



Stand: 18.06.2009

PIAFStat-Verfahren für die „Hohenheim-Gülzower Serieneauswertung“

Name: VK

Label: Bestimmung der Varianzkomponenten

Macros: %varianzkomponenten

Funktionen: PFAD; TYP; MEAN; DATEN1; VORGABEN; OPTION1; MC_VK; WICHTUNG; ADD; DUBL_CHECK ;ZWEIDEUTIG1;REGRUECK

Konzeption: Michel, Piepho

Umsetzung SAS, PIAFStat: Zenk, Reitel

SAS-Macros: Möhring

Seit Version vom 10.3.2008 wurden insbesondere folgende Neuheiten in das Programm eingefügt:

- Erweiterung der Option 04 – mehrfaktoriell (j/n) um Stufenmittel und Behandlungseffekt
- Nutzung von Erfahrungswerten für Phi (externe Datei PHISTart.xls)

Seit Version vom 22.08.2006 wurden insbesondere folgende Neuheiten in das Programm eingefügt:

- Möglichkeit, Information zu Sortengruppen aus der ADS zu nutzen
- Abspeicherung der Ergebnisse (VK-Tabelle, Korrelationen) auch in Access
- Bildung der Dateinamen mit Zusatz von [A1] und beliebiger Ergänzung (&Z; default=1)
- Erweiterung der VK-Bestimmung um Möglichkeit der Wahl zwischen CS-Modell und UN(1)-Modell

1. Ziel und Leistung des Verfahrens

Schätzung der zur Mittelwertsschätzung benötigten Varianzkomponenten incl. der davon abgeleiteten genetischen Korrelationen zwischen einbezogenen Anbaugebieten (für die optimale Gewichtung von Ziel- und Nachbar-Anbaugebieten) als Voraussetzung einer optimierten regionalisierten Mittelwertsschätzung.

2. IT –Voraussetzungen und –Hinweise

- Das Verfahren geht von einer relativ festgelegten Verzeichnis-Struktur auf dem PC aus, da der Zugriff auf die externen Dateien und das Abspeichern des gebildeten Datasets gewährleistet sein muss. Vorgeschlagen wird folgende Struktur: G:\Hoh_Meth\Ergebnisse\Kulturart (z.B. WW) für den Ergebnis-Pfad und G:\Hoh_Meth\Daten\Kulturart (z.B. WW) für den Pfad zu den externen Dateien. Um diese Struktur festzulegen, werden die Optionen O0, O1 und O2 genutzt (siehe Pkt. 3). Eine dauerhafte Umstellung der Pfade kann in der Funktion **PFAD** erfolgen.
- Bei Verwendung einer A-Serie aus PIAF empfehlen wir, die ADS auf der Aggregationsebene A (einfaktorielle Versuche) bzw. AB (zweifaktorielle Versuche) auszugeben. Sind aber keine Mittelwerte (arithmetisch oder adjustiert) in PIAF zurückgelesen worden, kann die ADS auch auf der Aggregationsebene P ausgegeben werden. Ein interner Verfahrensschritt bildet vor der Bestimmung der Varianzkomponenten temporär arithmetische Mittelwerte.
- In die ADS brauchen nur die zu analysierenden Merkmale und gegebenenfalls ihre zugehörigen Standardfehler ausgegeben werden.
- Die Struktur der Excel-Datei mit externen, einzubeziehenden Merkmals-Daten (z.B. dataset_alt.xls) hat eine vorgeschriebene Struktur. Das Beispiel einer solchen Datei wird den Verfahren beigelegt (<http://www.piafstat.de> → Download). Wichtig: notwendige Tabelle im Tabellenblatt ‚Tabelle1‘ ablegen. In der ersten Zeile müssen die Spaltenüberschriften stehen. Folgende Informationen und Spaltenüberschriften muss diese Tabelle enthalten (Spaltenüberschrift → Erläuterung):

- Ortid → PIAF-Schlüssel für Versuchsstandort (siehe Bem. Ortid)
- ORTBEZ → Ortbezeichnung
- LAND → PIAF-Schlüssel für das Bundesland
- VNR → numerisch, zur Unterscheidung von Versuchen und Generierung des Typs
- JAHR
- S → Sortenschlüssel, BSA-Kennnummer entsprechend PIAF (z.B. WW 025360)
- F1 → numerische Verschlüsselung des Faktors 1 (Spalte muß benannt werden, kann aber leer sein; gleiches gilt für F2 bei zweifaktoriellen Versuchen)

Analysemerkmale, z.B.:

