
Posterbeitrag zu Themenkreis: Ernte und Nacherntetechnologie

Trocknungskinetik und Farbveränderung von *Cannabis sativa* L. während der konvektiven Heißlufttrocknung

Drying kinetics and effect on color during convective hot-air drying of Cannabis sativa L.

Alice-Jacqueline Reineke¹, Lisa Lesser², Simone Graeff-Hönninger², Joachim Müller¹

¹Tropics and Subtropics Group, Institute of Agricultural Engineering, University of Hohenheim, Garbenstraße 9, 70599 Stuttgart, Germany

²Profile Department Agronomy, Institute of Crop Science, University of Hohenheim, Fruwirthstraße 23, 70599 Stuttgart, Germany

a.reineke@uni-hohenheim.de

DOI 10.5073/20230821-154100-0

Zusammenfassung

In Folge der Verabschiedung des Koalitionsvertrags im Jahr 2021 ist die Pflanze *Cannabis sativa* L. in den Fokus der Medien und Forschung gerückt. Um Empfehlungen für eine Standardisierung des Trocknungsprozesses der Blütendroge aussprechen zu können, bedarf es weiterer Forschung. Das et al. (2022) weisen daraufhin, dass es derzeit noch kein Modell zur Vorhersage des Trocknungsendes und der Trocknungszeit gibt. Unsere Ziele waren (i) die Modellierung der Trocknungskinetik von zwei phytocannabinoidreichen medizinischen Genotypen bei verschiedenen Temperaturen (20, 40, 60 °C) und (ii) die Bewertung des Einflusses von Trocknungstemperatur auf die Farbe des Blütenmaterials. Die Versuchsergebnisse zeigen ein typisches Trocknungsverhalten. Die Trocknungskurven von Genotyp B weisen eine geringere negative Steigung als die Trocknungskurven von Genotyp A auf. Die kompakteren Blüten von Genotyp B verlangsamen die Trocknungsrate im Vergleich zu Genotyp A. Bei 20 °C zeigt das Page-Modell für beide Genotypen das höchste Bestimmtheitsmaß (R^2) und die niedrigste Wurzel der mittleren Fehlerquadratsumme (RMSE). Bei 40 und 60 °C zeigt das Midilli-Modell die beste Kombination aus R^2 und RMSE. Die Farbveränderungen durch die Trocknung sind geringfügig und selbst die höchste Trocknungstemperatur von 60 °C hat keinen Einfluss auf die Farbe.

Stichwörter: Hanf, Marihuana, Trocknungskurve

Abstract

As a result of the adoption of the coalition agreement in 2021, the plant *Cannabis sativa* L. has become the focus of media and research. Further research is needed to make recommendations for standardizing the drying process of the flowers. Das et al. (2022) point out that there is currently no model to predict the end of drying and the drying time. Our objectives were (i) to model the drying kinetics of two phytocannabinoid-rich medicinal genotypes at different temperatures (20, 40, 60 °C) and (ii) to evaluate the effect of drying temperature on the color of the flowers. The experimental results show typical drying behavior. The drying curves of genotype B show a lower negative slope than the drying curves of genotype A. The more compact flowers of genotype B slow down the drying rate compared to genotype A. At 20 °C, the Page model shows the highest coefficient of determination (R^2) and the lowest root mean square error (RMSE) for both genotypes. At 40 and 60 °C, the Midilli model

shows the best combination of R^2 and RMSE. The color changes due to drying are minor and even the highest drying temperature of 60 °C does not affect the color.

