

## 6. Zusammenfassung

Ziel der hier vorliegenden Arbeit war die Entwicklung eines effizienten Markersystems an Hanf (*Cannabis sativa* L.). Dieses Markersystem sollte im Folgenden zur Identifizierung geschlechtsspezifischer Marker und zur Erstellung einer ersten genetischen Hanfkarte benutzt werden. Hierzu wurde eine spaltende Population von 80 Pflanzen aus der Kreuzung einer männlichen und einer weiblichen Pflanze der diözischen Hanfabstammung CAN18 erstellt. Zur sicheren Geschlechtsbestimmung wurden die Pflanzen dieser Population und 30 Pflanzen der diözischen Abstammung CAN17 im Gewächshaus angezogen und bonitiert, da sich gezeigt hatte, dass eine Freilandbonitur zur Geschlechtsbestimmung schwierig ist. Darüber hinaus bildete die spaltende Nachkommenschaft die Grundlage zur Erstellung der genetischen Karte.

Es ist gelungen, die AFLP (amplified fragment length polymorphism)-Methode erfolgreich an Hanf zu adaptieren. Für die Analyse geschlechtsspezifischer Marker wurde die BSA (bulk segregant analysis)-Technik benutzt. Für die Abstammung CAN17 konnten insgesamt 17 und für die Abstammung CAN18 insgesamt 16 männlich-spezifische Marker, für die die Größe bestimmt wurde, detektiert werden.

Mit 22 AFLP-Primerkombinationen konnten 202 polymorphe AFLP-Marker bestimmt werden, die mit Joinmap 1.3 für die Bildung der genetischen Karte verrechnet wurden. Von diesen 202 Markern ließen sich 193 zwölf Kopplungsgruppen zuordnen. Aus der Spaltungsanalyse der geschlechtsgekoppelten, dominanten AFLP-Marker ließen sich fünf verschiedene Markerklassen unterscheiden. Durch die Einordnung der Marker in diese Klassen konnten die geschlechtsspezifischen Fragmente dem X- bzw. Y-Chromosom zugeordnet werden. Neben Markern, die nur auf einem Geschlechtschromosom vorkommen, wurden vier AFLP-Fragmente gefunden, die sowohl auf dem X- als auch auf dem Y-Chromosom lokalisiert sind.

Da die Anwendung von AFLP-Markern sehr aufwändig ist, wurde eine Methode zur Eluierung spezifischer Fragmente aus ALF-Gelen entwickelt, um sie in einfach zu handhabende SCAR (sequence characterized amplified region)-Marker zu konvertieren. So konnten zwei Y-Chromosom-spezifische AFLP-Marker erfolgreich in SCAR-Marker umgewandelt werden.

## 6. Summary

The objectives of this work were the development of an efficient system for marker development in hemp (*Cannabis sativa* L.), the detection of sex-linked markers and the construction of a preliminary genetic linkage map in hemp.

For that purpose a segregating progeny of 80 plants were produced from a cross between a female and a male plant of hemp accession CAN18. Plants of this population were raised in the greenhouse as well as 30 plants of accession CAN17 where the sex was surely determined. Scoring of field grown plants is not so safe regarding sex in hemp. The segregating progeny was used to establish a genetic linkage map of hemp.

An AFLP (amplified fragment length polymorphism) technique was successfully adapted to hemp. Applying the bulked segregant analysis (BSA) 17 and 16 sex-linked markers for the accessions CAN17 and CAN18, respectively, were found and their size was determined.

From 22 AFLP primer combinations 202 polymorphic AFLP markers were obtained which were mapped with Joinmap 1.3. 193 out of 202 polymorphic AFLP markers were assigned to 12 linkage groups. Based on the segregation of the sex-linked dominant AFLP-markers in the male and female progenies five marker classes can be distinguished. All sex-specific markers were grouped into four of these classes and were correlated with the X- and Y- chromosome, respectively. Some markers were found on only one of the sex chromosomes but four markers could be localized on X and on Y.

Since the AFLP analysis requires a lot of laboratory effort, a method was developed to extract specific fragments from ALF-gels to convert them into SCAR (sequence characterized amplified regions) markers which are more easily to handle. Two sex-linked AFLP markers were successfully converted into SCAR markers.