- ERTR86DT → Label- Bezeichnung aus PIAF (hier Label kurz)
- SE_ERT → bei beabsichtigter Verrechnung mit Gewichtung nach Versuchspräzision notwendiger Standardfehler des Mittelwertes zum Analysemerkmal mit Label- Bezeichnung aus PIAF (hier Label kurz)
- Die Verwendung des gewünschten Labels (kurz, mittel oder lang) ist in der vupdate.ini von PIAFStat zu definieren. Diese vupdate.ini ist im ADS-Verzeichnis abzulegen. Ein Beispiel dieser Datei für Verwendung der Label-kurz - Bezeichnungen wird den Verfahren beigelegt (<http://www.biomath.de> → Download).
- weitere externe Dateien:
 - Für die Zuordnung der BKR zu Anbaugebieten ist die externe Datei reg.xls notwendig. Auch hier wird ein Beispiel den Verfahren beigelegt (<http://www.biomath.de> → Download). Wichtig: Die Datei reg.xls wird in dem Pfad für allgemeine externe Dateien abgespeichert. Sie enthält zwei Arbeitsblätter (siehe Beispieldatei reg.xls). Dabei hat eine Tabelle die Benennung „Tabelle1“ zu tragen. In ihr wird die Zuordnung BKR zu Anbauregion (AR) je nach Kulturart definiert. Die Spalte BKR enthält die Nummern 0, 101 bis 199; es folgen Spalten mit Kulturartenkürzel bzw. dem flexiblen Kürzel (z.B. temp) als Spaltenüberschrift und den zugehörigen Anbaugebietsnummern. Können die Spaltenüberschriften nicht erkannt und zugeordnet werden, wird Fehlermeldung durch ‚Laut‘ und Fehlermeldung mitgeteilt.
Die zweite Tabelle muss die Benennung Orte tragen. Es reicht formal, wenn außer den Überschriften nichts in der Tabelle enthalten ist. Mit ihrer Hilfe kann man gegen die Norm BKR →

AR einem Ort eine Anbauregion zuweisen. Nur für die hier enthaltenen Orte wird eine andere Zuweisung zur Anbauregion vorgenommen, als in Tabelle1 festgelegt. Diese Zuweisung hat aber Vorrang vor den Zuweisungen BKR → AR.

Diese externe Tabelle reg.xls mit den zwei Arbeitsblättern ermöglicht es, für alle Kulturarten mit einer Datei zu arbeiten und gleichzeitig aber die Flexibilität bei der Zurodnung von ‚Ausnahmen‘ zu erhalten.

- Die Zuordnung der Sortengruppen zu den Sorten des Datasets erfolgt mit Hilfe der Datei gruppen.xls. Auch hier wird ein Beispiel den Verfahren beigelegt. Wichtig: Ablage der Tabelle in Tabellenblatt ‚Tabelle1‘, Spaltenüberschriften in der ersten Zeile, Aufnahme folgender Informationen (Spaltenüberschrift → Erläuterung):

- s → BSA-Kennnr; Schlüssel für Sortenzuordnung
- Name → Sortenname
- gr → Schlüssel für Sortengruppen, kann alphanumerisch und muß nicht vollständig sein.

Die Spaltenüberschrift ist unbedingt so zu übernehmen.

Es ist nicht selten, dass bei Stämmen oder EU-Sorten eine Zuordnung zu einer Sortengruppe nicht / noch nicht erfolgen kann. Dann bleibt die Zelle in dieser Zeile leer. Sind in der Datei gruppen.xls Sorten ohne Gruppenzuordnung aufgeführt, werden diese bei der Bestimmung der Varianzkomponenten nicht einbezogen, werden aber im Verfahren ‚Bestimmung der Mittelwerte‘ trotzdem berücksichtigt.

- Die erzeugte Datei varianzk.sas7bdat wird für das Verfahren ‚Bestimmung der Mittelwerte‘ benötigt. Diese Datei wird im Ergebnispfad (z.B. G:\Hoh_meth\Ergebnisse\Kulturart) als SAS-Datei abgespeichert. Soll diese Datei langfristig aufbewahrt und später wieder genutzt werden, ist eine Archivierung dieser Dateien vorzunehmen.
- Der ggf. verwendete Transformationsparameter phi muss identisch mit dem phi im Verfahren ‚Bestimmung der Mittelwerte‘ sein.
- Möglichkeiten bei Abbruch der Iteration und fehlender Schätzung der VK:
 - Datensatz reduzieren nutzen, vorrangig Versuche je Sorte höher setzen
 - mit Gewichtung nach SE arbeiten, bei unvollständigen SE bitte bei ‚Michel‘ nachfragen
 - Startwerte für VK vorgeben (wird integriert, sonst nachfragen)
 - Einbeziehung aller WP bereits ab WP1 etc. schafft Brücken über Jahre/Jahrgänge

Leistung der Funktionen:

Funktion	Leistung
PFAD	Pfade festlegen
TYP	Automatische Generierung des Typs im Datensatz
MEAN	Komprimierung doppelter Datensätze (z.B. bei Intensitätsstufe II und III)
DATEN1	Vorbereitung des Datensatzes, Datenbasis, und deren Kontrolle
VORGABEN	Phi und alpha können vorgegeben werden
OPTION1	gewählte Optionen werden im Output ausgegeben
WICHTUNG	Wichtung nach Versuchspräzision (ja/nein)
ADD	Automatische Generierung der Additionskonstante
DUBL_CHECK	Prüfung des Datensatzes auf Dubletten
ZWEIDEUTIG1	Prüfung der BSA-Kennnr. und der Sortennamen auf Eindeutigkeit
MC_VK	Macro-Aufruf zur Bestimmung der Varianzkomponenten
REGRUECK	Rückbenennung der Regionen in Tabelle Varianzk

Bem. OrtId: Die Verfahren sind darauf ausgerichtet, die länderspezifischen OrtId aus PIAF zu nutzen. Diese müssen in PIAF und in der Datei reg.xls dementsprechend eingerichtet sein und übereinstimmen!

