

Gülzower PIAFStat-Verfahren – Standard der Versuchsauswertung in Deutschland

Volker Michel, Andrea Zenk, Jörg Schmidtke ¹⁾

PIAFStat

PIAFStat ist Bestandteil des Gesamtkonzeptes PIAF (Planungs- Informations- und Auswertungssystem für Feldversuche) und dient zur Datenanalyse und biostatistischen Auswertung sowohl von Einzelversuchen als auch von Versuchsserien. Die Basis bildet die Statistik-Software SAS mit ihren vielfältigen Möglichkeiten und weltweiten Akzeptanz der biometrischen Prozeduren.

PIAFStat verbindet die Systeme PIAF und SAS (Abb.1) über eine Verfahrensbibliothek, die die Algorithmen zur Auswertung verwaltet.

Die einzelnen Verfahren der Bibliothek sind SAS-Programme, die um syntaktische Elemente erweitert wurden. Durch die Einführung dieser Elemente können die Verfahren unabhängig von den konkreten Daten entwickelt werden. Erst bei der Zuordnung der Daten zu einem Verfahren werden die vordefinierten Platzhalter dynamisch an die PIAF-Daten gebunden. Dadurch wird ein lauffähiges SAS-Programm generiert. PIAFStat steuert danach das SAS-System und stellt die Ergebnisse für eine weitere Bearbeitung zur Verfügung.



Abb.1: PIAFStat als Verbindung zwischen PIAF und SAS

Die Kommunikation zwischen den Systemen erfolgt über zwei ASCII-Schnittstellen:

ADS = Anforderungs-Daten-Schnittstelle:

Alle notwendigen Informationen zu Einzelversuchen bzw. zu einer Versuchsserie (z.B. Versuchsanlage, Definition der Faktoren und Stufen, Beschreibung der Merkmale ...) und die eigentlichen Versuchsdaten werden in mehreren Dateien hinterlegt.

RES = Rücklieferungs-Ergebnis-Schnittstelle:

Sie dient dazu, dem PIAF-Programm normierte Analyse-Resultate (z.B. adjustierte Mittelwerte, sonstige statistische Maßzahlen) zur Verfügung zu stellen, so dass diese dort weiter verwendet werden können (z.B. zur Rückspeicherung in die PIAF-Datenbank oder im PIAF-internen Tabellierungsmodul).

PIAFStat kann grundsätzlich auf zwei Arten zum Einsatz kommen. Einerseits im so genannten **Hintergrund-Modus**, also initiiert vom Programm PIAF und ohne eigene Benutzer-Interaktion. Zum anderen im **Dialog-Modus**, wo PIAFStat als eigenständige, vom Benutzer geführte Anwendung abläuft.

Verfahrensbibliothek

Die Bibliothek wird in einer Datenbank verwaltet. Jedes Verfahren wird in die Abschnitte Deklaration und Programm unterteilt (Abb. 2). Im Abschnitt Deklaration sind PIAFStat-Platzhalter definiert. Im Abschnitt Programm wird das eigentliche SAS-Programm hinterlegt.

Die in das SAS-Programm eingefügten Platzhalter werden SAS-Statement-konform platziert. Die Platzhalter sind in eckigen Klammern ([...]) eingeschlossen.

ausgewählte Platzhalter-Typen:

¹⁾ BioMath GmbH; Gesellschaft für Angewandte Statistik in Biologie und Medizin, Rostock

A:	Analyse-Merkmale	z.B. [AMERK]
K:	Klassifizierungs-Merkmale	z.B. [KGROSS]
O:	Optionale Abschnitte	z.B. [ODATEI]

Jeder Platzhalter ist gekennzeichnet durch eine eindeutige Bezeichnung sowie optional durch Label (L:) und Infotext (I:). Für die Analyse- und Klassifizierungsmerkmale kann außerdem festgelegt werden, wie eine spätere automatische Datenbindung erfolgen soll.

Die Platzhalter für optionale Abschnitte bestehen aus Programmcode und können im Dialogmodus durch den Nutzer ein- oder ausgeschaltet werden. Damit können ganze SAS-Statements optional verwendet werden (siehe Abb. 2: optionaler SAS-Code nach „C: /out=ism12“ in der Option [ODATEI]). Die Voreinstellung wird mit „ON“ und „OFF“ festgelegt.

Einige in PIAF normierte Klassifizierungs-Variablen können direkt im Programmcode ohne Platzhalter verwendet werden, z.B. WDH (für Wiederholung), Ort und Jahr.

DEKLARATION

KGROSS(L: Großteilstück, I: Wählen Sie den Großteilstücksfaktor!)

