	0,02	0,70	2,79	0,23	16,48	0,68	6,75	0,32	0,22	0,13	0,09	0,03	0,05	2,85	3,25	24,22
GB28	0,01	1,90	0,01	0,04	0,02	0,76	3,20	0,29	18,37	0,64	7,16	0,30	0,21	0,00	0,04	0,00	0,06	2,94	3,60	26,47
GB29	0,01	2,24	0,01	0,04	0,03	0,93	3,82	0,26	19,60	0,40	7,32	0,20	0,29	0,13	0,11	0,06	0,11	3,67	4,37	27,52
GB30	0,01	1,61	0,01	0,03	0,02	0,72	2,84	0,21	15,37	0,75	5,31	0,30	0,19	0,10	0,08	0,04	0,05	2,66	3,24	21,72
GB31	0,01	1,91	0,01	0,03	0,02	0,94	3,41	0,23	18,85	0,87	6,33	0,33	0,30	0,12	0,11	0,05	0,07	3,33	3,88	26,37
GB32	0,01	1,58	0,02	0,03	0,02	0,72	3,02	0,22	14,79	0,71	5,18	0,27	0,27	0,12	0,12	0,05	0,06	2,77	3,46	20,94

**Fortsetzung Tabelle A17: Fettsäurezusammensetzung (g/100g Samen) von 60 Hanfgenotypen im Versuchsjahr 2000**

Genotyp	14:0	16:0	16:1 D7	16:1 D9	17:0	18:0	18:1 D9	18:1 D11	18:2 D9,12	18:3 D6,9,12	18:3 D9,12,15	18:4 D6,9,12,15	20:0	20:1 D11	22:0	24:0	24:1 D15	SAFA	MUFA	PUFA
GB33	0,01	1,89	0,01	0,04	0,02	0,71	3,17	0,24	17,66	0,51	6,37	0,25	0,27	0,13	0,01	0,06	0,07	2,97	3,65	24,80
GB34	0,01	1,62	0,01	0,03	0,02	0,66	2,67	0,20	15,55	0,65	6,32	0,33	0,25	0,11	0,10	0,04	0,05	2,69	3,07	22,85
GB35	0,01	1,89	0,01	0,04	0,02	0,84	3,54	0,23	18,31	0,54	6,42	0,26	0,31	0,00	0,12	0,05	0,07	3,24	3,89	25,52
GB36	0,01	1,90	0,01	0,03	0,02	0,86	2,71	0,22	17,58	0,31	7,99	0,21	0,19	0,11	0,07	0,03	0,06	3,10	3,14	26,10
Glera	0,01	2,03	0,01	0,04	0,02	0,94	3,27	0,27	19,83	0,80	6,50	0,31	0,22	0,14	0,09	0,04	0,07	3,35	3,80	27,45
Gluchivski-33	0,01	1,73	0,01	0,03	0,02	0,69	2,54	0,23	16,53	0,72	6,86	0,35	0,25	0,13	0,11	0,05	0,06	2,86	3,01	24,46
Gluchivski -46	0,01	2,00	0,01	0,04	0,02	0,89	3,35	0,26	18,85	0,69	6,14	0,26	0,24	0,12	0,10	0,04	0,06	3,29	3,84	25,95
Helvetica	0,01	1,98	0,01	0,04	0,02	0,91	3,91	0,25	20,19	0,98	6,47	0,36	0,30	0,15	0,11	0,05	0,07	3,38	4,43	28,00
Lipko	0,01	2,00	0,01	0,04	0,02	0,89	3,53	0,26	19,30	0,70	7,17	0,32	0,27	0,13	0,10	0,04	0,07	3,33	4,03	27,49
Juso 14	0,01	2,14	0,01	0,05	0,02	0,67	2,47	0,30	19,00	1,33	5,53	0,43	0,22	0,13	0,10	0,05	0,07	3,20	3,03	26,29
Juso 31	0,01	1,98	0,01	0,04	0,02	0,96	3,16	0,26	18,90	1,23	6,66	0,46	0,26	0,13	0,10	0,04	0,07	3,38	3,67	27,25
Kompolti	0,01	1,91	0,01	0,03	0,02	0,77	2,99	0,23	18,01	0,40	7,43	0,22	0,22	0,12	0,09	0,04	0,05	3,06	3,44	26,07
Lovrin 110	0,01	1,94	0,01	0,03	0,02	0,80	3,20	0,24	18,66	0,78	7,59	0,40	0,30	0,14	0,11	0,05	0,07	3,23	3,68	27,42
Northern Light	0,01	1,66	0,01	0,02	0,01	0,62	2,65	0,21	15,21	0,37	8,85	0,37	0,14	0,05	0,07	0,03	0,01	2,55	2,95	24,80
P 51	0,01	2,15	0,01	0,03	0,02	0,77	2,96	0,25	18,23	1,07	7,55	0,49	0,23	0,13	0,09	0,04	0,06	3,31	3,45	27,34
P 52	0,01	2,14	0,00	0,03	0,02	0,95	3,48	0,25	18,84	0,59	7,66	0,32	0,25	0,13	0,10	0,04	0,12	3,51	4,03	27,40
P 53	0,01	2,09	0,01	0,03	0,02	0,87	3,08	0,25	19,24	0,78	7,94	0,39	0,25	0,14	0,10	0,05	0,06	3,39	3,58	28,34
P 54	0,01	2,02	0,01	0,04	0,02	0,89	3,66	0,26	19,06	0,54	6,80	0,25	0,23	0,12	0,09	0,04	0,05	3,30	4,13	26,64
P 57	0,01	2,26	0,01	0,04	0,02	0,90	3,93	0,29	20,30	0,41	7,56	0,19	0,28	0,14	0,11	0,04	0,07	3,64	4,47	28,46
P 59	0,01	2,06	0,01	0,04	0,02	0,90	3,63	0,26	20,08	0,58	7,29	0,29	0,23	0,13	0,04	0,00	0,05	3,27	4,12	28,24
P 60	0,01	2,14	0,01	0,04	0,02	0,72	3,52	0,28	19,89	0,62	6,48	0,25	0,24	0,14	0,10	0,05	0,07	3,28	4,05	27,24
Ramo	0,01	2,15	0,02	0,04	0,02	0,92	3,52	0,27	20,04	0,48	8,19	0,24	0,26	0,14	0,11	0,05	0,07	3,51	4,05	28,95
Skunk 1	0,01	1,99	0,01	0,00	0,00	0,98	3,72	0,23	19,49	0,56	9,56	0,38	0,21	0,00	0,08	0,03	0,00	3,30	3,97	29,99
The Passion 1	0,01	1,89	0,01	0,03	0,02	1,07	4,45	0,21	19,97	0,52	8,00	0,27	0,30	0,15	0,11	0,03	0,06	3,44	4,90	28,77
Uniko-B	0,01	1,95	0,01	0,04	0,02	0,87	3,15	0,23	18,00	0,48	6,78	0,23	0,26	0,12	0,10	0,04	0,06	3,24	3,60	25,49
Uso 14	0,01	1,86	0,01	0,04	0,02	0,73	2,78	0,25	17,04	1,07	6,32	0,45	0,24	0,12	0,10	0,04	0,06	3,00	3,25	24,88
Uso 31	0,01	1,90	0,01	0,04	0,02	0,83	3,20	0,25	17,88	0,90	5,87	0,34	0,25	0,13	0,10	0,04	0,07	3,15	3,68	24,99
White Widow	0,01	1,92	0,01	0,00	0,00	0,78	3,07	0,24	18,07	0,00	7,46	0,34	0,19	0,01	0,08	0,03	0,00	3,00	3,33	25,86
Zolo-11 <sup>2</sup>	0,01	1,77	0,01	0,03	0,02	0,74	2,81	0,24	17,12	0,84	6,04	0,34	0,21	0,12	0,09	0,04	0,06	2,89	3,27	24,35