3. Optionen

- OO: Kulturart:

Es erfolgt die Auswahl einer Kulturart, die bearbeitet werden soll. Ist diese Kulturart aktuell nicht aufgeführt, dann kann sie in der Funktion PFAD im Deklarationsteil mit aufgenommen werden.

Es wird eine Macrovariable (&Kulturart) zur Kulturart gebildet. Diese wird im Verfahren genutzt, um z.B. die Pfad-Struktur zu vervollständigen oder um das kulturart-spezifische Anbauggebiet anzusprechen zu können.

- O1: Pfad zu den Ergebnis - Dateien:

Hier kann die in der Funktion **PFAD** vorgegebene Verzeichnisstruktur temporär für einen SAS-Durchlauf verändert werden. Durch Veränderung der Angaben in der Funktion PFAD wird die Verzeichnisstruktur dauerhaft geändert.

- O2: Pfad zu den externen Dateien:

Entsprechend der Option O1 werden hier Veränderungen der Pfadangaben für die externen Dateien vorgenommen.

Die Optionen O0 bis O2 sind in allen Verfahren der Hohenheim-Gülzower Serienauswertung enthalten und identisch.

- O3: Datenbasis

Das Verfahren ermöglicht es, im Normalfall nur mit PIAF-Daten einer harmonisierten Auswertungs-Serie zu rechnen.

Es können aber auch externe Merkmals-Daten (Excel-Format), die nicht in die A-Serie einbezogen wurden, u.U. gar nicht in PIAF vorliegen, hinzugefügt werden. In MV wird dies gezielt genutzt, um

- alte ‚nicht - PIAF-Daten‘ einzubeziehen und um
- zu vermeiden, dass mehr als 3-4 Jahre gemeinsam harmonisiert werden müssen.

Unter Einbeziehung von Nachbarländern, WP etc. über weit mehr als 3 Jahre wäre eine Harmonisierung nur schwer zu bewältigen. Die Unübersichtlichkeit der A-Serien nimmt mit steigendem Datenumfang zu und es steigt die Gefahr von Fehlern bei der Harmonisierung.

Letztlich können in dieser Option auch ausschließlich externe Daten herangezogen werden. Damit sind diese Verfahren auch ohne PIAF arbeitsfähig.

- O4: mehrfaktoriell (ja/nein):

Ist diese Option deaktiviert, wird von einer einfaktoriellen Auswertungsserie ausgegangen. Weiteres ist dabei nicht zu berücksichtigen.

Bei Aktivierung der Option kann eine zweifaktorielle Auswertungsserie ausgewertet werden. In diesem Fall muß der Anwender sich für eine der Unteroptionen entscheiden:

- Einzel-Intensitätsstufe – es ist eine Stufe zu wählen (z.B.:2)
- Stufenmittel – hier wird angegeben, das Mittel welcher Stufen ausgewertet werden soll (z.B.: 1+2 oder 1+2+3 oder 2+3) (z.Z. noch nicht realisiert !)
- Behandlungseffekt – hier erfolgt die Auswertung von Stufendifferenzen (z.B. 2-1 oder 2+3-1) (z.Z. noch nicht realisiert !)

- O5: Reduktion des Datensatzes:

Der Anwender hat die Möglichkeit, die Datenbasis hinsichtlich Anzahl einzubeziehender Jahre und Sorten zu reduzieren. Das empfiehlt sich z.B. bei Testläufen, um die Rechenzeit zu reduzieren oder bei Szenarien, wenn z.B. das Ergebnis eines sehr langjährigen Datensatzes mit dem eines nur dreijährigen Datensatzes verglichen werden soll.

Die Reduktion kann auch erfolgen, wenn sonst aufgrund zu großer Unbalanciertheit die Iteration zur Schätzung der VK angebrochen wird.

Alle gewählten Einstellungen werden im Output ausgegeben.

- O8: Regionen:

Im Normalfall werden Regionen verwendet, um die objektiv abgestufte Wichtung von Ziel- und Nachbargebieten zu gewährleisten. Wird diese Option ausgeschaltet, werden alle Orte einer gemeinsamen Region (,100') zugeordnet. Dies entspräche dann der Strategie einer Großraum-Verrechnung bezogen auf ein Zielgebiet ohne abgestufte Wichtung der Anbauggebiete innerhalb des Großraumes. Z.B. könnte damit das Ergebnis zweier Rechengänge a) mit und b) ohne abgestufte Wichtung verglichen werden.

Z.Z. erfolgt die Zuordnung der Regionen im Dataset durch Mergen mit externen Stammdaten aus der Datei reg.xls. Künftig sollen diese Informationen aus PIAF in der ADS zur Verfügung stehen.