KKLEIN(L: Kleinteilstück, I: Wählen Sie den Kleinteilstücksfaktor! , Sorte)

AMERK(L: Merkmal, Methode=MESSEN)

ODATEI(L: Dateiausgabe adj. Mittelwerte, C: /out=ism12, OFF)

PROGRAMM

Proc glm

Class [KGROSS] **KKLEIN** WDH;

Model [AMERK] = [KGROSS] WDH [KGROSS] * WDH **KKLEIN** [KGROSS] * **KKLEIN** /
SS3 alpha=0.05;

Test h=[KGROSS] WDH e=[KGROSS]*WDH;

Ismeans [KGROSS] [ODATEI];

Run;

Abb. 2: Beispiel für den Deklarations- und Programmteil eines Verfahrens zur Auswertung einer zweifaktoriellen Spaltanlage

Beispielhafte Erläuterungen zu Abb. 2:

Im Deklarationsabschnitt ist für eine Klassifizierungs-Variable der Platzhalter **KKLEIN** definiert. Die Zeichenketten hinter L: und I: werden als Label und Infotext interpretiert und im Programmablauf zur Nutzerunterstützung verwendet. Durch die Vorgabe Sorte erfolgt eine automatische Datenbindung mit einer Variablen vom Typ ‚Klassifizierung‘, deren Bezeichnung „Sorte“ ist. Diese Variable kann im Programmabschnitt mit der Syntax [KKLEIN] wiederholt verwendet werden. Bei der Analysevariable [AMERK] werden automatisch nur Merkmale verwendet, deren Erfassungs- Methode ‚Messen‘ ist.

Aktuelle Verfahrensbibliothek (Auszug)

In Abb. 3 sind Standard-Auswertungsverfahren, die für die PIAFStat-Verfahrensbibliothek erstellt wurden, dargestellt. Diese Verfahren sind in folgende Verfahrens-Gruppen eingegliedert:

- Standardverfahren zur Einzelversuchsauswertung
- Auswertungsverfahren mit Geostatistik
- Standardverfahren zur Auswertung von Versuchsserien
- Verfahren der „Hohenheim-Gülzower-Serienauswertung“

Die von der LFA entwickelten Verfahren „einfaktorielle Blockanlage“ und „zweifaktorielle Spaltanlage“ sind in den Länderdienststellen für das Sortenwesen in Deutschland im Einsatz und haben sich länderübergreifend zu den Standardauswertungsverfahren entwickelt. Auch die Verfahren der „Hohenheim-Gülzower-Serienauswertung“ sollen sich aufgrund eines Beschlusses der Agrarministerkonferenz (AMK) vom 7.10.2004 zur Neuordnung des Sortenversuchswesens zum Standard für die mehrjährige Auswertung von Sortenversuchen entwickeln.

Sort	Name	Label	Autor	Version	Datum	Uhrzeit
0000	-	----- Standardverfahren zur Einzelversuchsauswertung			19.10.2006	14:26:17
0001	A-BL	einfaktorielle Blockanlage Standard M-V	Michel / Zenk	97	13.10.2006	08:16:21
0001	A-LR ZUF	einfaktorielles lat. Rechteck Standard M-V	Michel / Zenk	39	09.10.2006	08:35:03
0002	A*B-LR ZUF	zweifaktorielles Lat. Rechteck Standard M-V Okt. 2003	Michel / Zenk		09.10.2006	08:43:58
0002	A/B BZW.B/A	zweifaktorielle Spaltanlage Standard M-V	Michel / Zenk	46	31.03.2006	11:20:33
0003	A*B	zweifaktorielle Blockanlage Standard M-V Juli 2003	Michel / Zenk	5	31.08.2006	14:10:49
0004	A+B	zweifaktorielle Streifenanlage Standard M-V Juli 2002	Michel / Zenk	4	12.07.2005	09:28:35
0010	--	----- Auswertungsverfahren mit Geostatistik			19.10.2006	14:30:07
0011	A-BL GEO	einfaktorielle Blockanlage mit Bodenausgleich	Michel / Zenk	101	03.08.2006	14:44:41
0012	A/B GEO	zweifaktorielle Spaltanlage mit Bodenausgleich	Michel / Zenk	47	15.08.2006	10:40:52
0013	DD	Geostatistik Dauerdüngung	Michel / Zenk	70	12.06.2006	13:29:18
0014	LP BB	Geostatistik zweifaktoriell BB	Michel / Zenk	16	13.10.2006	13:54:31
0015	LP MIT AUSGLEICH	Geostatistik Langparzelle Grundverfahren	Michel / Zenk	12	17.10.2006	13:46:06
0020	---	----- Standardverfahren zur Auswertung von Versuchen				
0020	SORTEN_MW*UMWELT	Serienauswertung 'Sorten_MW * Umwelt', optional mit Gewichtung	Michel / Zenk	28	10.05.2006	11:12:22
0021	SERIE A-BL	einfaktorielle Blockanlage Orte (oder Jahre) =zufällig	Michel / Zenk	2	06.01.2005	14:35:53
0022	SERIE A/B	zweifaktorielle Spaltanlage Orte=zufällig	Michel / Zenk	1	01.08.2003	10:17:46
0030	----	----- Verfahren der Hohenheim-Gülzower Serienauswertg.				
0031	PHI	Hohenheim-Gülzower Serienauswertung - Modellvoraussetzungen	Michel / Zenk / Möhring		20.07.2006	08:34:42
0032	VK	Hohenheim-Gülzower Serienauswertung - Varianzkomponenten	Michel / Zenk / Möhring	13	02.06.2006	10:30:40
0033	MW	Hohenheim-Gülzower Serienauswertung - Bestimmung der Mittelwerte	Michel / Zenk / Möhring	12	19.09.2006	08:45:29