<sup>1</sup>Dneprovskaya odnodomnaya 14

<sup>2</sup>Zolotonoshskaya-11

**Tabelle A18: Fettsäurezusammensetzung (g/100g Samen) von 57 Hanfgenotypen im Versuchsjahr 2001**

Genotyp	14:0	16:0	16:1 D7	16:1 D9	17:0	18:0	18:1 D9	18:1 D11	18:2 D9,12	18:3 D6,9,12	18:3 D9,12,15	18:4 D6,9,12,15	20:0	20:1 D11	20:2 D11,13	22:0	22:1 D13	24:0	24:1 D15	SAFA	MUFA	PUFA
Beniko	0,01	2,03	0,00	0,04	0,02	0,67	3,17	0,30	17,34	0,86	6,30	0,34	0,26	0,13	0,02	0,11	0,00	0,05	0,05	3,14	3,69	24,86
Bialobrezeskie	0,01	1,74	0,01	0,04	0,02	0,67	2,85	0,26	15,87	0,71	6,42	0,33	0,21	0,12	0,02	0,08	0,00	0,04	0,04	2,77	3,32	23,35
Carmagnola	0,01	2,02	0,01	0,04	0,02	0,78	3,94	0,25	17,66	0,34	6,35	0,20	0,25	0,14	0,02	0,09	0,00	0,04	0,04	3,21	4,43	24,57
CS	0,01	1,91	0,01	0,03	0,02	0,70	3,88	0,22	16,23	0,38	6,06	0,22	0,22	0,13	0,02	0,08	0,00	0,03	0,04	2,98	4,30	22,90
D.o.-14 <sup>1</sup>	0,01	1,74	0,01	0,04	0,01	0,65	2,60	0,25	15,40	0,40	6,48	0,21	0,19	0,12	0,02	0,08	0,00	0,03	0,04	2,72	3,06	22,52
Epsilon 68	0,00	1,83	0,00	0,04	0,02	0,74	2,76	0,24	16,51	0,63	7,35	0,36	0,21	0,12	0,02	0,08	0,00	0,03	0,04	2,91	3,20	24,87
Fasamo	0,01	2,03	0,01	0,03	0,02	0,77	2,90	0,29	16,96	1,15	7,35	0,52	0,25	0,12	0,03	0,10	0,00	0,04	0,06	3,23	3,41	26,02
Fédora19	0,02	1,96	0,01	0,04	0,02	0,79	3,14	0,26	17,96	0,77	6,96	0,35	0,26	0,13	0,02	0,10	0,01	0,04	0,05	3,18	3,64	26,07
Fédrina74	0,01	1,83	0,01	0,03	0,02	0,81	3,19	0,24	18,50	0,76	7,11	0,34	0,25	0,14	0,02	0,09	0,00	0,04	0,05	3,05	3,66	26,74
Félina34	0,01	1,87	0,01	0,04	0,02	0,81	3,08	0,26	18,68	0,59	7,63	0,30	0,25	0,14	0,02	0,09	0,01	0,04	0,06	3,08	3,60	27,22
Férimon	0,01	1,72	0,01	0,03	0,02	0,80	2,97	0,20	16,60	0,43	6,91	0,26	0,21	0,12	0,02	0,08	0,00	0,03	0,04	2,87	3,37	24,22
Fibranova	0,01	1,78	0,01	0,04	0,02	0,73	4,24	0,22	17,01	0,42	5,92	0,22	0,22	0,12	0,02	0,08	0,01	0,03	0,05	2,87	4,69	23,59
Fibrimon 56	0,02	2,15	0,00	0,04	0,02	0,89	3,59	0,28	19,33	0,90	7,37	0,38	0,28	0,16	0,03	0,10	0,01	0,04	0,06	3,50	4,15	28,01
Futura	0,01	1,80	0,00	0,04	0,02	0,69	2,50	0,25	16,98	0,62	6,72	0,31	0,21	0,12	0,02	0,08	0,00	0,04	0,05	2,85	2,96	24,65
FxT	0,01	2,00	0,01	0,04	0,02	0,96	4,01	0,24	18,15	0,57	6,78	0,29	0,25	0,13	0,02	0,09	0,01	0,04	0,05	3,36	4,48	25,81
GB14	0,01	2,04	0,00	0,04	0,02	0,73	3,01	0,25	18,66	0,44	8,66	0,27	0,25	0,13	0,03	0,10	0,00	0,04	0,04	3,19	3,47	28,05
GB15	0,01	2,07	0,01	0,03	0,02	0,75	4,01	0,25	18,99	0,32	7,88	0,21	0,24	0,15	0,02	0,09	0,01	0,03	0,06	3,21	4,53	27,41
GB16	0,01	1,62	0,01	0,03	0,02	0,78	3,01	0,20	15,91	0,63	5,75	0,27	0,30	0,12	0,02	0,12	0,01	0,05	0,05	2,90	3,43	22,58
GB17	0,01	1,60	0,01	0,03	0,02	0,64	2,67	0,21	15,13	0,48	5,83	0,24	0,21	0,11	0,02	0,08	0,01	0,01	0,00	2,56	3,04	21,70
GB18	0,01	1,98	0,00	0,04	0,02	0,77	3,01	0,28	17,34	0,54	7,55	0,27	0,26	0,15	0,02	0,10	0,00	0,04	0,05	3,19	3,53	25,72
GB19	0,01	1,59	0,01	0,03	0,02	0,95	3,15	0,21	16,65	0,95	7,03	0,53	0,24	0,12	0,02	0,08	0,00	0,03	0,04	2,93	3,56	25,18
GB20	0,02	1,62	0,01	0,04	0,02	0,69	3,40	0,21	15,47	0,53	6,28	0,32	0,20	0,13	0,02	0,08	0,01	0,01	0,00	2,63	3,81	22,62
GB21	0,00	1,83	0,00	0,03	0,02	0,84	3,39	0,23	17,98	0,51	7,49	0,26	0,28	0,13	0,02	0,11	0,01	0,04	0,04	3,12	3,83	26,26
GB22	0,01	1,73	0,01	0,03	0,02	0,76	2,88	0,21	16,84	0,47	7,06	0,26	0,25	0,14	0,02	0,10	0,01	0,04	0,06	2,92	3,33	24,65
GB23	0,01	1,86	0,00	0,04	0,02	0,92	5,35	0,23	16,92	0,53	7,65	0,31	0,21	0,15	0,02	0,08	0,01	0,03	0,05	3,14	5,83	25,43
GB24	0,00	1,94	0,00	0,03	0,02	0,71	3,02	0,24	16,74	0,56	7,11	0,29	0,23	0,14	0,02	0,09	0,00	0,03	0,04	3,03	3,47	24,73
GB25	0,00	1,81	0,00	0,03	0,02	0,77	3,29	0,23	16,99	0,37	8,08	0,25	0,26	0,14	0,02	0,09	0,00	0,04	0,05	2,99	3,74	25,72
GB26	0,01	1,77	0,01	0,03	0,02	0,70	2,92	0,23	15,85	0,49	7,26	0,36	0,20	0,12	0,02	0,08	0,01	0,03	0,05	2,81	3,36	23,98
GB27	0,01	1,79	0,01	0,04	0,01	0,68	2,81	0,25	15,56	0,64	6,34	0,29	0,22	0,13	0,02	0,09	0,00	0,03	0,04	2,83	3,27	22,85
GB28	0,01	1,70	0,01	0,03	0,02	0,78	2,90	0,20	16,06	0,43	7,38	0,27	0,21	0,13	0,02	0,08	0,01	0,03	0,04	2,83	3,32	24,15
GB29	0,01	1,93	0,01	0,04	0,02	0,79	3,93	0,22	17,04	0,49	6,32	0,25	0,27	0,14	0,02	0,10	0,01	0,04	0,04	3,16	4,39	24,13

**Fortsetzung Tabelle A18: Fettsäurezusammensetzung (g/100g Samen) von 57 Hanfgenotypen im Versuchsjahr 2001**

Genotyp	14:0	16:0	16:1 D7	16:1 D9	17:0	18:0	18:1 D9	18:1 D11	18:2 D9,12	18:3 D6,9,12	18:3 D9,12,15	18:4 D6,9,12,15	20:0	20:1 D11	20:2 D11,13	22:0 D13	22:1	24:0	24:1 D15	SAFA	MUFA	PUFA
GB30	0,01	1,57	0,00	0,03	0,01	0,72	2,63	0,20	14,63	0,66	4,99	0,28	0,21	0,10	0,02	0,08	0,00	0,03	0,04	2,64	3,00	20,58
GB31	0,01	1,60	0,01	0,02	0,02	0,64	2,63	0,20	15,64	0,60	5,69	0,26	0,25	0,12	0,02	0,10	0,01	0,04	0,05	2,66	3,04	22,22
GB32	0,01	1,83	0,01	0,04	0,02	0,66	3,12	0,26	17,25	0,39	5,84	0,16	0,26	0,13	0,02	0,11	0,00	0,05	0,05	2,93	3,59	23,66
GB33	0,01	1,62	0,01	0,03	0,02	0,73	2,78	0,20	15,59	0,41	6,48	0,25	0,25	0,12	0,02	0,09	0,01	0,03	0,05	2,75	3,19	22,74
GB36	0,00	1,96	0,00	0,04	0,02	0,85	2,88	0,23	17,10	0,43	7,26	0,26	0,20	0,11	0,02	0,07	0,00	0,03	0,04	3,12	3,29	25,07
Glera	0,01	1,75	0,01	0,04	0,02	0,61	2,20	0,23	15,59	0,83	6,15	0,44	0,20	0,13	0,02	0,08	0,01	0,03	0,05	2,70	2,67	23,04
Gluchivski-33	0,01	1,60	0,01	0,03	0,02	0,64	2,79	0,22	16,47	0,94	5,97	0,39	0,21	0,12	0,02	0,09	0,01	0,00	0,05	2,56	3,22	23,79
Gluchivski-46	0,01	1,88	0,01	0,03	0,02	0,75	3,16	0,26	17,84	0,60	7,22	0,29	0,23	0,14	0,02	0,10	0,02	0,04	0,06	3,03	3,67	25,97
Helvetica	0,00	1,77	0,00	0,03	0,02	0,77	3,19	0,20	15,85	0,46	7,14	0,29	0,22	0,13	0,02	0,08	0,00	0,03	0,04	2,88	3,59	23,76
Lipko	0,00	1,85	0,00	0,04	0,00	0,83	3,59	0,25	17,66	0,00	6,81	0,26	0,26	0,12	0,02	0,10	0,00	0,04	0,04	3,08	4,03	24,75
Juso 14	0,01	1,85	0,01	0,04	0,02	0,71	3,46	0,25	16,44	0,82	6,84	0,41	0,21	0,12	0,02	0,09	0,00	0,04	0,05	2,93	3,93	24,53
Juso 31	0,00	1,82	0,00	0,03	0,02	0,90	3,67	0,25	18,65	0,78	7,07	0,36	0,29	0,13	0,02	0,12	0,01	0,05	0,05	3,20	4,15	26,88
Kompolti	0,01	1,91	0,01	0,03	0,02	0,92	3,36	0,21	17,87	0,40	7,34	0,23	0,24	0,14	0,02	0,09	0,01	0,03	0,06	3,22	3,81	25,87
Lovrin 110	0,00	1,60	0,00	0,03	0,02	0,70	2,91	0,19	15,89	0,39	5,98	0,19	0,25	0,12	0,02	0,10	0,00	0,04	0,04	2,71	3,29	22,47
P51	0,01	1,89	0,01	0,04	0,02	0,81	2,93	0,25	17,70	0,64	7,19	0,29	0,25	0,13	0,02	0,10	0,01	0,04	0,00	3,11	3,36	25,85
P52	0,00	1,83	0,00	0,04	0,02	0,88	3,75	0,22	16,49	0,51	6,16	0,26	0,23	0,12	0,02	0,09	0,03	0,04	0,04	3,08	4,19	23,44
P53	0,01	1,79	0,00	0,03	0,02	0,71	2,88	0,22	16,58	0,62	7,48	0,37	0,21	0,13	0,02	0,08	0,00	0,03	0,04	2,84	3,30	25,07
P54	0,01	1,62	0,00	0,03	0,02	0,75	2,75	0,19	16,03	0,41	6,69	0,25	0,20	0,11	0,02	0,07	0,00	0,03	0,04	2,70	3,12	23,40
P56	0,02	2,20	0,01	0,04	0,02	0,99	3,99	0,25	17,10	0,29	7,01	0,15	0,27	0,12	0,02	0,11	0,02	0,04	0,04	3,65	4,47	24,56
P57	0,01	2,11	0,01	0,04	0,02	0,86	3,51	0,28	19,48	0,56	7,40	0,26	0,29	0,14	0,02	0,12	0,00	0,05	0,05	3,45	4,03	27,72
P59	0,01	1,65	0,00	0,02	0,02	0,74	3,00	0,18	15,53	0,42	6,69	0,25	0,19	0,12	0,02	0,07	0,00	0,03	0,04	2,70	3,37	22,90
P60	0,01	1,87	0,01	0,04	0,02	0,82	3,58	0,25	18,97	0,71	7,91	0,37	0,25	0,14	0,02	0,10	0,00	0,04	0,05	3,11	4,06	27,99
Ramo	0,00	1,82	0,00	0,04	0,02	0,72	3,16	0,25	16,75	0,56	7,08	0,30	0,23	0,16	0,03	0,09	0,14	0,04	0,05	2,93	3,80	24,73
Uniko-B	0,01	1,78	0,01	0,04	0,02	0,75	3,27	0,22	16,64	0,38	6,34	0,21	0,22	0,12	0,02	0,09	0,00	0,03	0,05	2,91	3,70	23,58
Uso 14	0,01	1,72	0,01	0,03	0,01	0,69	2,72	0,24	16,17	0,93	6,42	0,41	0,22	0,11	0,02	0,09	0,01	0,04	0,04	2,80	3,17	23,95
Zolo-11 <sup>2</sup>	0,01	1,77	0,01	0,04	0,02	0,64	2,70	0,22	14,20	0,54	6,24	0,32	0,20	0,12	0,02	0,08	0,01	0,03	0,05	2,75	3,14	21,32