Die dem Datensatz zugeordneten Regionen werden im Output ausgegeben und können so kontrolliert werden. Bei Vergabe einer Region ,0' müssen die Stammdaten in reg.xls hinsichtlich Vollständigkeit und Übereinstimmung der ortid mit den Stammdaten von PIAF überprüft werden. Andererseits können mit der Vergabe der Region ,0' Orte gezielt aus einer Auswertung ausgeschlossen werden.

- O9: Sorten-Gruppen:

Die Verwendung relevanter Sortengruppen ist in diesem Verfahren unbedingt zu empfehlen, da sonst die Sortenvarianz überschätzt werden könnte, was einer Übergewichtung von Nachbargebieten bewirkt.

Neben der möglichen die Zuordnung der Gruppen im Dataset durch Mergen mit externen Stammdaten aus der Datei gruppen.xls kann bei Datenbasis = ,nur PIAF-Daten' auch die Information aus PIAF in der ADS genutzt werden. Der Anwender sollte sich genau informieren, welche Sortengruppe im jeweiligen Fall heranzuziehen ist. Er hat die Möglichkeit der Wahl, nur Sortengruppe 1 der ADS, nur Sortengruppe 2 der ADS oder auch beide Sortengruppen zu verwenden.

Bei Ausschaltung der Option wird formal eine einzige Gruppe ,alle' ausgewiesen. Die dem Datensatz zugeordneten Sortengruppen werden im Output ausgegeben und können so kontrolliert werden.

- O10: Dataset abspeichern:

Hier wird ein Dataset im Excel-Format abgespeichert werden, der exakt die Daten für die Bestimmung der Varianzkomponenten enthält. Das bietet sich an, wenn die Berechnungen später noch einmal wiederholt werden sollen (z.B. mit anderem phi). Zudem können an dieser abgespeicherten Excel-Datei relativ einfach geringe Korrekturen an den Daten vorgenommen werden, um z.B. Fehler den Orts-Stammdaten zu bereinigen.

Auf die abgespeicherte Datei kann jederzeit hier und in anderen Verfahren der Hohenheim-Gülzower Serienauswertung zugegriffen werden.

Mit dieser Funktion kann auch ein Dataset, ggf. zusammengeführt aus PIAF- und externen Daten, im Excel-Format abgespeichert werden, der exakt die Struktur künftig einzubeziehender externer Daten hat. Das bietet sich an, wenn z.B. Versuche, die älter als 3 Jahre sind, nicht mehr Teil der aktuell harmonisierten mehrjährigen Serie sein sollen, aber trotzdem noch in künftige Serienauswertungen einbezogen werden sollen.

- O11: phi

Hier kann eine Transformation der Urdaten angewiesen. Ein Transformationserfordernis besteht, wenn die Modellvoraussetzungen (z.B. Additivität) nicht hinreichend erfüllt sind. Dies kann im Verfahren 'phi' geprüft werden. Der ggf. verwendete Transformationsparameter phi muss identisch mit dem phi im Verfahren ,Bestimmung der Mittelwerte' sein.

Das verwendete phi wird im Output ausgewiesen.

- O12: alpha für Vertrauensintervall

Die Vertrauensintervalle haben keinen Einfluss auf die Mittelwertsschätzung! Sie dienen der Einschätzung der Schätzgüte und damit der Verwendungswürdigkeit der Varianzkomponenten. Die Wahl von alpha spielt eine Rolle bei Verwendung des ,konservativen Ansatzes' (siehe unten). Bei

der Bewertung der Vertrauensintervalle ist zu berücksichtigen, dass es sich um Intervalle für Varianzen (Quadratzahlen) handelt, sie sind daher stark rechtsschief verteilt und sehr breit. Wir verwenden ein alpha von 0,2 (bzw. 20%).

Die VK und die Breite ihrer Vertrauensintervalle bei gegebenem alpha können als Maß für die Güte unterschiedlicher Szenarien bzw. Konstellationen verwendet werden (siehe auch unten Interpretation der VK).

Das verwendete alpha wird im Output ausgewiesen.

- O13: Gewichtung nach SE (ja/nein)

- O14: Gewichtung nach SE (ja/nein)

Wenn für die Mittelwerte aus den Einzelversuchen Standardfehler dieser Mittelwerte (SE) vorliegen, empfehlen wir die Wichtung. Bei Verwendung der Gülzower Verfahren zur Einzelversuchsauswertung werden die SE automatisch erzeugt, in PIAF gespeichert und stehen ohne Mehraufwand für dieses Serien-Verfahren zur Verfügung. Voraussetzung ist dabei, dass alle Versuche mit gleicher Methode/ gleichem PIAFStat-Verfahren verrechnet wurden.