Abb. 3: Auszug aus der aktuellen Verfahrensbibliothek

Das Gülzower PIAFStat-Verfahren „einfaktorielle Blockanlage“ – ein Standardverfahren der Versuchsauswertung in Deutschland

Nachfolgend wird das Verfahren „einfaktorielle Blockanlage“ - das deutschlandweit im Einsatz ist - beispielhaft in Nutzeroberfläche, Output und Interpretation demonstriert:

Allgemeine Informationen

Zielgruppe dieses Verfahrens zur biostatistischen Auswertung einfaktorieller Blockanlagen sind vorrangig die landwirtschaftlichen Institutionen der Länder bzw. Landwirtschaftskammern.

Da hier i.d.R. die Verallgemeinerungsfähigkeit von Versuchsergebnissen in Regionen angestrebt wird, werden überwiegend mehrortige und/oder mehrjährige Versuchsserien im Zentrum der Auswertung stehen. Dabei ist die Auswertung der Einzelversuche nur eine erste Phase. Wir haben daher die Teststatistik einfach gehalten und vorrangig die optimale Schätzung von Prüfgliedeffekten und besonders auch eine umfangreiche Unterstützung bei der fehlerkritischen Auswertung angestrebt.

Das Verfahren ist so konzipiert, dass sowohl Versuche ohne als auch mit Fehlwerten verrechnet werden können, weil Fehlwerte bei exakter Versuchsbetreuung durchaus keine seltene Ausnahme sind. Obergrenzen bezüglich der Anzahl Fehlwerte im Versuch oder je Prüfglied, Block etc. wurden hier bewusst nicht willkürlich eingebaut. Dies muß im Einzelfall vom Bearbeiter eigenverantwortlich beurteilt werden.

Das ‚Auffüllen‘ von geschätzten Ersatzwerten für Fehlwerte in der Datenbank entspricht nicht dem Konzept. Es ist auch nicht nötig, da Fehlwerte im Modell berücksichtigt werden und durch die Adjustierung nicht zu verzerrten Schätzungen führen. Eingetragene Ersatzwerte führen zu (mehr oder weniger) ‚geschönten‘ statistischen Maßzahlen und die Datenbank entspricht dann nicht mehr den tatsächlich erfassten Daten.