<sup>1</sup>Dneprovskaya odnodomnaya 14

<sup>2</sup>Zolotonoshskaya-11

**Tabelle A19:** Fettsäurezusammensetzung (in g/100g Öl und in g/100g Samen) der F<sub>1</sub>-Nachkommenschaften im Versuchsjahr 2000  
g/100g Öl

Hanfform	14:0	16:0	16:1 D7	16:1 D9	17:0	18:0	18:1 D9	18:1 D11	18:2 D9,12	18:3 D6,9,12	18:3 D9,12,15	18:4 D6,9,12,15	20:0	20:1 D11	22:0	24:0	24:1 D15	SAFA	MUFA	PUFA
00/01	0,05	6,24	0,03	0,04	0,01	2,14	9,26	0,71	55,45	0,90	20,17	0,62	1,04	0,02	0,39	0,15	0,02	10,01	10,09	77,15
00/08	0,05	6,41	0,03	0,11	0,06	3,63	10,37	0,68	54,19	1,51	20,94	0,68	0,75	0,34	0,08	0,00	0,00	10,97	11,53	77,32
00/11	0,05	6,18	0,03	0,00	0,01	3,03	12,79	0,73	55,45	0,01	15,42	0,86	1,03	0,02	0,43	0,17	0,01	10,90	13,59	71,73
00/12	0,04	5,79	0,03	0,06	0,04	2,73	10,93	0,76	56,34	2,31	17,58	0,87	0,87	0,23	0,37	0,16	0,08	10,00	12,09	77,10
00/13	0,03	5,78	0,03	0,06	0,05	3,13	9,95	0,55	53,59	1,28	19,58	1,30	0,98	0,22	0,37	0,15	0,09	10,48	10,90	75,74
00/15	0,04	6,05	0,03	0,07	0,03	2,61	9,43	0,68	54,45	1,94	20,14	1,00	0,98	0,22	0,38	0,16	0,10	10,25	10,53	77,53
00/16	0,03	5,91	0,03	0,05	0,04	2,85	9,12	0,68	54,15	0,92	20,91	1,08	1,04	0,24	0,40	0,15	0,09	10,42	10,21	77,05
00/17	0,03	5,19	0,09	0,05	0,07	2,13	9,18	0,68	53,14	0,97	22,66	0,59	0,58	0,21	0,25	0,09	0,07	8,34	10,28	77,35
00/20	0,03	5,57	0,03	0,00	0,01	2,82	11,38	0,64	54,98	0,80	21,11	0,47	0,73	0,01	0,28	0,10	0,01	9,54	12,06	77,35
00/26	0,04	5,72	0,03	0,01	0,01	0,03	10,33	0,69	53,73	0,01		0,59	0,62	0,02	0,26	0,10	0,01	6,78	11,08	54,33
00/31	0,03	6,16	0,03	0,01	0,01	2,81	10,57	0,69	52,58	0,99	23,22	0,60	0,75	0,01	0,29	0,11	0,01	10,17	11,33	77,39
00/34	0,04	5,64	0,04	0,00	0,01	3,22	14,65	0,65	52,63	0,61	19,88	0,35	0,78	0,02	0,30	0,12	0,01	10,09	15,37	73,48
00/36	0,03	5,96	0,03	0,11	0,06	2,79	10,49	0,67	52,37	1,26	23,49	0,78	0,68	0,43	0,24	0,08	0,15	9,84	11,90	77,97

#### g/100g Samen

Hanfform	14:0	16:0	16:1 D7	16:1 D9	17:0	18:0	18:1 D9	18:1 D11	18:2 D9,12	18:3 D6,9,12	18:3 D9,12,15	18:4 D6,9,12,15	20:0	20:1 D11	22:0	24:0	24:1 D15	SAFA	MUFA	PUFA
00/01	0,02	2,18	0,01	0,01	0,00	0,75	3,24	0,25	19,40	0,32	7,05	0,22	0,36	0,01	0,14	0,05	0,01	3,50	3,53	26,99
00/08	0,01	1,78	0,01	0,03	0,02	1,01	2,88	0,19	15,04	0,42	5,81	0,19	0,21	0,09	0,02	0,00	0,00	3,04	3,20	21,46
00/11	0,02	2,21	0,01	0,00	0,00	1,08	4,57	0,26	19,82	0,00	5,51	0,31	0,37	0,01	0,15	0,06	0,00	3,90	4,86	25,65
00/12	0,01	2,04	0,01	0,02	0,01	0,96	3,84	0,27	19,79	0,81	6,18	0,30	0,31	0,08	0,13	0,06	0,03	3,51	4,25	27,09
00/13	0,01	1,98	0,01	0,02	0,02	1,07	3,42	0,19	18,40	0,44	6,72	0,45	0,34	0,08	0,13	0,05	0,03	3,60	3,74	26,00
00/15	0,01	1,93	0,01	0,02	0,01	0,83	3,01	0,22	17,38	0,62	6,43	0,32	0,31	0,07	0,12	0,05	0,03	3,27	3,36	24,75
00/16	0,01	2,04	0,01	0,02	0,01	0,98	3,15	0,23	18,68	0,32	7,21	0,37	0,36	0,08	0,14	0,05	0,03	3,60	3,52	26,58
00/17	0,01	1,77	0,03	0,02	0,02	0,73	3,13	0,23	18,13	0,33	7,73	0,20	0,20	0,07	0,09	0,03	0,02	2,85	3,51	26,39
00/20	0,01	2,09	0,01	0,00	0,01	1,06	4,27	0,24	20,62	0,30	7,91	0,18	0,27	0,00	0,10	0,04	0,00	3,58	4,52	29,01
00/26	0,01	1,97	0,01	0,00	0,00	0,01	3,56	0,24	18,54	0,00	0,00	0,20	0,21	0,01	0,09	0,03	0,00	2,34	3,82	18,74
00/31	0,01	2,11	0,01	0,00	0,00	0,97	3,63	0,24	18,05	0,34	7,97	0,21	0,26	0,01	0,10	0,04	0,00	3,49	3,89	26,57
00/34	0,01	2,07	0,01	0,00	0,00	1,18	5,38	0,24	19,34	0,23	7,31	0,13	0,29	0,01	0,11	0,04	0,00	3,71	5,65	27,00
00/36	0,01	2,20	0,01	0,04	0,02	1,03	3,87	0,25	19,37	0,47	8,71	0,29	0,25	0,16	0,09	0,03	0,05	3,64	4,39	28,86



Fortsetzung Tabelle A20: Fettsäurezusammensetzung (in g/100g Öl und in g/100g Samen) der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften im Versuchsjahr 2001 in g/100g Öl

Kreuzung	Statistik	14:0	16:0	16:1 D7	16:1 D9	17:0	18:0	18:1 D9	18:1 D11	18:2 D9,12	18:3 D6,9,12	18:3 D9,12,15	18:4 D6,9,12,15	20:0	20:1 D11	20:2 D11,13	22:0	22:1 D13	24:0	24:1 D15	SAFA	MUFA	PUFA
00/78	Mittelwert	0,03	6,11	0,02	0,11	0,06	2,83	10,83	0,67	53,95	1,36	21,34	0,73	0,74	0,44	0,07	0,26	0,03	0,08	0,12	10,10	12,21	77,46
	STD	0,01	0,30	0,01	0,01	0,01	0,27	1,34	0,05	0,97	0,30	1,85	0,11	0,05	0,03	0,00	0,02	0,03	0,03	0,05	0,33	1,37	1,50
	CV	0,48	0,05	0,58	0,13	0,11	0,10	0,12	0,07	0,02	0,22	0,09	0,16	0,07	0,07	0,07	0,08	1,00	0,37	0,44	0,03	0,11	0,02
	Minimum	0,00	5,48	0,00	0,08	0,04	2,29	8,06	0,53	51,13	1,09	15,80	0,55	0,62	0,34	0,06	0,22	0,00	0,01	0,00	9,42	9,33	73,16
	Maximum	0,04	7,03	0,04	0,15	0,07	3,46	14,11	0,76	55,96	3,28	25,20	1,24	0,92	0,49	0,08	0,35	0,13	0,14	0,17	11,00	15,67	80,57
	Anzahl	57	57	57	57	57	57	57	57	57	57	57	57	57	57	57	57	57	57	57	57	57	57