Die unterschiedliche Schätzgenauigkeit der Mittelwerte in Abhängigkeit von der jeweiligen Wiederholungsanzahl im Versuch bzw. des einzelnen Prüfgliedes und vom versuchsspezifischen Fehler (s%) wird dann automatisch optimal (in Abhängigkeit von der Relation der VK zueinander) berücksichtigt. Die Schätzgenauigkeit der Serien-Mittelwerte steigt durch die SE-Wichtung ☺ (i.d.R. aber nur leicht). Bei stabilen guten Serien ist die Auswirkung auf die Serien-Mittelwerte meist nur geringfügig, in kleinen Serien mit großer Differenzierung der Versuchsqualität – wie bei ‚kleinen Arten‘ oft gegeben – können sich allerdings relevante Unterschiede einstellen. Dies sollte als Verbesserung angesehen werden, vorausgesetzt die VK sind hinreichend gut geschätzt. Daher soll nochmals betont werden, dass man für die Schätzung der VK einen langjährigen, vollständigen Datensatz benötigt. Wenn die Wichtung dazu führen sollte, dass z.B. die Sortenvarianz (Intercept) nicht geschätzt wird (kein Vertrauensintervall), sollte die Wichtung allerdings ausgeschaltet werden.

- O15: Übersicht und Kontrolle:

Diese Option erzeugt eine Übersicht über die einbezogenen Versuche und ihre Aufteilung auf Jahre, Orte, Anbauggebiete und Länder. Fehlende Zuordnungen Ort-Anbauggebiet werden erkannt und können in erg.xls ergänzt werden.

- O16: Dubletten-Check

Es werden Versuche erkannt, die im Dataset z.B. durch das Zusammenführen von PIAF- und externen Daten doppelt vorhanden sind.

- O17: Modell

Über Unteroptionen kann zwischen drei Modellvarianten gewählt werden, die nicht alle standardmäßig bereitgestellt werden (bei Bedarf Nachfrage bei den Autoren):

UN(1)

ist das von uns erprobte und empfohlene **Standard-Modell**. Dieses Modell wird bei der vorliegenden Version automatisch angewählt.

Bei langjährigen Datensätzen haben wir mit diesem Modell stabile Schätzwerte für die Sorte*Region - Interaktionen erhalten, sodass die abgestufte Wichtung der Anbauggebiete optimal erfolgen kann. Wenn für ein einzelnes, meist schwach besetztes Anbauggebiet kein bzw. ein ausgesprochen breites Vertrauensintervall ausgewiesen wird, sollte eine größere Region erwogen werden. Operativ könnte für dieses Anbauggebietes auch der S*R-Schätzwert aus dem ‚VC‘-Modell eingesetzt werden. Der Rechenzeit-Bedarf ist relativ groß. Wenn die Sortenvarianz oder die meisten Sorte*Anbauggebiet-Varianzen nicht schätzbar sind (kein Vertrauensintervall ausgewiesen), kann die Modellwahl „VC“ erfolgreich sein. (math. Hintergrund siehe unten)

VC (entspricht CS)

Dieses Modell empfehlen wir nur dann, wenn das Standardmodell UN(1) keine hinreichend guten Schätzwerte für die regionsspezifischen Sorte*Region-Interaktionen erbringt (zu große Vertrauensintervalle). Das könnte insbesondere dann auftreten, wenn der Datensatz sehr klein, wenigjährig und dabei stark differenziert und unbalanciert ist. Zuerst sollte aber überlegt werden, ob tatsächlich alle verfügbaren Daten/Jahre/Typen einbezogen wurden und ob die gebildeten Regionen evtl. zu klein sind. Mit VC wird eine für alle Regionen einheitliche Sorte*Region-Interaktion geschätzt, was in jedem Fall immer noch besser ist, als auf die abgestufte Gewichtung ganz zu verzichten. Aufgrund gegenüber der vereinfachten Varianz- Kovarianzstruktur werden die genetischen Korrelationen nach unseren Erfahrungen allerdings eher überschätzt, was zu einer suboptimalen Untergewichtung des Zielgebietes führen würde. Daher kann erwogen werden, ob hier der ‚konservative Ansatz‘ (siehe unten) genutzt wird. Die Rechenzeit bei VC ist deutlich kürzer als bei UN(1). (math. Hintergrund siehe unten)

FA(1) (z.Z. nicht freigeschaltet, nur auf Nachfrage)

Dieser faktoranalytische Ansatz könnte bei ausgesprochen gut besetzten, großen und qualitativ besonders stabilen Datensätzen gegenüber UN(1) eine weitere Verbesserung der Schätzgüte der paarweisen genetischen Korrelationen bringen. Dies würde die Abstufung der Wichtigkeit weiter qualifizieren. Auch die Rechenzeit der Faktorenanalyse ist vergleichsweise gut. Allerdings war für unsere Datensätze (obwohl bereits neunjährig, mit WP etc.) dieser Ansatz zu komplex. Die Schätzung der S*R war schlechter als bei UN(1), sodass wir bislang FA(1) nicht verwenden.

Im Ergebnis des Verfahrens wird im Output die Tabelle mit den Varianzkomponenten und deren Vertrauensintervallen ausgegeben. Bei UN(1) stehen die mit UN(x,x) bezeichneten Parameter für die Anbaugebiete (Anbaugebiete sind durchnummeriert und nicht entsprechend der tatsächlichen AG-Nr.). Zusätzlich sind in einer weiteren Tabelle die genetischen Korrelationen zwischen den Anbaugebieten ausgewiesen. Die Tabelle wird als SAS-Datei und in Excel abgespeichert.