Keywords: hemp, marijuana, drying curve

Einleitung

In Folge der Verabschiedung des Koalitionsvertrags im Jahr 2021 ist die Pflanze *Cannabis sativa* L. in den Fokus der Medien und Forschung gerückt. Die Regierungsparteien wollen „die kontrollierte Abgabe von Cannabis an Erwachsene zu Genusszwecken in lizenzierten Geschäften“ (Sozialdemokratische Partei Deutschlands et al. 2021) einführen. Dadurch soll eine Qualitätskontrolle der Pflanzendroge ermöglicht werden. In der Vergangenheit wurde der Anbau von *Cannabis sativa* L. in Deutschland und anderen Ländern aufgrund seines Gehalts der psychoaktiven Substanz Tetrahydrocannabinol untersagt (Campiglia et al. 2017) oder stark reglementiert. Im Jahr 2022 hat das Council of Europe um Kommentare zum Entwurf für die Monographie von Cannabisblüten für das Europäische Arzneibuch gebeten (Council of Europe 2022). All diese Vorhaben zeigen den Bedarf nach einer Standardisierung im Anbau und im Nachernteprozess auf. Um Empfehlungen für eine Standardisierung des Trocknungsprozesses der Blütendroge aussprechen zu können, bedarf es weiterer Forschung. Challa et al. (2021) haben in ihrem Review dargestellt, dass es bei der industriellen Cannabistrocknung mehrere Herausforderungen gibt. So beschreiben sie, dass teilweise traditionelle Methoden wie das Aufhängen der Pflanzen am Stamm und die Trocknung bei Temperaturen zwischen 19 und 21 °C auch in industriellen Cannabis Betrieben durchgeführt wird. Durch die langen Trocknungsperioden von 5 bis 6 Tagen bei diesen Temperaturen ist das Risiko für den Verderb des Materials durch Schimmelbildung erhöht. Auch Das et al. (2022) weisen daraufhin, dass es derzeit noch kein Modell zur Vorhersage des Trocknungsendes und der Trocknungszeit gibt oder Standards, die das Trocknungsende definieren. In dieser Studie wurde das Trocknungsverhalten zweier Genotypen von *Cannabis sativa* L. untersucht. Unsere Ziele waren (i) die Modellierung der Trocknungskinetik von zwei Genotypen bei verschiedenen Temperaturen (20, 40, 60 °C) und (ii) die Bewertung des Einflusses von Trocknungstemperatur auf die Farbe des Blütenmaterials.

Material und Methoden

Pflanzenmaterial

Zwei verschiedene Genotypen von phytocannabinoidreichem medizinischem *Cannabis sativa* L. (nicht psychoaktive Cannabinoide) wurden im Oktober 2022 auf einer zentralen Forschungsstation der Universität Hohenheim (Ihinger Hof) geerntet. Der Ihinger Hof befindet sich etwa 25 km westlich von Stuttgart (Deutschland). Beide Genotypen weisen einen erhöhten Gehalt an nicht psychoaktiven Substanzen auf. Für den Trocknungsprozess wurde die Ganzpflanze geerntet und die Einzelblüten manuell vom Stamm getrennt sowie getrimmt. Blüten von Seitentrieben mit einem Durchmesser von weniger als 2 cm wurden aussortiert. Die vorbereiteten Blüten wurden gemischt und vor dem Trocknen in einem Plastikbeutel bei 4 °C gelagert. Bevor die Blüten in die Probenhalter des Trockners gelegt wurden, wurden sie aus dem Kühlschrank entnommen und gewartet bis sie Raumtemperatur erreicht haben. Der Feuchtigkeitsgehalt der frischen Proben wurde mittels Ofenmethode (103 ± 2 °C bis zur Gewichtskonstanz) bestimmt.

Trocknungsmethode

Die Trocknungsversuche wurden in dreifacher Wiederholung mit dem Labortrockner HPD TF3+ durchgeführt, der am Institut für Agrartechnik der Universität Hohenheim entwickelt wurde (REYER et al.

2022). Die Trocknung erfolgte bei Lufttemperaturen von 20, 40 und 60 °C und einer spezifischen Feuchtigkeit von 7,28 g H₂O pro kg trockener Luft. Der Luftstrom durch die Proben betrug 0,2 m·s⁻¹. Der Labortrockner wurde mindestens 2 Stunden vor jedem Versuch eingeschaltet, um stationäre Bedingungen zu erreichen. Die Proben wurden einlagig in die Stahlgitterprobenschalen der drei Trocknungssäulen und der Flachbett Trocknungseinheit gelegt. Während des Trocknungsprozesses wurden die Massen der Proben automatisiert in einem festgelegten Zeitintervall von 20 Minuten durch Anheben der Stahlgitterprobenschalen, die an einer Waage befestigt sind, gemessen. Während der Trocknungsexperimente wurden in mehreren Abständen Proben aus der Flachbett Trocknungseinheit entnommen. Die Farbe und der Feuchtegehalt der Proben wurden direkt im Anschluss an die Entnahme bestimmt.

Modellierung der Trocknung

Der Anfangs-, Zwischen- und Endfeuchtegehalt U wurde mit der Ofenmethode (103 ± 2 °C bis zur Gewichtskonstanz) bestimmt. Der Feuchtegrad X der Proben wurde aus der während der Trocknung erfassten Masse m und des Trockensubstanzgehalts TS mit Hilfe nachfolgender Gleichung (1) berechnet:

$$X = \frac{100}{m_{GL} \cdot TS} \cdot m_t - 1$$

wobei m_{GL} die Masse der Proben im Gleichgewichtszustand und m_t die Masse der Probe zu verschiedenen Trocknungszeitpunkten darstellt.