Nutzeroberfläche und Nutzerführung

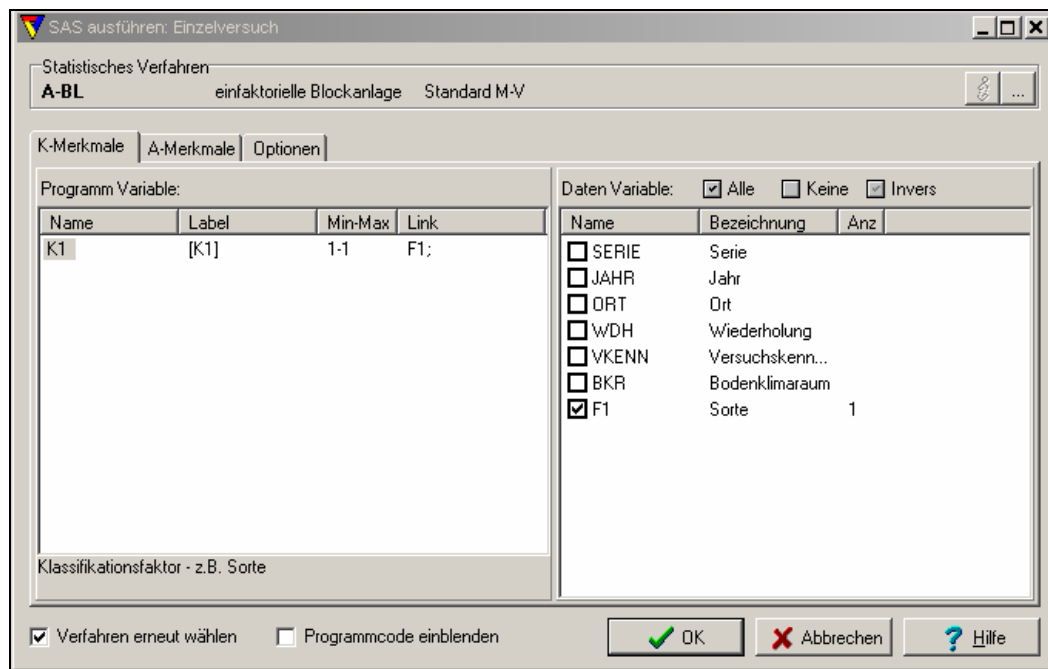


Abb. 4: Zuordnung der Klassifizierungs - Merkmale

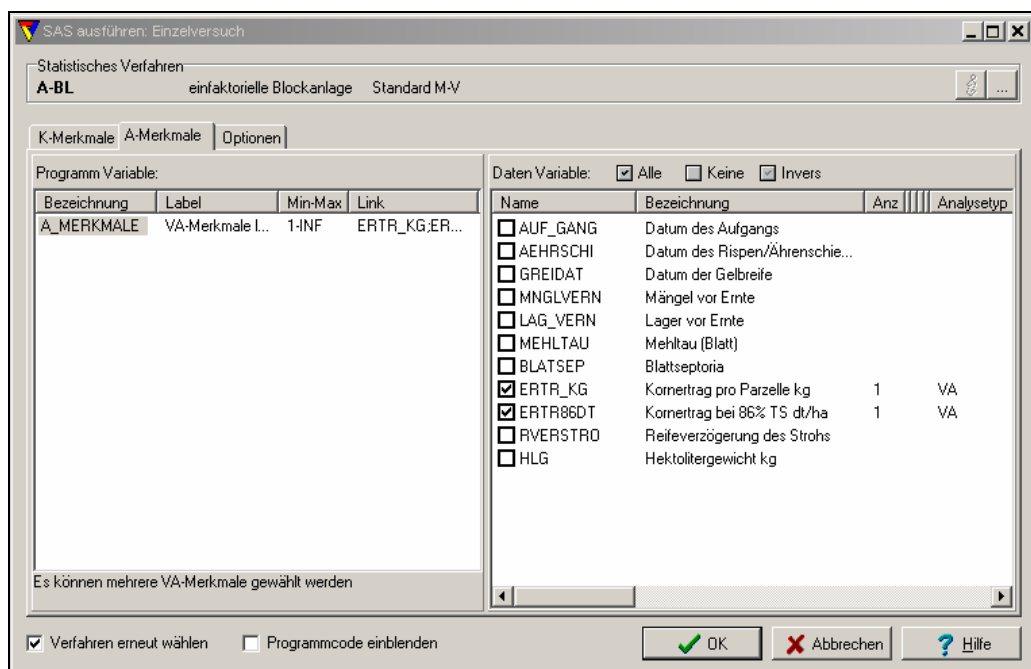


Abb. 4: Zuordnung der Analyse- Merkmale

Klassifikations-Merkmale werden durch eindeutige Benennung (WDH, F1 o.ä.) automatisch aktiviert. Zur dauerhaften Änderung können die Voreinstellungen im Deklarationsteil des Programmcodes geändert werden. Für die aktuelle Auswertung können die Merkmale temporär mit der Maus aktiviert bzw. deaktiviert werden. Bei **Analyse-Merkmalen** werden, um die Routinearbeit zu erleichtern, automatisch alle Merkmale ausgewählt, die der Nutzer standardmäßig für die varianzanalytische Auswertung vorsieht. Dafür muß in den Merkmals - Stammdaten von PIAF im 'Feld1' (Analysetyp) ein 'VA' eingetragen sein (Abb.4).

Die einzelnen Optionen sind als Voreinstellung aktiviert bzw. deaktiviert (über ‚ON‘ bzw. ‚OFF‘ in der Deklaration). Für die aktuelle Auswertung können die Einstellungen für die einzelnen Optionen temporär mit der Maus oder dauerhaft im Deklarationsteil geändert werden.