**in g/100g Samen**

Kreuzung	Statistik	14:0	16:0	16:1 D7	16:1 D9	17:0	18:0	18:1 D9	18:1 D11	18:2 D9,12	18:3 D6,9,12	18:3 D9,12,15	18:4 D6,9,12,15	20:0	20:1 D11	20:2 D11,13	22:0	22:1 D13	24:0	24:1 D15	SAFA	MUFA	PUFA
00/43	Mittelwert	0,01	1,82	0,01	0,03	0,02	0,89	2,77	0,22	17,34	0,82	6,20	0,36	0,28	0,13	0,02	0,11	0,01	0,03	0,04	3,15	3,19	24,74
	STD	0,00	0,21	0,00	0,00	0,00	0,14	0,40	0,02	1,64	0,13	0,65	0,06	0,03	0,01	0,00	0,01	0,00	0,02	0,02	0,37	0,43	2,15
	CV	0,15	0,11	0,34	0,16	0,12	0,16	0,14	0,11	0,09	0,15	0,10	0,16	0,12	0,10	0,08	0,09	0,65	0,67	0,52	0,12	0,13	0,09
	Minimum	0,01	1,40	0,00	0,02	0,01	0,58	1,78	0,17	13,37	0,61	4,89	0,25	0,22	0,11	0,02	0,09	0,00	0,00	0,00	2,40	2,15	19,33
	Maximum	0,02	2,13	0,01	0,04	0,02	1,18	3,34	0,27	19,85	1,05	7,71	0,48	0,35	0,15	0,03	0,13	0,01	0,05	0,05	3,88	3,77	27,58
	Anzahl	22	22	22	22	22	22	22	22	22	22	22	22	22	22	22	22	22	22	22	22	22	22
00/48	Mittelwert	0,01	1,88	0,01	0,03	0,02	0,90	2,76	0,22	17,57	0,82	6,55	0,37	0,27	0,12	0,02	0,10	0,01	0,04	0,05	3,23	3,20	25,34
	STD	0,00	0,16	0,00	0,00	0,00	0,10	0,33	0,02	1,55	0,20	0,67	0,07	0,03	0,01	0,00	0,01	0,00	0,00	0,01	0,26	0,36	2,10
	CV	0,08	0,09	0,09	0,13	0,09	0,11	0,12	0,09	0,09	0,24	0,10	0,19	0,10	0,11	0,08	0,10	0,41	0,11	0,17	0,08	0,11	0,08
	Minimum	0,01	1,63	0,01	0,02	0,01	0,70	2,25	0,19	15,15	0,43	5,25	0,23	0,23	0,10	0,02	0,09	0,00	0,03	0,03	2,76	2,64	21,70
	Maximum	0,01	2,20	0,01	0,04	0,02	1,10	3,39	0,26	20,17	1,18	8,54	0,48	0,31	0,15	0,03	0,12	0,01	0,05	0,06	3,68	3,88	29,48
	Anzahl	24	24	24	24	24	24	24	24	24	24	24	24	24	24	24	24	24	24	24	24	24	24
00/49	Mittelwert	0,01	1,80	0,01	0,03	0,02	0,81	2,55	0,21	16,66	0,78	7,22	0,40	0,26	0,13	0,03	0,10	0,01	0,04	0,05	3,05	2,98	25,09
	STD	0,00	0,14	0,00	0,00	0,00	0,12	0,37	0,02	1,54	0,22	0,70	0,09	0,03	0,01	0,00	0,01	0,00	0,00	0,02	0,28	0,39	2,20
	CV	0,26	0,08	0,27	0,10	0,16	0,15	0,14	0,08	0,09	0,29	0,10	0,23	0,10	0,08	0,08	0,10	0,46	0,11	0,31	0,09	0,13	0,09
	Minimum	0,00	1,51	0,00	0,02	0,01	0,55	1,72	0,17	12,94	0,40	5,78	0,24	0,20	0,11	0,02	0,08	0,00	0,04	0,00	2,42	2,08	20,38
	Maximum	0,01	1,98	0,01	0,03	0,02	0,96	3,12	0,23	18,71	1,14	8,26	0,55	0,31	0,16	0,03	0,12	0,01	0,05	0,09	3,39	3,53	27,89
	Anzahl	19	19	19	19	19	19	19	19	19	19	19	19	19	19	19	19	19	19	19	19	19	19



**Tabelle A21:** Mittelwertvergleiche (LSD) von vier Fettsäuren (mg/100g Öl) der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften (Werte aus 2001)

Dependent Variable	Gruppe 1	Gruppe 2	Mean Difference	Std. Error	Sig.	95% iges Konfidenzintervall		
						Lower Bound	Upper Bound	
$\alpha$ -Linolensäure	00/43	00/48	-0,47	0,49	0,34	-1,44	0,51	
		00/49	-3,21	0,52	0,00	-4,25	-2,18	
		00/50	-2,08	0,50	0,00	-3,08	-1,09	
		00/75	-3,46	0,51	0,00	-4,46	-2,45	
		00/78	-1,45	0,42	0,00	-2,28	-0,63	
	00/48	00/49	-2,74	0,51	0,00	-3,76	-1,73	
		00/50	-1,61	0,49	0,00	-2,59	-0,64	
		00/75	-2,99	0,50	0,00	-3,98	-2,00	
		00/78	-0,99	0,41	0,02	-1,79	-0,18	
		00/49	00/50	1,13	0,52	0,03	0,09	2,16
	00/49	00/75	-0,24	0,53	0,65	-1,29	0,80	
		00/78	1,76	0,44	0,00	0,88	2,63	
		00/50	00/75	-1,37	0,51	0,01	-2,38	-0,37
		00/78	0,63	0,42	0,14	-0,20	1,46	
		00/75	00/78	2,00	0,43	0,00	1,16	2,85
$\gamma$ -Linolensäure	00/43	00/48	0,07	0,14	0,60	-0,21	0,35	
		00/49	0,15	0,15	0,31	-0,14	0,45	
		00/50	0,93	0,14	0,00	0,64	1,21	
		00/75	1,33	0,15	0,00	1,04	1,62	
		00/78	1,28	0,12	0,00	1,04	1,52	
	00/48	00/49	0,08	0,15	0,60	-0,21	0,37	
		00/50	0,86	0,14	0,00	0,58	1,14	
		00/75	1,26	0,14	0,00	0,97	1,54	
		00/78	1,21	0,12	0,00	0,98	1,44	
		00/49	00/50	0,78	0,15	0,00	0,48	1,07
	00/49	00/75	1,18	0,15	0,00	0,88	1,48	
		00/78	1,13	0,13	0,00	0,88	1,38	
		00/50	00/75	0,40	0,15	0,01	0,11	0,69
		00/78	0,35	0,12	0,00	0,11	0,59	
		00/75	00/78	-0,05	0,12	0,69	-0,29	0,19
Linolsäure	00/43	00/48	1,02	0,47	0,03	0,10	1,94	
		00/49	2,31	0,50	0,00	1,33	3,28	
		00/50	1,96	0,48	0,00	1,01	2,90	
		00/75	2,44	0,48	0,00	1,49	3,40	
		00/78	1,63	0,40	0,00	0,84	2,41	
	00/48	00/49	1,29	0,49	0,01	0,33	2,24	
		00/50	0,94	0,47	0,05	0,01	1,86	
		00/75	1,42	0,47	0,00	0,49	2,36	
		00/78	0,61	0,38	0,12	-0,15	1,37	
		00/49	00/50	-0,35	0,50	0,48	-1,33	0,63
	00/49	00/75	0,14	0,50	0,78	-0,85	1,13	
		00/78	-0,68	0,42	0,11	-1,51	0,15	
		00/50	0,49	0,48	0,31	-0,46	1,44	
		00/78	-0,33	0,40	0,41	-1,11	0,45	
		00/75	00/78	-0,82	0,40	0,04	-1,61	-0,02
Stearidonsäure	00/43	00/48	0,01	0,06	0,84	-0,10	0,13	
		00/49	-0,13	0,06	0,04	-0,25	-0,01	
		00/50	0,19	0,06	0,00	0,08	0,31	
		00/75	0,38	0,06	0,00	0,26	0,50	
		00/78	0,44	0,05	0,00	0,34	0,53	
	00/48	00/49	-0,14	0,06	0,02	-0,26	-0,02	
		00/50	0,18	0,06	0,00	0,07	0,30	
		00/75	0,37	0,06	0,00	0,25	0,49	
		00/78	0,42	0,05	0,00	0,33	0,52	
		00/49	00/50	0,32	0,06	0,00	0,20	0,45
	00/49	00/75	0,51	0,06	0,00	0,39	0,64	
		00/78	0,56	0,05	0,00	0,46	0,67	
		00/50	00/75	0,19	0,06	0,00	0,07	0,31
		00/78	0,24	0,05	0,00	0,14	0,34	
		00/75	00/78	0,05	0,05	0,30	-0,05	0,15

**Tabelle A22:** Mittelwertvergleiche (LSD) von vier Fettsäuren (mg/100g Samen) der F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften (Werte aus 2001)