Bei konstanter relativer Luftfeuchte kann die dimensionslose Kennzahl MR (moisture ratio) anhand der folgenden Gleichung (2) berechnet werden:

$$MR = \frac{X_t - X_{GL}}{X_1 - X_{GL}}$$

Dabei ist X_t der Feuchtegrad der Proben zu verschiedenen Trocknungszeitpunkten, X_{GL} der Gleichgewichtsfeuchtegrad und X_1 der Feuchtegrad der frischen Probe.

Tabelle 1 zeigt die in dieser Arbeit verwendeten Trocknungsmodelle zur Anpassung des Kurvenverlaufs an die experimentell ermittelten Daten.

Tab. 1. Trocknungsmodelle der Dünnschichttrocknung, die zur Modellierung der experimentellen Daten verwendet wurden

Tab. 1. Single layer drying models used for the curve fitting of the experimental data

Model name	Model	Reference
Newton	$MR = \exp(-kt)$	(LEWIS 1921)
Page	$MR = \exp(-kt^n)$	(PAGE 1949)
Henderson and Pabis	$MR = \alpha \exp(-kt)$	(HENDORSON & PABIS 1961)
Logarithmic	$MR = \alpha \exp(-kt) + b$	(CHANDRA & SINGH 1995)
Midilli	$MR = \alpha \exp(-kt) + bt$	(MIDILLI et al. 2002)

Bestimmung der Kompaktheit

Die Masse und die Länge von zehn frischen und getrimmten Blüten pro Genotyp wurden mit einer Waage bzw. einem Messschieber gemessen. Mit Hilfe der Petiole-Applikation Version 5.0.0 wurden die Flächen der zehn Blüten in der Draufsicht erfasst. Die Applikation wurde auf einem Smartphone der Kamera Leica Summilux-H1.6/27 ASPH verwendet. Jede Blüte wurde zunächst gewogen, dann wurde

die Länge entlang des Stiels gemessen und schließlich wurde die Fläche der Draufsicht aus fünf verschiedenen Perspektiven mit dem Smartphone erfasst. Der Mittelwert der fünf Draufsichtsflächen wurde berechnet. Um einen Faktor zur Beschreibung der Kompaktheit C der Blüten zu erhalten, wurde die Masse m jeder Blüte durch ihre mittlere Draufsichtsfläche A dividiert, siehe Gleichung (3):

$$C = \frac{m}{A}$$

Farbmessung

Für die Farbmessung wurde das Chroma-Meter CR-400 (Konica Minolta, Osaka, Japan) mit der Lichtquelle D65 verwendet. Die Werte L^* , b^* und a^* wurden im CIELAB-Farbraum aufgezeichnet. Jede der Wiederholungen der frischen, teilweise getrockneten und getrockneten Proben wurde nach dem Zufallsprinzip an drei verschiedenen Stellen der Blüten gemessen. Das arithmetische Mittel dieser drei Messungen wurde berechnet und in der Software des Farbmessgeräts gespeichert. Vor den Messungen wurde eine weiße Kalibrierplatte verwendet. Chroma C^* und Farbtonwinkel h° wurden unter Verwendung der folgenden Gleichungen berechnet:

$$C^* = \sqrt{a^{*2} + b^{*2}}$$
$$h^\circ = \arctan\left(\frac{b^*}{a^*}\right)$$

Der Farbabstand ΔE zwischen den frischen und den getrockneten Proben lässt sich anhand der folgenden Gleichung berechnen, wobei Δ die Differenzen der einzelnen Werte (L^* , a^* , b^*) angibt:

$$\Delta E = \sqrt{\Delta L^{*2} + \Delta a^{*2} + \Delta b^{*2}}$$

Statistische Analysen

Die statistische Analyse wurde mit Hilfe der Software R Version 4.2.2 (R Core Team 2022) durchgeführt. Die Merkmale Masse, Länge und Fläche wurden an zehn getrimmten Einzelblüten gemessen. Die Normalverteilung und die Varianzhomogenität wurden mit dem Shapiro-Wilk-Test (Kassambara 2023) bzw. dem Leven-Test (Fox & Sanford 2019) überprüft. Wenn die Voraussetzungen Normalverteilung und Varianzhomogenität erfüllt waren, wurden die beiden Genotypen mit Hilfe des Welch-Test und der Funktion `geom_signif` auf signifikante Unterschiede mit einem Signifikanzniveau von 5 % getestet. Waren die Voraussetzungen nicht erfüllt, wurde der Mann-Whitney-U-Test durchgeführt (Ahlmann-Eltze & Patil 2021). Die Modellierung der Trocknung fand mit den Mittelwerten der Kennzahl MR unter Anwendung der `nlm` Funktion statt (R Core Team 2022). Das Bestimmtheitsmaß (R^2) und die Wurzel der mittleren Fehlerquadratsumme der resultierenden Modelle wurden über die Funktion `R2_Score` (YAN 2016) bzw. die Funktion `rmse` (Hamner & Frasco 2018) berechnet. Zur Erstellung der Diagramme für diese Arbeit wurde das Paket `ggplot2` verwendet (Wickham 2016).