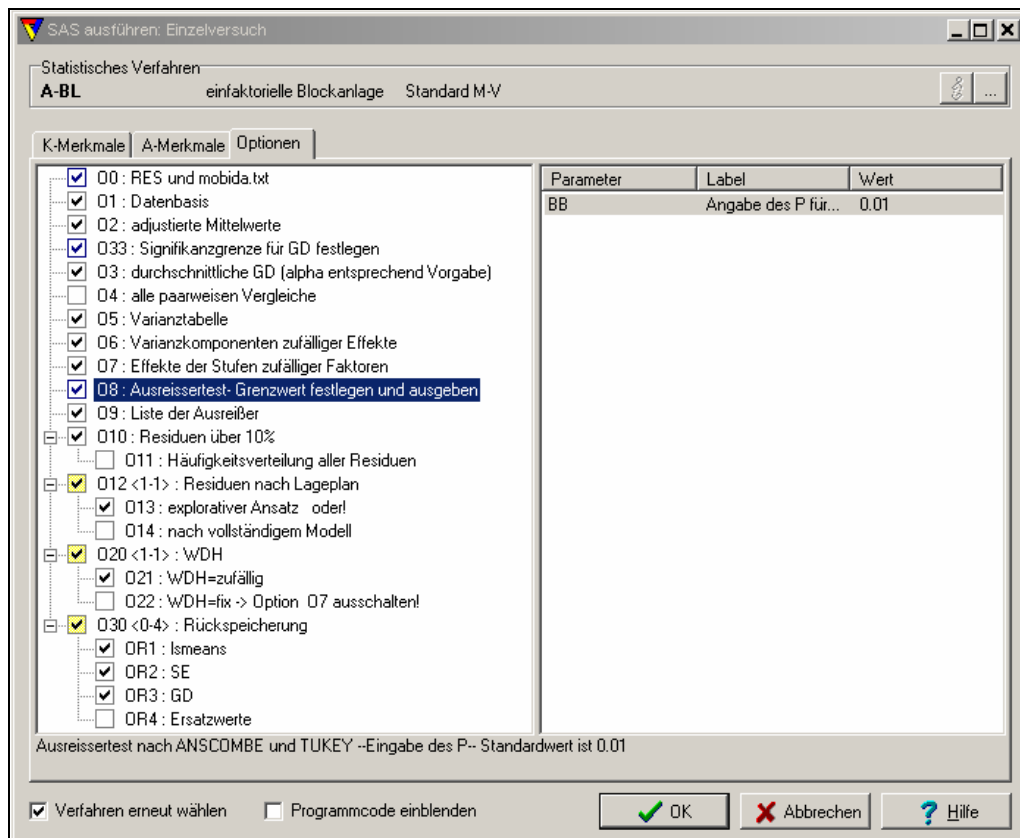


Abb. 5: Übersicht über die Optionen des Verfahrens ‚einfaktorielle Blockanlage‘

Output und Interpretation (Erläuterung der Optionen)

Nachfolgend sind weitgehend unverändert der Output des Verfahrens sowie ein Auszug aus dem in PIAFStat abrufbaren Infotext zur Interpretation wiedergegeben.

Versuchs-Kennzeichnung

Output:

Versuchsfrage: Landessortenversuch Hafer		
Datum der Auswertung: Donnerstag, 19. Oktober 2006		
Ort	Jahr	Serie
Vipprow	2006	0902

Datenbasis: Merkmal: \$\$\$\$\$

Output:

Datenbasis: Merkmal: Kornertrag bei 86% TS dt/ha				
a	blocks	n	Fehlende	Versuchsmittel
3	4	11	1	65.7473

Interpretation:

Ausgewiesen werden die Anzahl Prüfglieder, Blocks (Wiederholungen) und Parzellen, sowie die Anzahl Fehlwerte und das Versuchsmittel.

Fehlwerte wirken sich auf die weiteren statistischen Analysen und die Schätzwerte aus. Daher ist bei der weiteren Auswertung besondere Sorgfalt erforderlich.

adjustierte Mittelwerte und Anteil der einzelnen Prüfglieder an der Restvarianz

Output:

F1	Sorte	adjust Mittelw.	s %	N
1	Ivory	66.7248	1.21553	3
2	Flämingsfi t	68.8350	1.47338	4
3	Typhon	62.7700	1.99941	4

Interpretation:

Die adjustierten Mittelwerte (lsmeans) sind als optimale Schätzwerte für die Prüfgliedeigenschaften meist das Hauptziel der Versuchsanstellung in der angewandten Forschung. Bei Versuchen ohne Fehlwerte sind die adjustierten Mittelwerte identisch mit den arithmetischen Mittelwerten! Bei Fehlwerten wirken sich die Effekte der Blöcke, in denen die Fehlwerte auftreten, auf die Schätzung der entsprechenden Prüfglieder aus.

Ist der Blockfaktor fix gesetzt (siehe unten bei Option ‚WDH‘), so werden die geschätzten Blockeffekte bei der Adjustierung voll zum Ansatz gebracht. Sind die Blöcke zufällig (Standard-einstellung) so kommen diese Effekte sinnvoller Weise nur anteilig in Abhängigkeit von der Relation der Block- zur Restvarianz zum Tragen.