Dependent Variable	Gruppe 1	Gruppe 2	Mean Difference	Std. Error	Sig.	95%iges Konfidenzintervall	
						Lower Bound	Upper Bound
$\alpha$ -Linolensäure	00/43	00/48	-0,36	0,23	0,13	-0,82	0,11
		00/49	-1,02	0,25	0,00	-1,51	-0,53
		00/50	-0,70	0,24	0,00	-1,17	-0,23
		00/75	-1,96	0,24	0,00	-2,43	-1,48
		00/78	-1,04	0,20	0,00	-1,44	-0,65
	00/48	00/49	-0,66	0,24	0,01	-1,14	-0,18
		00/50	-0,35	0,23	0,14	-0,81	0,12
		00/75	-1,60	0,24	0,00	-2,07	-1,13
		00/78	-0,69	0,19	0,00	-1,07	-0,30
		00/49	0,32	0,25	0,20	-0,17	0,81
	00/49	00/50	-0,94	0,25	0,00	-1,43	-0,44
		00/78	-0,02	0,21	0,92	-0,44	0,39
		00/50	-1,25	0,24	0,00	-1,73	-0,78
		00/75	-0,34	0,20	0,09	-0,73	0,05
		00/78	0,91	0,20	0,00	0,51	1,31
$\gamma$ -Linoelnsäure	00/43	00/48	0,00	0,05	0,94	-0,09	0,09
		00/49	0,04	0,05	0,39	-0,05	0,14
		00/50	0,28	0,05	0,00	0,19	0,37
		00/75	0,36	0,05	0,00	0,27	0,45
		00/78	0,36	0,04	0,00	0,29	0,44
	00/48	00/49	0,04	0,05	0,34	-0,05	0,14
		00/50	0,28	0,05	0,00	0,19	0,37
		00/75	0,37	0,05	0,00	0,28	0,45
		00/78	0,36	0,04	0,00	0,29	0,44
		00/49	0,24	0,05	0,00	0,14	0,33
	00/49	00/50	0,32	0,05	0,00	0,23	0,42
		00/78	0,32	0,04	0,00	0,24	0,40
		00/50	0,08	0,05	0,08	-0,01	0,17
		00/75	0,08	0,04	0,03	0,01	0,16
		00/78	0,00	0,04	0,99	-0,08	0,08
Linolensäure	00/43	00/48	-0,23	0,46	0,62	-1,14	0,68
		00/49	0,68	0,49	0,17	-0,29	1,64
		00/50	0,50	0,47	0,29	-0,43	1,42
		00/75	-1,25	0,48	0,01	-2,19	-0,32
		00/78	-0,92	0,39	0,02	-1,69	-0,15
	00/48	00/49	0,91	0,48	0,06	-0,04	1,85
		00/50	0,73	0,46	0,12	-0,18	1,63
		00/75	-1,02	0,47	0,03	-1,94	-0,11
		00/78	-0,69	0,38	0,07	-1,43	0,06
		00/49	-0,18	0,49	0,71	-1,14	0,78
	00/49	00/50	-1,93	0,49	0,00	-2,90	-0,96
		00/78	-1,59	0,41	0,00	-2,41	-0,78
		00/50	-1,75	0,48	0,00	-2,69	-0,81
		00/75	-1,41	0,39	0,00	-2,18	-0,64
		00/78	0,34	0,40	0,40	-0,45	1,12
Stearidonsäure	00/43	00/48	-0,01	0,02	0,66	-0,04	0,03
		00/49	-0,04	0,02	0,03	-0,08	0,00
		00/50	0,06	0,02	0,00	0,02	0,09
		00/75	0,09	0,02	0,00	0,05	0,13
		00/78	0,11	0,02	0,00	0,08	0,14
	00/48	00/49	-0,03	0,02	0,07	-0,07	0,00
		00/50	0,07	0,02	0,00	0,03	0,10
		00/75	0,10	0,02	0,00	0,06	0,13
		00/78	0,12	0,02	0,00	0,09	0,15
		00/49	0,10	0,02	0,00	0,06	0,14
	00/49	00/50	0,13	0,02	0,00	0,09	0,17
		00/78	0,16	0,02	0,00	0,13	0,19
		00/50	0,03	0,02	0,11	-0,01	0,07
		00/75	0,06	0,02	0,00	0,03	0,09
		00/78	0,03	0,02	0,10	0,00	0,06

**Tabelle A23: CBD-Gehalt (% der TM) der untersuchten Hanfgenotypen über alle Jahre**

Genotypen	1999					2000					2001				
	N	Mean	Max	Min	STD	N	Mean	Max	Min	STD	N	Mean	Max	Min	STD
Beniko						3	1,48	1,81	1,03	0,40					
Bialobrezeskie						2	1,18	1,48	0,89	0,42					
Carmagnola											3	2,61	3,50	1,21	
CS											3	2,71	2,99	2,46	0,27
D. o. 14 <sup>1</sup>						1	0,18								
Epsilon 68						2	1,26	1,32	1,21	0,08					
Fasamo	4	1,86	4,44	0,81	1,73	2	0,93	1,09	0,77	0,23					
Fédora 19						3	1,56	1,79	1,33	0,23					
Fédrina 74						2	1,47	1,81	1,12	0,49					
Félinea 34						2	1,52	1,71	1,33	0,27					
Férimon						4	1,28	1,39	1,01	0,19					
Fibranova											3	2,21	3,18	1,52	0,86
Fibrimon 56						3	0,81	1,02	0,59	0,22					
Fibrimon						4	0,92	1,09	0,69	0,17	1	1,17			
Futura						3	1,57	1,85	1,10	0,41					
FxT						2	1,64	1,86	1,43	0,31					
GB14											1	2,58			
GB15						6	3,11	3,65	2,50	0,42	5	1,92	3,42	0,84	0,94
GB16	7	1,88	3,38	1,13	0,77	6	1,53	4,18	0,66	1,34	6	0,98	1,85	0,27	0,55
GB17	8	2,69	5,65	0,70	1,65	5	1,16	1,74	0,69	0,44					
GB18	11	1,32	2,66	0,36	0,89						2	1,31	1,61	1,00	0,43
GB19	11	1,10	1,37	0,77	0,20						8	0,84	2,09	0,13	0,63
GB20	8	0,26	0,38	0,02	0,15	4	0,41	0,47	0,32	0,07	5	0,13	0,18	0,00	0,07
GB21	7	1,59	2,13	1,29	0,35	4	1,45	2,38	0,97	0,64	6	1,38	1,79	0,99	0,26
GB22	10	1,52	4,05	0,51	1,20	4	1,66	2,43	1,20	0,53	5	1,38	2,58	0,75	0,70
GB23	1	2,96				6	0,53	0,86	0,21	0,21	5	0,21	0,37	0,00	0,15
GB24	7	2,65	5,25	1,73	1,27	7	2,46	4,89	0,57	1,59	5	2,07	2,76	1,66	0,46
GB25	1	5,47									5	0,62	1,00	0,28	0,29
GB26	3	3,60	4,71	2,64	1,04	4	2,84	3,28	2,50	0,37	9	1,73	4,26	0,84	1,20
GB27	6	1,36	2,88	0,42	1,08	7	0,73	1,55	0,33	0,43	6	1,04	1,33	0,81	0,20
GB28	6	2,02	3,48	1,05	0,91	4	1,44	1,61	1,12	0,22					
GB29	7	1,35	2,26	0,50	0,69	4	1,12	1,38	0,94	0,18	10	1,04	2,38	0,22	0,61
GB30	7	2,10	4,97	0,32	1,54	5	1,58	2,35	0,85	0,53	7	0,89	2,12	0,31	0,63
GB31	7	1,38	1,80	1,03	0,38	5	1,01	1,24	0,73	0,22	3	1,14	1,90	0,56	0,69
GB32	6	2,00	3,22	1,03	0,80	5	0,90	1,45	0,58	0,35	4	1,28	1,97	0,67	0,54
GB33	6	1,96	2,56	1,34	0,46	5	1,48	1,69	1,28	0,17	7	0,59	0,89	0,22	0,24
GB34	5	2,31	4,15	0,88	1,19	4	1,23	1,71	0,93	0,35					
GB35	4	2,17	3,13	1,50	0,70	5	1,28	1,77	0,89	0,40					
GB36	6	0,45	1,29	0,00	0,49	26	0,60	2,03	0,27	0,34	8	0,52	0,80	0,20	0,21
GB37	2	0,49	0,49	0,49	0,00	11	0,44	0,90	0,14	0,23	4	0,49	0,91	0,12	0,37
Glera						2	0,25	0,37	0,12	0,17					
Gluchivski-33	4	0,19	0,46	0,02	0,19	2	0,29	0,36	0,21	0,11					
Gluchivski -46						2	0,60	0,63	0,58	0,03					
Helvetica						2	1,67	1,74	1,59	0,11					
Juso 14	12	0,75	1,64	0,11	0,46	2	0,62	0,83	0,40	0,30					
Juso 31	4	1,10	2,64	0,32	1,08	1	0,19								
Kompolti	9	1,54	2,20	0,99	0,38	5	1,86	2,66	1,12	0,60	11	2,70	4,50	1,51	1,11
Lipko						4	1,72	2,61	0,87	0,72	2	1,76	1,85	1,67	0,13
Lovrin 110						2	1,54	1,58	1,50	0,06					
Northern Light	5	0,11	0,16	0,03	0,05	4	0,27	0,36	0,19	0,09					
P51						9	1,66	2,12	0,85	0,37	2	0,49	0,89	0,08	0,57
P52						10	1,85	2,56	1,40	0,36	1	0,61			
P53						10	1,43	2,89	0,71	0,59	1	0,47			
P54						5	1,39	2,26	0,78	0,59	3	1,53	2,06	0,93	0,57
P56						6	1,29	1,60	0,87	0,27	4	1,15	1,72	0,84	0,41
P57						4	1,32	1,53	0,99	0,25	3	2,15	3,21	1,50	0,92
P59						5	1,54	2,11	1,10	0,43	2	0,49	0,55	0,43	0,08
P60						3	1,46	1,54	1,34	0,10					
Ramo						4	0,73	1,05	0,55	0,22	6	0,65	1,22	0,17	0,38
Skunk 1	7	0,17	0,52	0,00	0,18	2	0,17	0,18	0,16	0,01					
Uniko-B						2	2,42	2,54	2,31	0,16	1	0,51			
Uso 14	5	1,46	2,94	0,02	1,05										
Uso 31	6	0,26	0,49	0,05	0,17	2	0,67	0,68	0,66	0,01					
White Widow	7	0,20	0,44	0,00	0,18	3	1,20	2,73	0,36	1,33					
Zolo.-11 <sup>2</sup>						2	0,15	0,18	0,12	0,05					