Ausblick:

- optional: automatische Gewichtung in Abh. eines vorgegebenen Mindestanteils vorliegender SE^2
- Parns (Startwerte je Pflanzenart); im optionalen Block unabhängig von der Pflanzenart oder im Code in Abh. von der Pflanzenart oder alternativ in festen Relationen nur in Abhängigkeit vom (Ertrags)-Niveau
- Parns (Festwerte je Pflanzenart); differenziert für einzelne Varianzkomponenten
- optional: automatische Begrenzung der Varianzkomponenten innerhalb plausibler Grenzen
- Verrechnung vorgewählter Stufenmittel und Stufendifferenzen entsprechend O11

4. Standard-Output

- Anzahl Datensätze, die eingelesen wurden
- Anzahl Datensätze, die nach Komprimierung ‚doppelter Datenzellen‘ zur Verrechnung bereitstehen (Datensätze mit gleichen Werten bei VNR, JAHR, IDORT, S, F1 und F2 werden gemittelt, so werden z.B. Wiederholungen werden zusammengeführt. Aber auch in den Daten doppelt enthaltenen Versuche werden erkannt und ‚gemittelt‘, wenn sie noch die gleiche VNR aufweisen. IDORT ist dabei eine neue aus Land und Ortid gebildete ID-Variable).
- Übersicht zur Anzahl Versuche je Jahr und Ort - Kontrolle der Zuordnung zu den Anbaugebieten (AG)

Beispiel:

Bitte sorgen Sie dafür, dass jeder Ort im Sinne eines Standortes nur einmal vorkommt!

Alle Orte müssen zudem einem Anbaugebiet ungleich 0 zugeordnet sein!

		Anzahl Versuche									
		1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	
AG	Land										
3	1	Birkenmoor	1	1	1
		Futterkamp	3	3	3	3	1	2	4	4	4
		Hohenlieth	1
		Lübeck-									

USW.

- Übersicht zu den Class-Merkmalen im Gesamt-Datensatz

Beispiel

Überprüfen Sie bitte insbesondere, ob kein Anbaugebiet mit Null klassifiziert ist!

```

„+++++.....+++++
, Class-Merkmal , Anzahl Klassen ,
+++++.....+++++
, JAHR , 1997 1998 1999 2000 2001, ,
, , , 2002 2003 2004 2005 , , 9,
+++++.....+++++
, Land , 1 11 12 13 , , 4,
+++++.....+++++
, Orte , ... , , 28,
+++++.....+++++
, S , ... , , 159,
+++++.....+++++
, gr , A B BH C CH E K , , 7,
+++++.....+++++
, r , 3 4 5 , , 3,
+++++.....+++++

```

- Ausgabe des Ergebnisses vom Dubletten-Check; Angabe von Dubletten mit: ORTBEZ ; JAHR; typ; VNR; S; ERTR86DT
- Ausgabe der Ergebnisse von No-Name-Check, Namen-Check und BSA-Kennnummern-Check. Diese Ausgaben sind nicht optional zu wählen sondern erfolgen generell!

Beispiel:

Namen-Check

Zu folgenden BSA-Kennnummern ("s") existieren unterschiedliche Sortennamen !!!

s	name	JAHR	ORTBEZ	VNR	typ	ERTR86DT
WW 02661	Anthus	2005	Bi rkenmoor	1132	1	97. 420
WW 02661	Skater	2005	Futterkamp	1130	1	124. 243

- Datenreduktion und Festlegungen

```

tatsächlich verrechnete Datensätze: 4961
Auswertungszeitraum: 1997 bis 2005
gewählte Mindestanzahl Versuche je Sorte: 2
verrechnetes Merkmal: ERTR86DT
Gewichtung nach SE (=Versuchspräzision): ja
gewähltes Modell: UN(1)-Struktur
Transformation: Phi = '0.93'

```

- Ausgabe der Varianzkomponenten

Sorten ohne Gruppenzuordnung und Orte mit AG=0 wurden nicht einbezogen!

Obs	CovParm	Subject	Estimate	Alpha	Lower	Upper
1	Intercept	S	2.4479	0.2	1.8866	3.3803
2	JAHR	S	1.7807	0.2	1.4813	2.2036
3	ort	S	0.7020	0.2	0.5326	0.9933
4	JAHR*r	S	0.8983	0.2	0.6797	1.2764
5	JAHR*ort	S	3.5613	0.2	3.1065	4.1458
6	typ(JAHR*ort)	S	1.2629	0.2	0.9272	1.8856
7	UN(1, 1)	S	0.9773	0.2	0.5673	2.4387
8	UN(2, 1)	S	0	.	.	.
9	UN(2, 2)	S	0.5621	0.2	0.3020	1.7921
10	UN(3, 1)	S	0	.	.	.
11	UN(3, 2)	S	0	.	.	.
12	UN(3, 3)	S	0	.	.	.
13	Residual		1.0000	.	.	.