Ergebnisse

Kompaktheit der Blüten

Abbildung 1 zeigt die Masse, die Länge, die Fläche und die Kompaktheit der getrimmten Blüten für Genotyp A und B. Der Mittelwert der Masse der getrimmten Blüten beträgt 5,86 g für Genotyp A und 9,34 g für Genotyp B. Aufgrund der hohen Inhomogenität der Blüten des Genotyps B kann kein signifikanter Unterschied zwischen den Blütenmassen festgestellt werden. Der Mittelwert der Länge beträgt 4,97 cm bei Genotyp A und 4,95 cm bei Genotyp B. Die Mittelwerte der Flächen liegen mit 24,74 cm² bei Genotyp A und 25,73 cm² bei Genotyp B nahe zusammen. Die Mittelwerte der

Kompaktheit (Fläche geteilt durch Masse) der beiden Genotypen zeigen einen signifikanten Unterschied ($p < 0,001$).

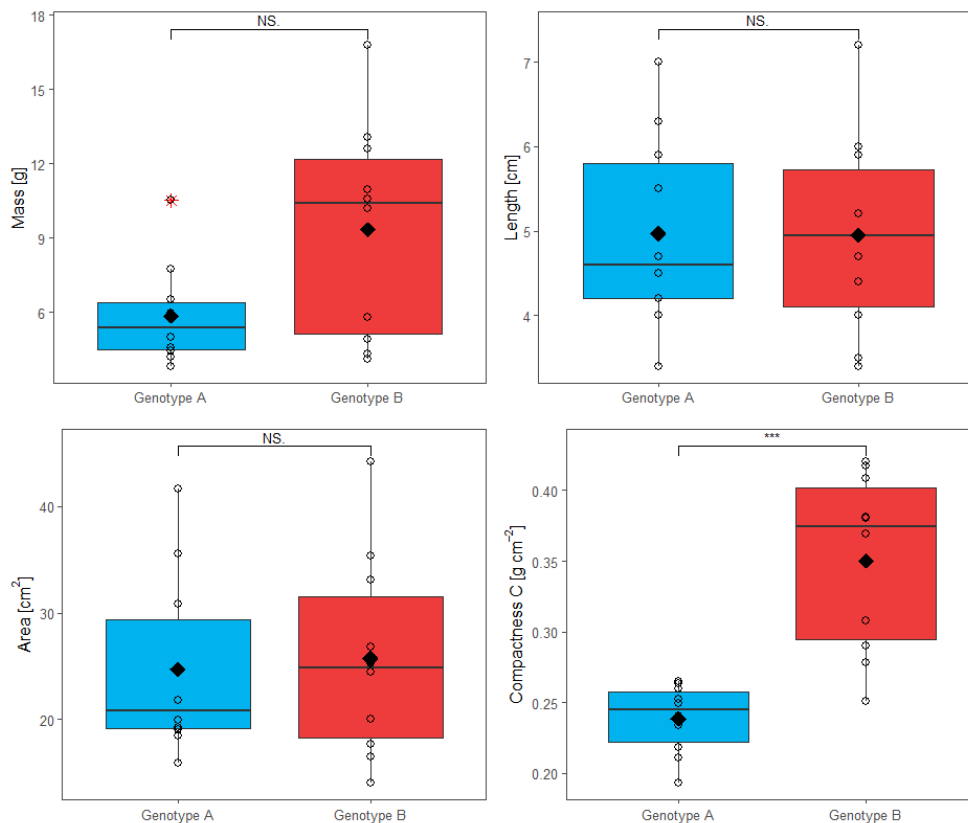


Abb. 1. Masse, Länge, Fläche und Kompaktheit des Genotyps A (n=10) und B (n=10). ◦ gemessene Datenpunkte, * Ausreißer, ◆ Mittelwerte, — Mediane, Kästen zeigen die Interquantilabstände. NS: nicht signifikant, ***: $p < 0,001$

Fig. 1. Mass, length, area and mass divided by area of the genotype A (n=10) and B (n=10). ◦ measured data points, * outliers, ◆ mean values, — medians, boxes show the interquartile ranges. NS: not significant, ***: $p < 0.001$