<sup>1</sup> Dneprovskaya odnodomnaya 14<sup>2</sup> Zolotonoshskaya-11

**Tabelle A24: THC-Gehalt (% der TM) der untersuchten Hanfgenotypen über alle Jahre**

Genotypen	1999					2000					2001				
	N	Mean	Max	Min	STD	N	Mean	Max	Min	STD	N	Mean	Max	Min	STD
Beniko						3	0,14	0,20	0,07	0,07					
Bialobrezeskie						2	0,39	0,40	0,38	0,02					
Carmagnola											3	0,22	0,30	0,10	0,10
CS											3	0,23	0,25	0,21	0,02
D. o. 14 <sup>1</sup>						1	0,00								
Epsilon 68						2	0,23	0,45	0,01	0,31					
Fasamo	4	0,04	0,06	0,00	0,03	2	0,25	0,44	0,06	0,27					
Fédora 19						3	0,32	0,55	0,08	0,24					
Fédrina 74						2	0,27	0,49	0,05	0,31					
Féline 34						2	0,82	1,57	0,06	1,07					
Férimon						4	0,14	0,25	0,00	0,11					
Fibranova											3	0,16	0,24	0,13	0,07
Fibrimon 56						3	0,17	0,26	0,02	0,13					
Fibrimon						4	0,38	1,02	0,12	0,42	1	0,10			
Futura						3	0,02	0,03	0,01	0,01					
FxT						2	0,51	0,61	0,41	0,14					
GB14											1	0,31			
GB15						6	0,34	0,61	0,17	0,17	5	0,20	0,40	0,11	0,11
GB16	7	0,06	0,12	0,00	0,04	6	0,07	0,17	0,00	0,07	6	0,11	0,22	0,00	0,09
GB17	8	0,15	0,29	0,08	0,07	5	0,49	1,22	0,02	0,59					
GB18	11	0,21	0,46	0,01	0,17						2	0,13	0,14	0,13	0,01
GB19	11	0,27	0,72	0,00	0,27						8	0,70	1,19	0,00	0,39
GB20	8	1,19	2,22	0,34	0,63	4	3,13	5,87	1,13	2,01	5	0,94	1,30	0,65	0,27
GB21	7	0,21	0,52	0,00	0,18	4	0,07	0,14	0,00	0,06	6	0,21	0,38	0,14	0,09
GB22	10	0,19	0,55	0,00	0,23	4	1,38	2,01	0,10	0,87	5	0,73	1,24	0,31	0,38
GB23	1	0,09				6	2,94	4,16	1,97	0,86	5	0,99	1,48	0,36	0,49
GB24	7	0,69	2,49	0,03	0,93	7	1,51	3,82	0,28	1,45	5	0,22	0,28	0,18	0,04
GB25	1	0,33									5	0,85	1,00	0,76	0,11
GB26	3	0,15	0,24	0,08	0,08	4	0,46	1,11	0,05	0,46	9	0,25	0,42	0,14	0,10
GB27	6	1,14	1,86	0,08	0,84	7	1,08	2,97	0,13	1,01	6	1,32	3,72	0,23	1,32
GB28	6	0,08	0,22	0,03	0,07	4	0,19	0,37	0,09	0,13					
GB29	7	0,66	1,39	0,00	0,56	4	0,38	1,09	0,13	0,48	10	0,37	0,92	0,00	0,28
GB30	7	0,14	0,39	0,00	0,18	5	0,73	1,79	0,17	0,64	7	0,07	0,29	0,00	0,10
GB31	7	0,40	1,25	0,00	0,59	5	0,25	1,11	0,00	0,48	3	0,11	0,23	0,00	0,11
GB32	6	0,08	0,21	0,01	0,07	5	0,28	1,02	0,06	0,41	4	0,25	0,29	0,18	0,05
GB33	6	0,06	0,12	0,02	0,03	5	0,37	1,47	0,00	0,63	7	0,10	0,17	0,00	0,05
GB34	5	0,09	0,16	0,02	0,06	4	0,26	0,73	0,00	0,32					
GB35	4	0,10	0,31	0,00	0,14	5	0,58	1,62	0,02	0,68					
GB36	6	2,58	4,43	1,50	1,07	26	4,89	8,00	1,30	1,59	8	3,35	6,32	1,92	1,64
GB37	2	1,84	1,84	1,84	0,00	11	5,57	13,00	3,15	2,97	4	3,39	4,29	2,54	0,72
Glera						2	0,32	0,62	0,02	0,43					
Gluchivski-33	4	0,04	0,15	0,00	0,07	2	0,33	0,40	0,27	0,09					
Gluchivski -46						2	0,14	0,18	0,10	0,05					
Helvetica						2	0,76	1,31	0,22	0,77					
Juso 14	12	0,25	0,87	0,00	0,32	2	0,01	0,02	0,00	0,01					
Juso 31	4	0,38	1,28	0,03	0,61	1	1,08								
Kompolti	9	0,38	1,00	0,05	0,41	5	0,47	0,87	0,05	0,29	11	0,30	0,48	0,19	0,10
Lipko						4	0,31	0,83	0,03	0,36	2	0,51	0,56	0,45	0,07
Lovrin 110						2	1,01	1,67	0,36	0,93					
Northern Light	5	1,15	1,72	0,75	0,48	4	3,08	6,19	1,10	2,46					
P51						9	0,82	2,93	0,03	0,96	2	1,15	1,24	1,06	0,13
P52						10	0,18	0,47	0,04	0,14	1	0,11			
P53						10	1,66	3,22	0,12	1,11	1	0,17			
P54						5	0,64	1,68	0,09	0,65	3	0,22	0,29	0,16	0,06
P56						6	0,18	0,36	0,00	0,14	4	0,58	1,62	0,21	0,69
P57						4	0,65	0,99	0,31	0,34	3	0,41	0,63	0,25	0,20
P59						5	0,64	1,89	0,06	0,81	2	0,11	0,12	0,10	0,02
P60						3	0,60	0,96	0,09	0,46					
Ramo						4	0,05	0,19	0,00	0,10	6	0,10	0,23	0,00	0,08
Skunk 1	7	2,45	5,98	0,53	1,69	2	3,96	5,98	1,94	2,86					
Uniko-B						2	0,74	1,30	0,19	0,79	1	0,00			
Uso 14	5	0,40	1,23	0,02	0,50										
Uso 31	6	0,00	0,01	0,00	0,00	2	0,12	0,13	0,12	0,00					
White Widow	7	1,33	2,19	0,58	0,56	3	2,76	3,66	1,50	1,13					
Zolo.-11 <sup>2</sup>						2	0,03	0,07	0,00	0,05					

<sup>1</sup> Dneprovskaya odnodomnaya 14<sup>2</sup> Zolotonoshskaya-11

**Tabelle A25:** Gruppierung aller THC/CBD-Quotienten über alle Versuchsjahre

Genotypen	THC/ CBD <sup>a</sup>	Signifikanz <sup>3</sup>			Genotypen	THC/ CBD <sup>a</sup>	Signifikanz <sup>3</sup>
Skunk 1	17,84	A			Zolo.-11 <sup>1</sup>	0,29	C
White Widow	16,09	A	B		Lipko	0,28	C
Northern Light	15,01	A	B		GB31	0,26	C
GB37	12,49	A	B	C	GB18	0,23	C
GB36	9,76	A	B	C	GB32	0,23	C
GB20	7,57		B	C	Gluchivski-46	0,23	C
GB23	4,99			C	Ramo	0,22	C
Glera	2,53			C	Uniko-B	0,21	C
P51	1,97			C	Kompolti	0,20	C
GB27	1,96			C	Fédora19	0,20	C
Juso 31	1,46			C	Fibrimon 56	0,19	C
GB25	1,36			C	GB30	0,19	C
P53	1,27			C	Epsilon 68	0,18	C
GB19	1,04			C	Fédrina74	0,16	C
Lovrin 110	0,68			C	GB33	0,15	C
Félina 34	0,61			C	GB26	0,14	C
GB24	0,52			C	GB21	0,13	C
GB29	0,53			C	GB14	0,12	C
Gluchivski -33	0,50			C	GB34	0,12	C
GB22	0,49			C	P52	0,11	C
Helvetica	0,48			C	GB15	0,11	C
P54	0,44			C	Fasamo	0,10	C
Fibrimon	0,42			C	Férimon	0,10	C
P60	0,40			C	Beniko	0,10	C
P57	0,38			C	CS	0,08	C
P56	0,36			C	Carmagnola	0,08	C
Bialobrezeskie	0,35			C	GB28	0,08	C
P59	0,35			C	Uso 31	0,08	C
GB35	0,35			C	Fibranova	0,07	C
Juso 14	0,35			C	GB16	0,06	C
FxT	0,33			C	Futura	0,01	C
GB17	0,30			C	D. o. 14 <sup>2</sup>	0,00	C

<sup>a</sup>Mittelwert<sup>1</sup>Zolotonoshskaya-11<sup>2</sup>Dneprovskaya odnodomnaya 14<sup>3</sup>Mittelwerte mit gleichem Buchstaben sind nach dem Student Newman Keuls Test (p = 0,05) nicht unterschiedlich