Die Ausgabe des Anteils der Prüfglieder an der Restvarianz (s%) ist ein sehr geeignetes Instrument der fehlerkritischen Auswertung. Dieses s% hat die Dimension des versuchsspezifischen Variationskoeffizienten und erleichtert die Suche nach eventuellen Fehlerquellen innerhalb von Prüfgliedern. Bei auffällig hohen Werten ist eine intensivere Ursachenuntersuchung angeraten, um etwaige Fehler zu finden. Dazu bieten die nachfolgenden Optionen Unterstützung. 10% als Auffälligkeits-Grenze anzusehen, ist eine u.E. brauchbare Faustzahl für viele ‚normale‘ Versuche (siehe auch bei Option ‚relative Residuen außerhalb +/- 10%‘). Der Parameter ist unabhängig von der Anzahl Werte je Prüfglied. Er wirkt sich nicht auf Grenzdifferenzen etc. aus, da - abgesehen von den durch diese Unterstützung evtl. aufzufindenden Fehlern - von Varianzhomogenität ausgegangen wird.

Die Anzahl Werte (N) gibt Aufschluss über die Fehlwerte - Struktur und damit über die Sicherheit der einzelnen Prüfglied-Schätzungen. Entsprechend korrespondiert N mit dem Standardfehler bzw. dem Konfidenzintervall von Prüfgliedern. Letztere sind für die Standardarbeit hier nicht ausgewiesen, lassen sich aber leicht durch Ergänzungen im Programmcode hinzufügen.

Durchschnittliche GD 5% aller paarweisen Vergleiche - t-Test

Output:

arit_MW	MIN	MAX	MEDI AN	N
2.04391	1.89598	2.11787	2.11787	3

Interpretation:

Als Standardverfahren haben wir hier nur den paarweisen t-Test eingebaut, da er für unsere Fragestellungen i.d.R. die gewünschte Interpretation ermöglicht. Für weitere Tests wären spezielle Verfahren vorzubereiten oder hier einzubinden. Bei Tests für simultane Vergleiche ist zu bedenken, dass bei Versuchen in der angewandten Forschung oft nur wenige der oft vielen angelegten Prüfglieder auch tatsächlich miteinander verglichen werden sollen oder können.

In Versuchen ohne Fehlwerte sind alle 4 hier ausgewiesenen Grenzdifferenzen (arith_MW; MIN; MAX; und MEDIAN) identisch und verwendbar, da alle Vergleiche gleiches Präzisionsniveau aufweisen. Treten Fehlwerte auf, trifft dies nicht mehr zu. Da aber bei einzelnen Fehlwerten oft der Wunsch nach einer für den Gesamtversuch näherungsweise gültigen Grenzdifferenz besteht, haben wir die Grenzdifferenzen aller paarweisen N - Vergleiche gemittelt. Wenn Fehlwerte enthalten sind, nutzt man für den exakteren Vergleich der Prüfgliedpaare die Option ‚Liste aller paarweisen Vergleiche mit GD 5% - t-Test‘ .

Wir nutzen aus pragmatischen Gründen überwiegend das arithmetische Mittel, was u.E. ein geeigneter Kompromiss zwischen den nachfolgend diskutierten Extremen ist und wechselnden Situationen in der Fehlwerte - Struktur am besten gerecht wird.

Der Median hat den Effekt, dass bei sehr wenigen Fehlwerten die Grenzdifferenz der ‚normalen‘ Vergleiche ausgewiesen wird. Fehlwerte werden dann also quasi ignoriert.

Die maximale Grenzdifferenz wird vom schlechtesten Vergleich, also stark von den Fehlwerten bestimmt. Sie ist angebracht beim streng konservativen Ansatz, wobei für keinen Vergleich eine zu kleine Grenzdifferenz ausgegeben werden soll. Es wird daher für die meisten Vergleiche eine zu große Grenzdifferenz in Kauf genommen.

Die minimale Grenzdifferenz ist hier nur zu beschreibenden Zwecken mit ausgegeben. Sie wird von uns nicht zur globalen Verwendung empfohlen. Ebenso ist unter N die Anzahl paarweiser Vergleiche, über die gemittelt wurde, nur ergänzend ausgewiesen.

Liste aller paarweisen Vergleiche mit GD 5% - t-Test

Output:

Liste alle paarweisen Vergleiche mit GD mit alpha=0.05 - t-Test					
Effect	F1	_F1	Estimate	l sd	test
F1	1	2	6.4956	1.39103	*
F1	1	3	0.1956	1.39103	-
F1	2	3	-6.3000	1.24439	*

Interpretation:

Hier können die exakten Grenzdifferenzen (unter lsd) und die Testergebnisse (unter test) für alle paarweisen Vergleiche ausgegeben werden, was bei Versuchen mit Fehlwerten oder bei unbalancierten Blockstrukturen sinnvoll sein kann. Die Option haben wir für die Routinearbeit ausgeschaltet (OFF).