Trocknungsverhalten

Tabelle 2 zeigt die Koeffizienten der in dieser Studie verwendeten Dünnschichttrocknungsmodelle des Genotyps A. Die Bestimmtheitsmaße (R^2) sind für alle Temperaturen und Modelle höher als 0,96. Die Bestimmtheitsmaße für Genotyp B sind alle höher als 0,98 (Tabelle 3). Zur Identifikation der Trocknungsmodelle, die die experimentell ermittelten Daten am besten beschreiben, sind die Wurzeln der mittleren Fehlerquadratsummen (RMSE) der fünf Trocknungsmodelle angegeben. Unabhängig von Genotyp und Temperatur liefert das Newton-Modell immer den höchsten RMSE. Bei 20 °C besitzt das Page-Modell den niedrigsten RMSE für beide Genotypen. Bei 40 °C und Genotyp A sind die Ergebnisse nicht eindeutig. Die Modelle von Henderson und Pabis, das logarithmische Modell und das Midilli-Modell liefern alle ein R^2 von 0,9993 und einen RMSE von 0,006. Da das Midilli-Modell bei 60 °C für beide Genotypen und bei 40 °C für Genotyp B zum höchsten R^2 und niedrigsten RMSE führt, wurde das Midilli-Modell auch für Genotyp A bei 40 °C ausgewählt.

Tab. 2. Koeffizienten von fünf Dünnschichttrocknungsmodellen und Vergleich ihrer Modellparameter (R^2 und RMSE) sortiert nach Temperaturen für den Genotyp A**Tab. 2.** *Coefficients of five single-layer drying models and comparison of their model parameters (R^2 and RMSE) by temperature for the genotype A*

T, °C	Model	Coefficients				Parameter	
		k	n	a	b	R^2	RMSE
20	Newton	0.0012265 5				0.9614	0.0371
	Page	0.0081209 6	0.7291692 0			0.9992	0.0054
	Henderson and Pabis	0.0009875 1		0.8261220 0		0.9890	0.0198
	Logarithmic	0.0010606 9		0.8284813 0	0.0134473 3	0.9910	0.0179
	Midilli	0.0010154 5		0.8339580 0	0.0000018 1	0.9901	0.0188
40	Newton	0.0042195 3				0.9980	0.0103
	Page	0.0061681 1	0.9336504 0			0.9993	0.0061
	Henderson and Pabis	0.0040475 5		0.9597474 0		0.9993	0.0060
	Logarithmic	0.0040445 4		0.9597804 0	- 0.0001877 9	0.9993	0.0060
	Midilli	0.0040437 1		0.9594826 0	- 0.0000003 4	0.9993	0.0060
60	Newton	0.0152328 6				0.9995	0.0068
	Page	0.0165259 9	0.9815638 7			0.9995	0.0062
	Henderson and Pabis	0.0151316 6		0.9931937 3		0.9995	0.0064
	Logarithmic	0.0148564 3		0.9966713 0	- 0.0058596 5	0.9996	0.0058
	Midilli	0.0149572 1		0.9910808 0	- 0.0000220 8	0.9996	0.0057

Tab. 3. Koeffizienten von fünf Dünnschichttrocknungsmodellen und Vergleich ihrer Modellparameter (R^2 und RMSE) sortiert nach Temperaturen für den Genotyp B**Tab. 3.** Coefficients of five single-layer drying models and comparison of their model parameters (R^2 and RMSE) by temperature for the genotype B

T, °C	Model	Coefficients				Parameter	
		k	n	a	b	R^2	RMSE
20	Newton	0.0007753 3				0.9855	0.0265
	Page	0.0025578 3	0.8396233 0			0.9970	0.0120
	Henderson and Pabis	0.0006908 1		0.8960073 0		0.9955	0.0147
	Logarithmic	0.0006883 0		0.8960567 0	- 0.0008384 7	0.9955	0.0147
	Midilli	0.0006863 0		0.8941517 0	- 0.0000003 7	0.9956	0.0147
40	Newton	0.0031373 8				0.9949	0.0178
	Page	0.0047254 0	0.9320958 0			0.9966	0.0145
	Henderson and Pabis	0.0029803 2		0.9501991 0		0.9974	0.0127
	Logarithmic	0.0028134 1		0.9551207 0	- 0.0160098 1	0.9982	0.0106
	Midilli	0.0028720 5		0.9406252 0	- 0.0000113 9	0.9982	0.0104
60	Newton	0.0101220 0				0.9989	0.0092
	Page	0.0099443 7	1.0036630 0			0.9989	0.0092
	Henderson and Pabis	0.0100786 8		0.9956285 0		0.9989	0.0091
	Logarithmic	0.0095417 7		1.0044980 0	- 0.0172857 0	0.9996	0.0055
	Midilli	0.0097311 4		0.9881876 0	- 0.0000431 4	0.9997	0.0051