Ausgabe der genetischen Korrelationen

1	Korrelation zw. AG3 und AG4	0.76238
2	Korrelation zw. AG3 und AG5	0.84539
3	Korrelation zw. AG4 und AG5	0.90181

- Ausgabe des Mittelwertes des se^2 (zur Information)

Methodische Hintergründe und Diskussion (MICHEL)

Wozu Varianzkomponenten schätzen?

Das Leistungspotential einer Sorte kann nicht fehlerfrei ermittelt werden, sondern wird unter anderem von Wechselwirkungen mit der Umwelt beeinflusst:

Die Sortenrangfolgen bzw. Sortenrelationen sind von Versuch zu Versuch nicht identisch, ebenso nicht von Jahr zu Jahr, von Ort zu Ort, von Region zu Region. Es bestehen also Varianzen, Sorte*Umwelt-Wechselwirkungen. Die Varianzanalyse analysiert die Variationsursachen/ Varianzkomponenten. Im hier verwendeten gemischten Modell können die Varianzkomponenten quantifiziert und ihre Wirkungsstärke miteinander verglichen werden.

Die wichtigsten dieser Wechselwirkungen-Varianzkomponenten sind die Sorte*Jahr-, Sorte*Ort- und Sorte*Ort*Jahr- (Sorte*Versuch-) Interaktion. Diese Interaktionen können dazu führen, dass sich die Rangfolge (bzw. Relation) der Sortenmittelwerte in Abhängigkeit von der jeweiligen Umwelt ändert. Das Ergebnis eines einzelnen oder auch mehrerer ausgewählter Versuche/Orte/Jahre kann daher \pm vom langjährigen Mittel in einer Region abweichen (deshalb sollen Versuche mehrortig und langjährig angelegt und die Prüfsysteme (WP, LSV, EUSV ...) verzahnt werden). Die zu erwartenden Abweichungen zwischen dem tatsächlichen Leistungspotential einer Sorte und dem Ergebnis einer konkreten Prüfsérie können abgeschätzt werden, wenn die Varianzen der Interaktionseffekte zwischen Sorten und Umwelten bekannt sind.

Bei der hier vorgeschlagenen vollen Ausnutzung der verfügbaren Datenbestände (LSV+WP; <3-jährig, Nachbarregionen ..) ist die Besetzung der einzelnen Sorten in den einzelnen Umwelten z.T. extrem differenziert. Es stellt sich die Frage: wie soll man vor dem Hintergrund a) dieser differenzierten Besetzung und b) der Sorte*Umwelt-Wechselwirkungen die Daten optimal verdichten. Hier führt das gemischte Modell zu einem optimalen Vorgehen (im Vergleich zu ungewichteten Methoden der Tabellenkalkulation etc.).

Modellannahmen:

Dem Modell liegen die Annahme über Additivität, Varianzhomogenität, Normalverteilung, Unabhängigkeit und MCAR (missing completely at random, zufälliges Fehlen) zugrunde. Dies kann mit dem Verfahren ‚phi‘ vorab geprüft und im Ergebnis durch Verwendung eines dort optimierten Transformationsparameters (phi) berücksichtigt werden.

Optimierung des SAS-Codes:

Durch Optimierung des SAS-Programms wurden Durchlauf und akzeptable Rechenzeiten auch bei extrem großen Datensätzen abgesichert:

- notest
- ddfm = residual
- subject- Variable
- nicht mit Sorte gekreuzte Umwelteffekte formal fix gesetzt
- nicht mit Sorte gekreuzter Umwelteffekt nur im höchsten Interaktionslevel aufgenommen.

Gründe für die Trennung von Varianzkomponentenschätzung und Mittelwertbestimmung:

- VK mit langjährigem Datensatz als Mittelwertschätzung
- Minimierung der Rechenzeit; für ‚VK‘ und ‚MW‘ gesondert optimiert

- zeitliche Trennung von VK- und Mittelwertschätzung
 - VK in Nebensaison bestimmen
 - VK ggf. nur periodisch schätzen und mehrjährig nutzen

Zur Modellwahl:

Das in der ersten Projektphase verwendete Verfahren beinhaltet „Compound Symmetrie“ (CS bzw. VC) für die Varianz-Kovarianz-Struktur. Es wurde erweitert auf UN(1) – mit zwar noch homogener S*R-Kovarianz, aber heterogenen Varianzen und Korrelationen. Wenn die Sortenvarianz oder die meisten Sorte*Anbaugbiet-Varianzen mit UN(1) nicht schätzbar sind (kein Vertrauensintervall ausgewiesen), wird häufig die Modellwahl VC erfolgreich sein. Theoretisch optimal wäre komplettes UN bzw. FA mit heterogenen Varianzen und Kovarianzen. Damit könnten die paarweisen Korrelationen zwischen allen Anbaugebieten besser geschätzt und berücksichtigt werden: Durch die Berücksichtigung der Korrelationen der Nachbargebiete untereinander würde das Zielgebiet besser in den „Schwerpunkt“ des überlappenden Großraumes gebracht. Dadurch werden Verzerrungen verringert bzw. sie heben sich gegenseitig auf. Allerdings werden auch damit nicht die tatsächlichen paarweisen S*R-Kovarianzen geschätzt. Problematisch ist aber Konvergenz und Breite der Vertrauensintervalle für Varianzen.