Varianztabelle der fixen Effekte

Output:

Effect	Num DF	Den DF	FValue	ProbF	test
F1	2	5	34.59	0.0012	*

Interpretation:

Ausgegeben wird die übliche Varianztabelle für die fixen Effekte mit den Freiheitsgraden des Prüffaktors und des Rests, dem F-Wert, der Irrtumswahrscheinlichkeit und dem Test - Ergebnis des F-Tests (beachten Sie: $0,05=5\%=\alpha$). Der Blockfaktor taucht hier nur auf, wenn er fix gesetzt wird (siehe unten bei Option ‚WDH‘).

Varianzkomponenten zufälliger Effekte und s%

Output:

Cov Parm	Estimate	sRest%
WDH	19.7135	.
Residual	1.0880	1.58650

Interpretation:

Unter ‚Estimate‘ sind die geschätzten Varianzkomponenten der zufälligen Faktoren und die Restvarianz (Residual) aufgeführt. Die Quadratwurzelwerte der Varianzkomponenten sind in der Mengeneinheit des Merkmals interpretierbar (z.B. dt/ha). Eine hohe Varianzkomponente für den Blockfaktor zeigt hohe Niveauunterschiede zwischen den Blöcken an. Das ist zwar nicht wünschenswert, zeigt aber, dass die Blockbildung für die Verminderung des Versuchsfehlers nützlich war. In diesem Fall ist eine intensivere Ursachenuntersuchung innerhalb der Blöcke angeraten, um etwaige Fehler zu finden. Dazu bieten die nachfolgenden Optionen Unterstützung.

Da wegen SAS-Problemen bei unbalancierten Daten die Anweisung ‚nobound‘ im SAS-Code bewusst weggelassen wurde, ist die Blockvarianz im kleinsten Fall =0. Dadurch ist die Teststatistik im balancierten Fall nicht optimal, u.E. aber i.d.R. hinreichend. Alternativ stehen für den balancierten Fall Verfahren von Herrn Dr. Falk Krüger zur Verfügung.

Unter ‚sRest%‘ ist der versuchsspezifische (mittlere) Variationskoeffizient (s%) als üblicher Parameter zur Einschätzung der Versuchspräzision ausgewiesen.

Effekte der Stufen zufälliger Faktoren und Anteile an der Restvarianz

Output:

Effect	Wdh	Niveau	Blockeffekt	s %	N
WDH	1	69.1217	3.3744	0.85115	2
WDH	2	60.6642	-5.0831	1.85182	3
WDH	3	63.5020	-2.2453	0.82754	3
WDH	4	69.7013	3.9540	2.31433	3

Interpretation:

Dieser Bereich ist als Unterstützung bei der Plausibilitätskontrolle und der Suche nach etwaigen Fehlern innerhalb der Blöcke gedacht. Unter ‚Blockeffekt‘ ist die geschätzte Abweichung des Niveaus der Blöcke vom Versuchsmittel in der Mengeneinheit des Merkmals ausgewiesen. Das ‚Niveau‘ ist von uns nur zur Verbesserung der Anschaulichkeit eingefügt. Es stellt die Summe aus Blockeffekt und Versuchsmittel dar.

Dabei ist zu beachten, dass dieses Niveau dem arithmetischen Mittel der Parzellen des Blockes nur dann genau entspricht, wenn a) keine Fehlwerte enthalten sind und b) der Blockfaktor ‚fix‘ gesetzt ist. Ist er ‚zufällig‘ gesetzt, so nähert sich das Blockniveau dem Versuchsmittel. Diese Annäherung fällt umso größer aus, je kleiner die Blockvarianz im Verhältnis zur Restvarianz ist. Bei Blockvarianz = 0 wird für alle Blöcke das Versuchsmittel als Niveau ausgegeben. Dies mag auf den ersten Blick zu Verständnisproblemen führen, erspart dem Nutzer aber die fälschliche Annahme von Blockeffekten, die ursächlich nicht im Block, sondern im allgemeinen Versuchsfehler begründet liegen könnten. Daher können kleine MQ(Block)-Werte im fixen Modell, wenn sie allein aus der Restvarianz erklärbar sind, im zufälligen Modell einer Varianzkomponente = 0 entsprechen.

Zur Interpretation des ‚s%‘ und des ‚N‘ verweisen wir auf die Option ‚adjustierte Mittelwerte und Anteil der einzelnen Prüfglieder an der Restvarianz‘. Diese Parameter sind wiederum sehr hilfreich bei der Plausibilitätskontrolle und der Suche etwaiger Fehler.

Ausreißertest P=0.01 – Grenzwert

Output:

Grenzwert für den Ausreißertest nach Anscombe und Tukey P=0.01

Cs	Rel_Cs
1. 13392	1. 72467

Interpretation:

Ausgewiesen wird die Überschreitungsgrenze für absolute Residuen (Zufallseffekte der Einzelwerte/Parzellen), ab der ein Residuum mit einer vorgegebenen Irrtumswahrscheinlichkeit als Ausreißer angesehen wird. Wir haben uns aufgrund unserer Erfahrungen in der Arbeit mit EFDAS für das Niveau 0.01 = 1 % entschieden.