Die Trocknungskurven der Blüten von Genotyp A und B bei drei verschiedenen Temperaturen (20, 40, 60 °C) sind in Abbildung 2 dargestellt. Der Feuchtegehalt U des frischen Blütenmaterials lag zwischen 79,92 und 85,78 %, ohne signifikante Unterschiede zwischen den Genotypen. Bei beiden Genotypen und allen Temperaturen zeigt sich ein typisches Trocknungsverhalten mit einer hohen Anfangstrocknungsrate.

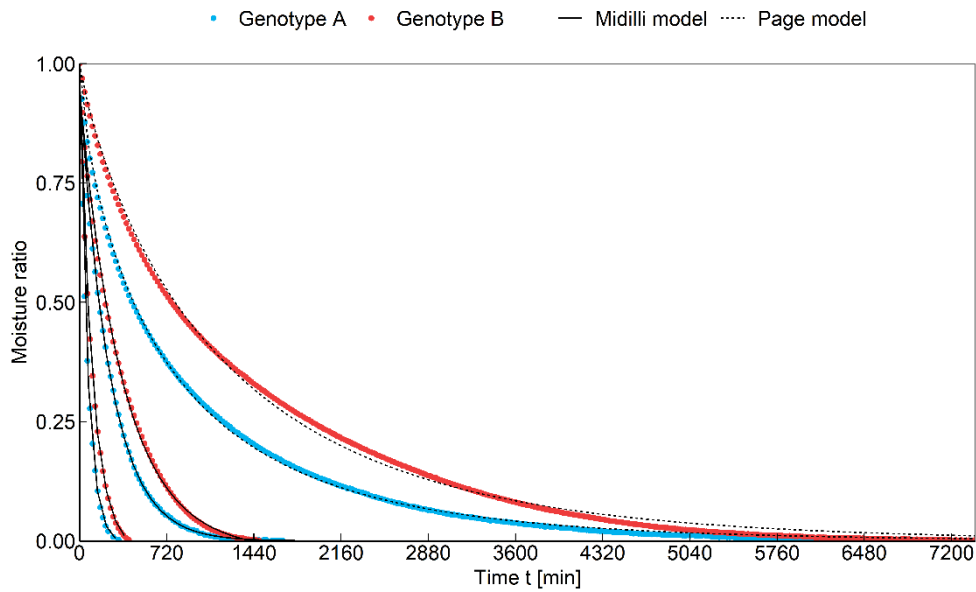


Abb. 2. Trocknungskurven von *Cannabis sativa* L. Blüten zweier Genotypen bei verschiedenen Temperaturen. Bei 20 °C sind die Kurven nach dem Page-Modell, bei 40 und 60 °C nach dem Midilli-Modell gezeichnet

Fig. 2. *Drying curves of Cannabis sativa L. inflorescence from two genotypes at different temperatures. At 20 °C lines are drawn using the Page model, at 40 and 60 °C lines are drawn using the Midilli model*

Der Einfluss der Temperatur auf die Trocknungsgeschwindigkeit ist deutlich zu erkennen. Nach etwa 6 Stunden Trocknung bei 60 °C erreichten die Proben eine Gleichgewichtsfeuchte von 6 %, während die Trocknung bei 20 °C nach 5 Tagen zu einer Gleichgewichtsfeuchte von 14 bzw. 15 % bei Genotyp A und B führte. Bei 40 °C Lufttemperatur war die Trocknung nach etwa einem Tag beendet, wobei für beide Genotypen eine Gleichgewichtsfeuchte von 9 % erreicht wurde (Tabelle 4).

Tab. 4. Trocknungszeit, Feuchtegehalt und Trocknungsmodell für Genotyp A und B bei verschiedenen Temperaturen

Tab. 4. *Drying time, moisture content and drying model for genotype A and B at different temperatures*

Temp. [°C]	Genotype	Drying time [h]	MC _{eq} [% w.b.]	Drying model
20	A	119.5	13.70 ± 0.88 ^a	MR = exp(-0.00812096 t ^{0.72916915})
20	B	130.6	14.93 ± 0.91 ^a	MR = exp(-0.002557827 t ^{0.839623259})
40	A	27.9	8.49 ± 0.20 ^b	MR = 0.95948260 exp(-0.00404371 t) - 0.00000034
40	B	24.7	9.44 ± 0.94 ^b	MR = 0.9406252 exp(-0.002872052 t) - 0.00001138736 t
60	A	5.4	6.20 ± 0.36 ^c	MR = 0.9910808 exp(-0.1495721 t) - 0.00002207943 t
60	B	6.8	5.86 ± 0.39 ^c	MR = 0.9881876 exp(-0.009731136 t) - 0.00004313848 t