**Tabelle A26:** Gruppierung aller THC-Werte in % der TM über alle Versuchsjahre

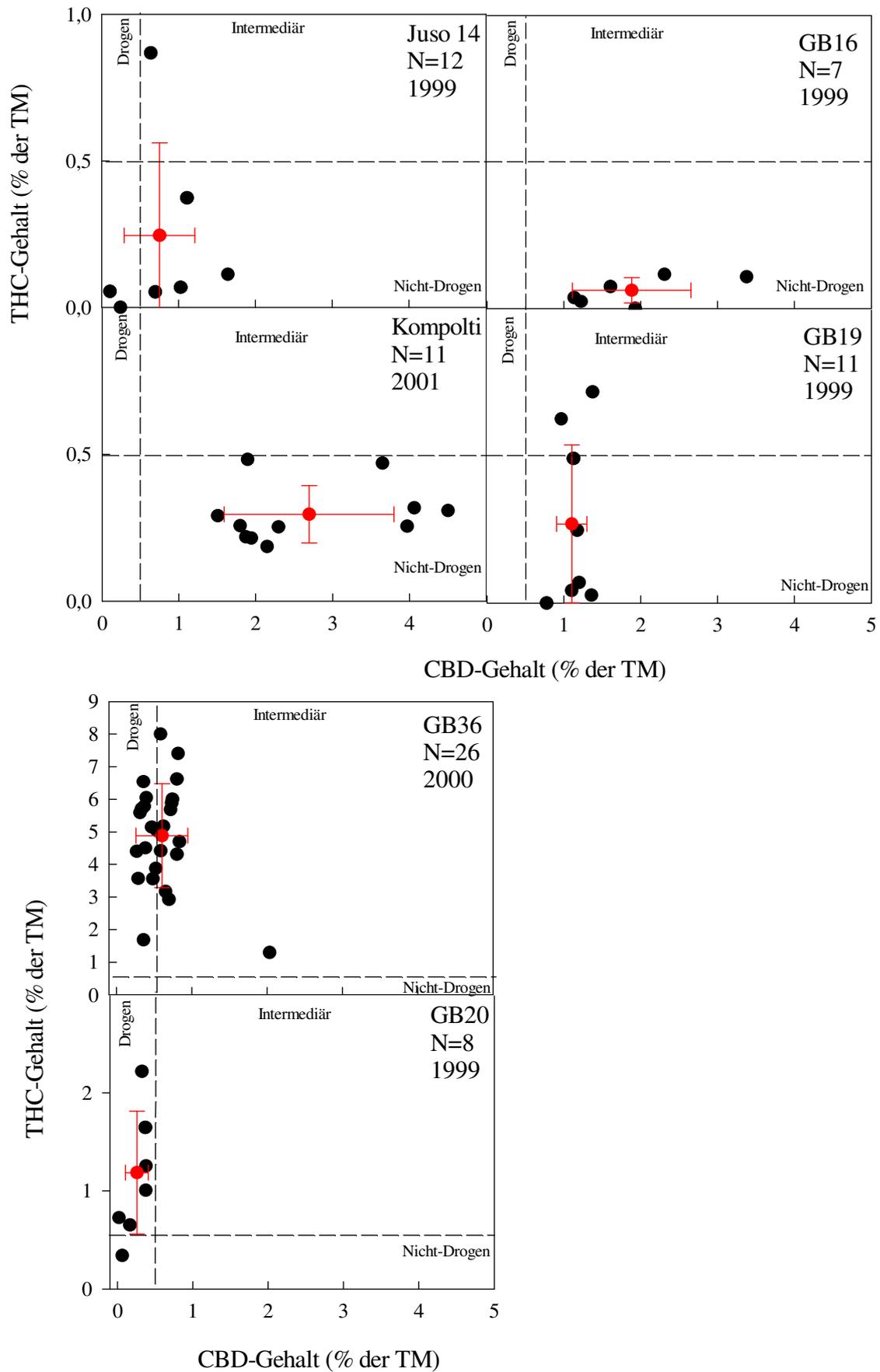
Genotypen	THC % <sup>a</sup>	Signifikanz <sup>3</sup>		Genotypen	THC % <sup>a</sup>	Signifikanz <sup>3</sup>
GB37	4,62	A		Glera	0,32	C
GB36	4,23	A		GB14	0,31	C
Skunk 1	2,78	B		GB31	0,29	C
Northern Light	2,01	B	C	GB17	0,28	C
GB23	1,89	B	C	GB26	0,28	C
White Widow	1,76	B	C	GB15	0,28	C
GB20	1,57	B	C	Fédrina 74	0,27	C
P53	1,52	B	C	GB30	0,27	C
GB27	1,17	B	C	Epsilon 68	0,23	C
Lovrin 110	1,01		C	CS	0,23	C
P51	0,88		C	Carmagnola	0,22	C
GB24	0,87		C	Juso14	0,21	C
Félina 34	0,82		C	GB18	0,20	C
Helvetica	0,76		C	GB32	0,20	C
GB25	0,76		C	P52	0,18	C
P60	0,60		C	GB21	0,18	C
GB22	0,58		C	Fibrimon56	0,17	C
P57	0,55		C	GB34	0,17	C
Juso 31	0,52		C	Fibranova	0,16	C
FxT	0,51		C	GB33	0,16	C
Uniko-B	0,49		C	Beniko	0,14	C
P59	0,49		C	Gluchivski -33	0,14	C
P54	0,48		C	Gluchivski-46	0,14	C
GB29	0,47		C	Férimon	0,14	C
GB19	0,45		C	GB28	0,12	C
Bialobrezeskie	0,39		C	Fasamo	0,11	C
Lipko	0,37		C	Ramo	0,08	C
GB35	0,37		C	GB16	0,08	C
Kompolti	0,36		C	Uso 31	0,03	C
P56	0,34		C	Zolo.-11 <sup>1</sup>	0,03	C
Fibrimon	0,33		C	Futura	0,02	C
Fédora 19	0,32		C	D.o. 14 <sup>2</sup>	0,00	C

<sup>a</sup>Mittelwert<sup>1</sup>Zolotonoshskaya-11<sup>2</sup>Dneprovskaya odnodomnaya 14<sup>3</sup>Mittelwerte mit gleichem Buchstaben sind nach dem Student Newman Keuls Test (p = 0,05) nicht unterschiedlich

**Tabelle A27:** Gruppierung aller CBD-Werte in % der TM über alle Versuchsjahre

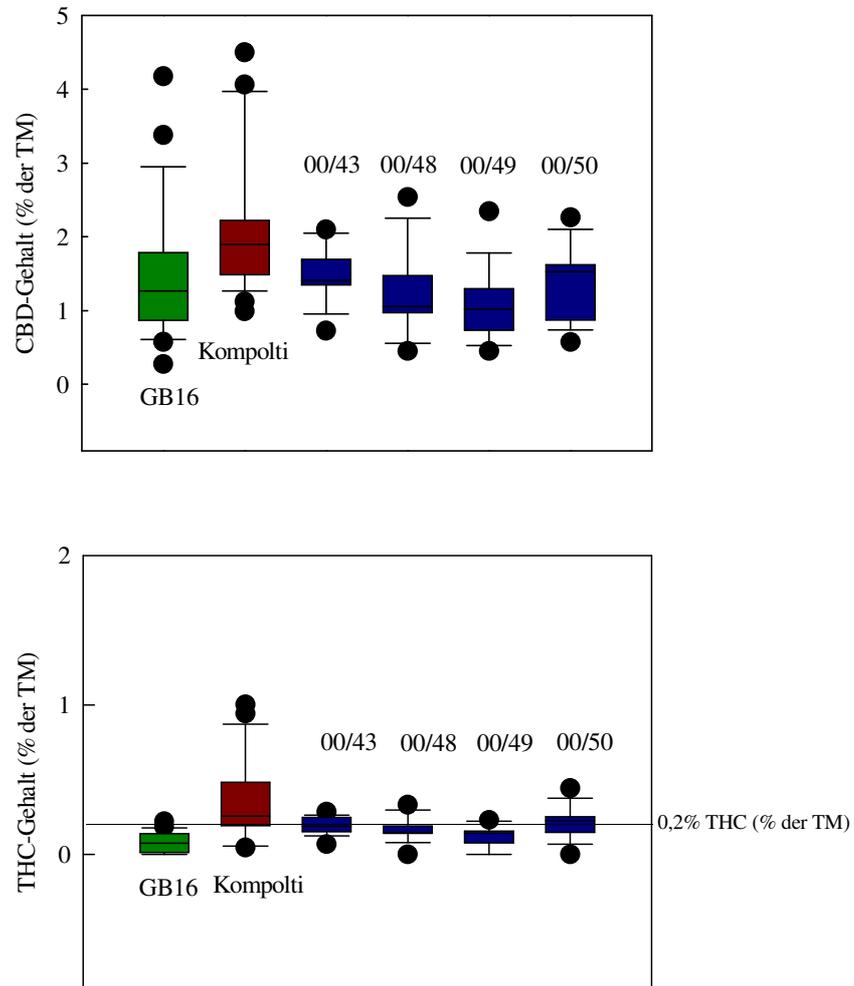
Genotypen	CBD % <sup>a</sup>	Signifikanz <sup>3</sup>	Genotyp	CBD % <sup>a</sup>	Signifikanz <sup>3</sup>
CS	2,71	A	GB32	1,44	A B C D E F G
Carmagnola	2,61	A B	GB25	1,43	A B C D E F G
GB14	2,59	A B	P53	1,35	A B C D E F G
GB15	2,57	A B	GB18	1,32	A B C D E F G
GB24	2,43	A B C	GB33	1,30	A B C D E F G
GB26	2,36	A B C D	Férimon	1,28	A B C D E F G
Fibranova	2,21	A B C D E	Epsilon 68	1,26	A B C D E F G
Kompolti	2,11	A B C D E F	P59	1,24	A B C D E F G
GB17	2,10	A B C D E F	P56	1,23	A B C D E F G
GB34	1,83	A B C D E F G	GB31	1,21	A B C D E F G
GB28	1,79	A B C D E F G	Bialobrezeskie	1,18	A B C D E F G
Uniko-B	1,78	A B C D E F G	GB29	1,16	A B C D E F G
P52	1,73	A B C D E F G	GB27	1,03	A B C D E F G
Hybride 5	1,73	A B C D E F G	GB19	0,99	A B C D E F G
GB35	1,68	A B C D E F G	Fibrimon	0,97	A B C D E F G
P57	1,68	A B C D E F G	Juso 31	0,92	A B C D E F G
Helvetica	1,67	A B C D E F G	Fibrimon 56	0,81	B C D E F G
FxT	1,64	A B C D E F G	Juso 14	0,73	B C D E F G
Futura	1,57	A B C D E F G	Ramo	0,68	C D E F G
Fédora 19	1,56	A B C D E F G	Gluchivski-46	0,60	C D E F G
Fasamo	1,55	A B C D E F G	GB23	0,60	C D E F G
Lovrin 110	1,54	A B C D E F G	GB36	0,56	C D E F G
Félina	1,52	A B C D E F G	White Widow	0,50	D E F G
GB30	1,52	A B C D E F G	GB37	0,46	E F G
GB22	1,51	A B C D E F G	Uso 31	0,36	E F G
GB16	1,49	A B C D E F G	GB20	0,26	F G
GB21	1,48	A B C D E F G	Glera	0,25	F G
Beniko	1,48	A B C D E F G	Gluchivski-33	0,22	F G
Fédrina7	1,47	A B C D E F G	Northern Light	0,18	G
P60	1,46	A B C D E F G	D. o. 14 <sup>2</sup>	0,18	G
P51	1,45	A B C D E F G	Skunk 1	0,17	G
P54	1,4423	A B C D E F G	Zolo.-11 <sup>1</sup>	0,15	G