Auf mehrere Grenzen bei unterschiedlichem α haben wir bewusst verzichtet, die Grenze ist aber optional einstellbar (Abb.5). Die Ausreißerbetrachtung soll kein ‚Spiel mit Wahrscheinlichkeiten‘ werden, sondern wirklich auffällige Werte sollen fachlich intensiv überprüft werden.

Zu beachten ist, dass das Niveau des Grenzwerts vom Niveau der Versuchspräzision abhängig ist. In sehr präzisen Versuchen werden also schon sehr viel kleinere Residuen als Ausreißer ausgewiesen, als in Versuchen mit mittlerer oder unbefriedigender Präzision.

Liste der Ausreißer

Output:

F1	WDH	ERTR86DT	Resi d	Rel Resi d	Ausreißertest
3	4	65.47	-1.25399	-1.90729	*

Interpretation:

Es werden alle Ausreißer sortiert nach Größe ausgegeben. Treten keine auf, gibt es die Information: ‚Es sind keine Ausreißer vorhanden‘.

Ausreißer sollten nicht leichtfertig gestrichen werden. Vielmehr empfehlen wir eine gründliche Nachprüfung (Durchsicht der Versuchsunterlagen wie Textbericht, Skizzen, Mängel-, Lager- und andere Bonituren, Rücksprache mit dem Versuchsbetreuer, Residuen nach Lageplan, Residuen außerhalb +/-10% etc.). Nur in eindeutigen Fällen sollten Streichungen erfolgen. Letzteres muß in der Datenbank oder über die Definition von Ausnahmen in PIAF erfolgen und die Auswertung muss wiederholt werden.

Eine temporäre Streichung zum ‚Probieren‘ ohne Abspeicherung in der Datenbank haben wir bewusst nicht vorgesehen, da dies u.E. kein fachlich begründetes Vorgehen ist. Die Streichung der vermeintlich ‚schlechtesten‘ Werte führt zwangsläufig (per Definition) zu verbesserten statistischen Maßzahlen, was wiederum zur unbegründeten Streichung verleitet.

relative Residuen außerhalb +/- 10%

Output:

Es sind keine rel. Residuen ausserhalb +/- 10% vorhanden!

Interpretation:

Es werden alle Residuen $> +10\%$ bzw. $< -10\%$ sortiert nach Größe ausgegeben. Treten keine auf, gibt es die Information: ‚Es sind keine relativen Residuen außerhalb +/- 10% vorhanden‘.

Interpretation:

Die Verteilung der Residuen über die Fläche, also nach Lageplan, kann - insbesondere bei größeren Versuchen - Aufschluss über lokale Nester oder Trends geben. Ursachen sind häufig bodenbürtig. Das Erkennen solcher Situationen erleichtert den weiteren Umgang mit den Daten. Auch hier sei vor leichtfertigen Schlüssen aufgrund weniger Beobachtungswerte gewarnt.

Um sich auf die räumliche Verteilung der Residuen konzentrieren zu können und nicht zu schnell vermeintliche Bezüge z.B. zum Ausreißertest herzustellen, haben wir in der tabellari-schen Darstellung auf die Ausgabe der Klassifikation (Prüfglied-Nr. etc.) verzichtet.

Die Zeilen-Spalten-Struktur der Tabelle entspricht dem um 90° gedrehten Lageplan, so dass die Zelle links-oben die linke Parzelle im ersten ‚Beet‘ ist. Durch diese Drehung passen übliche Anlagen meist ins Hochformat.

WDH

Interpretation:

Hier lässt sich der Block-Faktor fix oder zufällig setzen. Wir haben standardmäßig zufällig ein-gestellt.

Für große Versuche mit deutlich räumlichem Effekt, die nicht hinreichend durch Blockung erfasst werden, sei hier auf die PIAFStat-Verfahren mit Geostatistik (Bodenausgleich) verwiesen.

Zusammenfassung

PIAFStat ist Bestandteil des Gesamtkonzeptes PIAF. In der Verfahrensbibliothek von PIAFStat stehen SAS- Programme zur Datenanalyse und biostatistischen Auswertung zur Verfügung. Die Verfahren zur Einzelversuchsauswertung und zur Auswertung von Versuchsserien, die in der Landesforschungsanstalt für Landwirtschaft und Fischerei Mecklenburg-Vorpommern erstellt wurden und inzwischen länderübergreifend als Standardverfahren genutzt werden, werden hier kurz vorgestellt. Am Beispiel des Verfahrens „einfaktorielle Blockanlage“ wird ausführlich auf Nutzeroberfläche, Output und Interpretation eingegangen.