Einfluss der Trocknung auf die Farbe

Abbildung 3 zeigt die Werte für Chroma und Farbtonwinkel aufgeteilt nach Genotyp A und B bei unterschiedlichen Trocknungstemperaturen. Genotyp A hat im Mittel einen Chromawert von 16,68 bei frischem Blütenmaterial und im getrockneten Zustand von 19,45. Bei Genotyp B liegt der Chromawert im frischen Zustand bei 19,79 und im getrockneten bei 19,15.

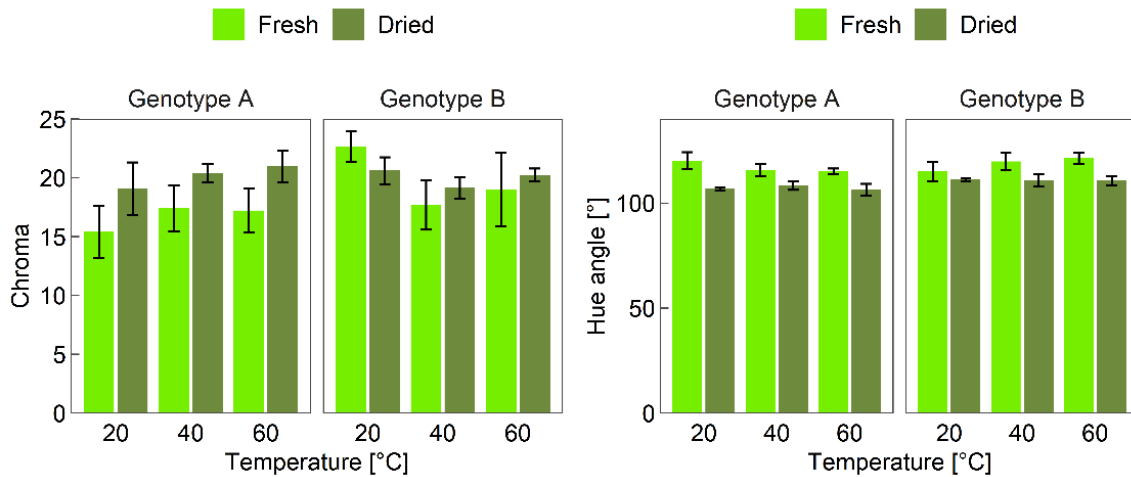


Abb. 3. Chroma und Farbtonwinkel der Blüten der Genotypen A und B vor (fresh) und nach dem Trocknen (dried) bei 20, 40 und 60 °C

Fig. 3. Chroma and hue angle of the flowers of the genotypes A and B before (fresh) and after drying (dried) at 20, 40 and 60 °C

Der Farbabstand zwischen dem frischen und getrockneten Blütenmaterial liegt bei Genotyp A bei durchschnittlich 6,59 und bei Genotyp B bei 4,94 (Abbildung 4).