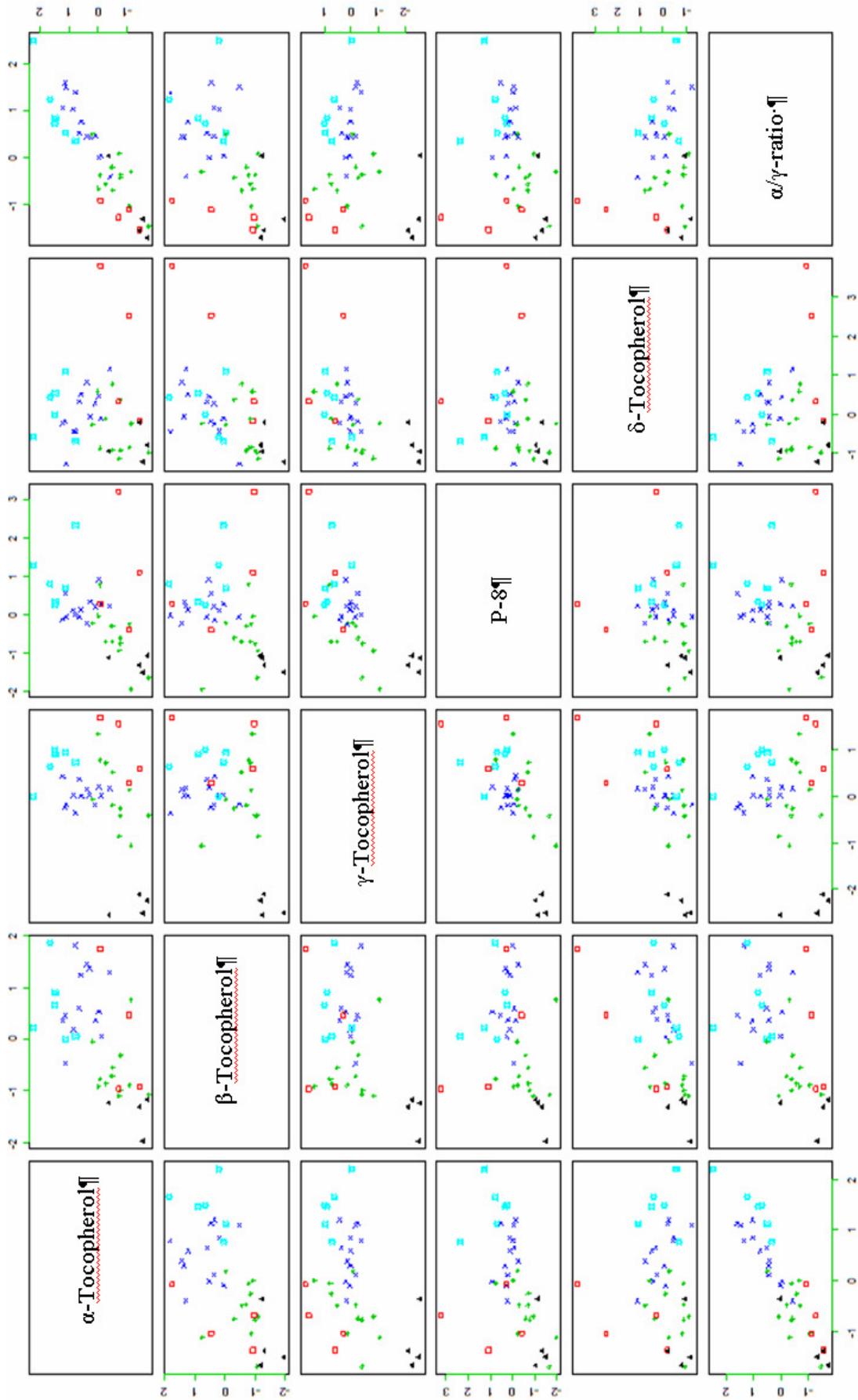
<sup>a</sup>Mittelwert<sup>1</sup>Zolotonoshskaya-11<sup>2</sup>Dneprovskaya odnodomnaya 14<sup>3</sup>Mittelwerte mit gleichem Buchstaben sind nach dem Student Newman Keuls Test (p = 0,05) nicht unterschiedlich



**Abbildung A2:** THC- und CBD-Gehalte (% der TM) ausgewählter Hanfformen in verschiedenen Versuchsjahren. Die Bereiche der drei Chemotypen sind entsprechend gekennzeichnet

**Abbildung A3:** THC- und CBD-Gehalte (% der TM) der Eltern GB16 und 'Kompolti' sowie deren F<sub>2</sub>-Nachkommenschaften 00/43, 00/48, 00/49 und 00/50





**Abbildung A4:** Multipler Scatterplot für die einzelnen Tocopherolfractionen ermittelt durch eine modellbasierte Clusteranalyse. 5 Gruppen sind zu erkennen, Symbole siehe **Tabelle 31** für eine Gruppenzuordnung



## **Erklärung**

Hiermit erkläre ich, dass mit dieser wissenschaftlichen Arbeit noch keine vergeblichen Promotionsversuche unternommen wurden.

Des Weiteren erkläre ich, dass keine Strafverfahren gegen mich anhängig sind.

Einbeck, den 16.10.2006

## **Selbständigkeitserklärung**

Eidesstattliche Erklärung

Ich erkläre hiermit an Eides Statt, dass ich die vorliegende Dissertation zum Thema: “Genotypendifferenzierung und Erstellung von Kreuzungspopulationen bei Hanf (*Cannabis sativa* L.)“ selbständig und nur unter Verwendung der angegebenen Literatur und Hilfsmittel angefertigt habe. Diese Arbeit wurde bisher in gleicher oder ähnlicher Form noch keiner anderen Prüfungsbehörde vorgelegt.

Einbeck, den 16.10.2006

## **Danksagung**

Prof. Dr. Weber danke ich für die Überlassung des Themas, die fachlichen Anregungen, für die Möglichkeit zur Nutzung der Instituteinrichtungen sowie für die gewährten Freiheiten bei der Eingrenzung des zu bearbeitenden Gebietes.

Bei Frau Dr. E. Schumann möchte ich mich für ihre ständige Diskussionsbereitschaft, ihre Unterstützung in guten und schlechten Zeiten und die vielen Motivationen bedanken. All dies hat erheblich zum Gelingen der vorliegenden Arbeit beigetragen.

Mein Dank gilt auch Frau B. Engel, E. Gans, G. Strykowski und P. Quastorf, die mir jederzeit mit Rat und Tat zur Seite standen.

Weiterhin möchte ich mich bei allen Mitarbeitern des Institutes bedanken, die mit zum Gelingen der Arbeit beitrugen.

Herrn Dr. E. Grimm und Herrn H. Rennebaum danke ich für die Möglichkeit zur Nutzung des Laborflachsbrechers zur Faserisolierung.

Für die Möglichkeit am Institut für Lipidforschung der Bundesforschungsanstalt für Ernährung und Lebensmittel in Münster zu arbeiten möchte ich mich bei Herrn Dr. L. Brühl und Herrn Dr. B. Matthäus bedanken.

Herrn Dr. F. Höppner und Frau C. Methner von der Bundesforschungsanstalt für Landwirtschaft, Institut für Pflanzenbau und Grünlandwirtschaft, danke ich für ihre Unterstützung bei den THC- und CBD-Analysen.

Der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) und dem Land Sachsen-Anhalt danke ich für die finanzielle Unterstützung der Arbeit.

Dr. B. Truberg und D. Gerhard danke ich für die vielen Tipps und Anregungen.

Ein ganz besonderer Dank gilt meiner Mutter, die mir diesen Weg ermöglicht hat.

## Lebenslauf

- Persönliche Daten:** Name: Uta Kriese  
geboren am: 06.02.1973  
Geburtsort: Bad Oldesloe  
Familienstand: ledig  
Staatsangehörigkeit: deutsch
- Schulbildung:** 1979 – 1983  
Klaus-Groth-Schule, Grund- und Hauptschule  
1983 – 1989  
Dietrich-Buxtehude-Schule, Realschule  
1989 – 1992  
Fachgymnasium der beruflichen Schulen in Bad Oldesloe,  
sozialwirtschaftlicher Zweig mit den Leistungskursen Biologie  
und Ernährungslehre mit Chemie  
Abschluss: Allgemeine Hochschulreife
- Berufsausbildung:** 1992 – 1994  
Ausbildung zur staatlich geprüften landwirtschaftlich-technischen  
Assistentin an der Berufsfachschule; Fachrichtung Landwirtschaft  
- Schwerpunkt Gartenbauliche Pflanzenproduktion -  
der Landwirtschaftskammer Schleswig-Holstein  
Bundesanstalt für Züchtungsforschung an Kulturpflanzen,  
Institut für Zierpflanzenzüchtung, Ahrensburg
- Studium:** 1994 – 1999  
Studium der Gartenbauwissenschaften an der Universität Hannover  
mit den Schwerpunkten Phytomedizin, Genetik und Pflanzenzüchtung,  
Baumschule, Zierpflanzenbau, Ökologie und Biometrie  
Diplomarbeit: „Untersuchungen zur Charakterisierung und zum  
Nachweis von *Phytophthora quercina*“ an der Biologischen  
Bundesanstalt in Braunschweig  
Abschluss: Diplom-Agraringenieur
- Promotion:** ab Juli 1999 zunächst als wissenschaftliche Hilfskraft, ab Oktober 1999  
als wissenschaftliche Mitarbeiterin an der landwirtschaftlichen Fakultät  
der Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg am Institut für  
Pflanzenzüchtung und Pflanzenschutz in Zusammenarbeit mit dem  
Institut für Pflanzenbau und Grünlandwirtschaft der Bundesforschungs-  
anstalt für Landwirtschaft in Braunschweig und dem Institut für  
Lipidforschung der Bundesanstalt für Getreide-, Kartoffel- und  
Fettforschung in Münster.  
Arbeitsgebiet: Genotypendifferenzierung und Erstellung von  
Kreuzungspopulationen bei Hanf (*Cannabis sativa* L.)
- Berufstätigkeit:** Juni 2003 - Mai 2006 Trainee in der Zuckerrübenzüchtung bei der  
KWS Saat AG in Einbeck  
seit Juni 2006 wissenschaftliche Mitarbeiterin bei der KWS Saat AG in  
der Zuckerrübenzüchtung im Bereich Markeranwendungen