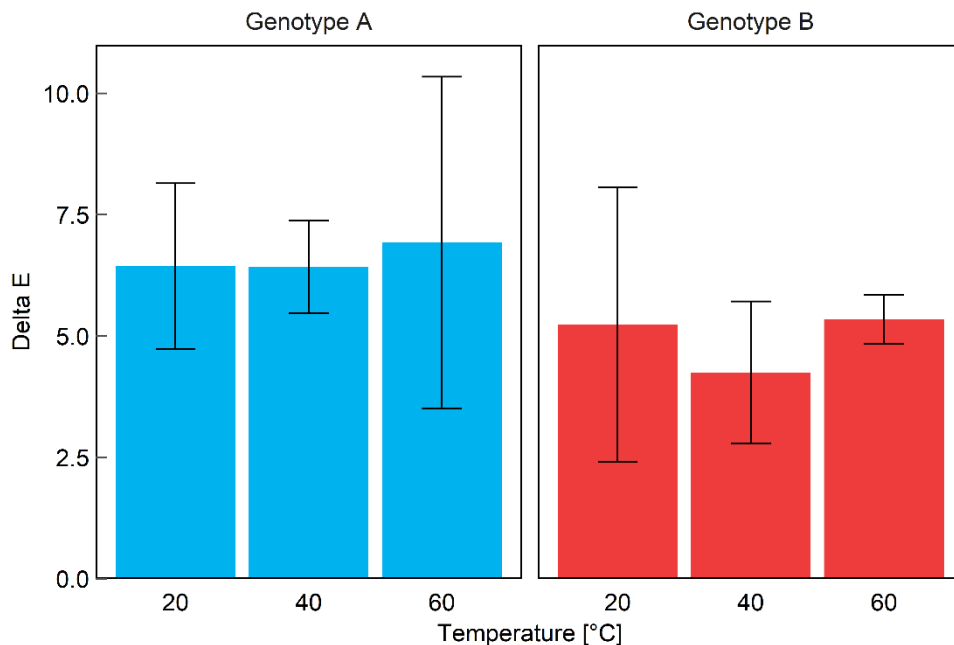


Abb. 4. Farbabstand ΔE zwischen den frischen und den getrockneten Blüten von Genotyp A und B bei Trocknungstemperaturen von 20, 40 und 60 °C

Fig. 4. Total color change between the fresh and the dried flowers of genotype A and B at drying temperatures of 20, 40 and 60 °C

Abschließend kann festgestellt werden, dass sich die Trocknungskurven der beiden Genotypen unterscheiden. Die Blütenmorphologie und besonders die Kompaktheit beeinflusst die Trocknungskurven. Genotyp B hat kompaktere Blüten als Genotyp A und die Trocknungskurven von Genotyp B weisen eine geringere negative Steigung auf. Die Farbveränderungen durch die Trocknung sind geringfügig und selbst die höchste Trocknungstemperatur von 60 °C hat keinen Einfluss auf die Farbe.

Literatur

- Ahlmann-Eltze, C. & Patil, I., 2021: ggsignif: R Package for Displaying Significance Brackets for 'ggplot2'. R package. PsyArxiv.
- Campiglia, E., Radicetti, E. & Mancinelli, R., 2017: Plant density and nitrogen fertilization affect agronomic performance of industrial hemp (*Cannabis sativa* L.) in Mediterranean environment. *Industrial Crops and Products*, 100: 246–254.
- Challa, S., Misra, N. N. & Martynenko, A., 2021: Drying of cannabis—state of the practices and future needs. *Drying Technology*, 39 (14): 2055–2064.
- Chandra, P. K. & Singh, R. P., 1995: *Applied Numerical Methods for Food and Agricultural Engineers*, CRC Press.
- Council of Europe, 2022: Ph. Eur. publishes Cannabis flos draft monograph in Pharmeuropa for comment. <https://www.edqm.eu/en/-/ph.-eur.-publishes-cannabis-flos-draft-monograph-in-pharmeuropa-for-comment>. Accessed 21 June 2023.
- Das, P. C., Vista, A. R., Tabil, L. G. & Baik, O.-D., 2022: Postharvest Operations of Cannabis and Their Effect on Cannabinoid Content: A Review. *Bioengineering*, 9 (8).
- Fox, J. & Sanford, W., 2019: *An {R} Companion to Applied Regression*. R package. Thousand Oaks, CA.
- Hamner, B. & Frasco, M., 2018: *_Metrics: Evaluation Metrics for Machine Learning_*. R package.
- Henderson, S. M. & Pabis, S., 1961: Grain Drying Theory (I) Temperature Effect on Drying Coefficient. *Journal of Agricultural Engineering Research*, 6: 169–174.
- Kassambara, A., 2023: *_rstatix: Pipe-Friendly Framework for Basic Statistical Tests_*. R package.
- Lewis, W. K., 1921: The Rate of Drying of Solid Materials. *Journal of Industrial & Engineering Chemistry*, 13 (5): 427–432.
- 2021: Mehr Fortschritt wagen. Bündnis für Freiheit, Gerechtigkeit und Nachhaltigkeit.
- Midilli, A., Kucuk, H. & Yapar, Z., 2002: A new model for single-layer drying. *Drying Technology*, 20 (7): 1503–1513.
- Page, G. E., 1949: Factors influencing the maximum rates of air drying shelled corn in thin layers. M.S. United States -- Indiana. 1 p.
- R Core Team, 2022: *R: A language and environment for statistical computing*. Vienna, Austria, R Foundation for Statistical Computing.
- Reyer, S., Awiszus, S. & Müller, J., 2022: High-Precision Laboratory Dryer for Characterization of the Drying Behavior of Agricultural and Food Products. *Machines*, 10 (5).
- Wickham, H., 2016: *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*. New York, Springer-Verlag.
- Yan, Y., 2016: *_MLmetrics: Machine Learning Evaluation Metrics_*. R package.