Hinweise zu den Varianzkomponenten:

Beispiel nach UN(1) mit Gewichtung nach SE

Obs	CovParm	Subject	Estimate	Lower	Upper
(1)	Intercept	s	2.43	1.5	5.1
(2)	JAHR	s	5.09	4.1	6.5
(3)	ort	s	1.02	0.6	2.2
(4)	JAHR*r	s	1.25	0.7	3.1
(5)	JAHR*ort	s	7.05	5.9	8.7
(6)	typ(JAHR*r*ort)	s	3.61	2.7	5.2
(7)	UN(2,2)	s	8.49	3.4	196
	UN(3,3)	s	4.22	2.1	20
	UN(4,4)	s	1.36	0.7	5.7
	UN(5,5)	s	7 E -17	.	.
(11)	Residual		1	.	.

Die Subject-Variable bedeutet, dass alle Effekte, in deren Zeile S steht, eine Interaktion der ,CovParm'-Variable mit Sorte darstellen. ,Intercept * S' ist die reine Sortenvarianz.

ad (1) Sorten-Varianz innerhalb der Sorten-Gruppen

Zur Optimierung der Gewichtung von Regionen ist hier Sorte formal als zufällig betrachtet. Bei der Mittelwertsschätzung wird Sorte aber als fix, also als Individuum angesprochen (lsmeans). Eine Überschätzung der Sortenvarianz sollte vermieden werden, dafür ist die Nutzung der Sorten-Gruppen wichtig. Ggf. kann der ,konservative Ansatz' erwogen werden (siehe unten). Wenn die Sortenvarianz mit UN(1) nicht schätzbar sein sollte (kein Vertrauensintervall ausgewiesen), kann die Modellwahl VC erfolgreich sein.

ad (2) Sorten * Jahre - Wechselwirkung im gesamten einbezogenen (Groß-)Raum

Leistungs-Relationen der Sorten sind in den Jahren über alle Gebiete hinweg unterschiedlich. Die unterschiedliche Besetzung der Sorten in Jahren im Großraum wird optimal berücksichtigt.

ad (3) Sorten * Orte - WW in Anbaugebieten

Leistungs-Relationen der Sorten sind an den Standorten innerhalb der Anbaugebiete unterschiedlich. Wenn diese VK rel. klein ist, bestätigt dies die vorgenommene Regionalisierung dahingehend, dass

die Sorten an den Standorten innerhalb jedes Anbaugesbietes im langjährigen Mittel vergleichsweise ähnlich reagieren. Die unterschiedliche Besetzung der Sorten an Orten (Züchter, BSA, LDS...) im Großraum wird optimal berücksichtigt.

ad (4) Sorten * Jahre - WW in Anbaugesbietes

Leistungs-Relationen und Besetzung der Sorten sind in den Jahren innerhalb der Anbaugesbiete zusätzlich zur (2) unterschiedlich. Wenn diese Komponente kleiner als (2) ist, deutet dies auf relativ ähnliche klimatische Bedingungen im gesamten Großraum hin. Die unterschiedliche Besetzung der Sorten in Jahren in Anbaugesbietes wird optimal berücksichtigt.

ad (5) Sorten * Jahre * Orte - WW in Anbaugesbietes

Die Sorten reagieren in Einzelversuchen spezifisch auf Ereignisse, die nicht am Standort reproduzierbar bzw. für das Jahr typisch sind. Diese Komponente ist oft groß, was die Interpretation der Sorten-Reaktionen auf Umwelteinflüsse, z.B. die Verallgemeinerungsfähigkeit von (häufig nur scheinbaren) Jahres- oder Orts- Effekten beschränkt. Die unterschiedliche Besetzung der Sorten wird optimal berücksichtigt.

ad (6) Sorten - WW gleicher Ort und gleiches Jahr

In zeitgleichen Versuchen an einem Standort können bereits real abweichende Sortenrelationen eintreten, die nicht nur im Rest-Fehler begründet sind (z.B. VRS in WP, LSV, EU). Bei der Interpretation im Einzelfall wäre wichtig zu wissen, wie/ob sich die Anbaubedingungen dieser Versuche unterscheiden haben (Schlag, Bodentrend, Saatzeit, Betreuer, Intensität ...).

Diese VK kann nur geschätzt werden, wenn mit Wichtung nach SE gearbeitet wird. Die z.T. mehrfache Besetzung einzelner Sorten in Versuchen am gleichen Ort und Jahr wird optimal berücksichtigt.

ad (7) Sorten * Anbaugesbiet - WW im „Großraum“

Diese VK werden bei UN(1) je Anbaugesbiet ausgewiesen. Sie sind in ihrer Relation zu (1) die Basis für die Gewichtung von Nachbargebieten und damit einer der entscheidendsten Aspekte der Hohenheim-Gülzower Serienauswertung.

ad (11) Sorten - WW im Einzelversuch

ist die Varianz (SE^2) der MW je Sorte in Einzelversuchen, wenn ‚ohne Gewichtung nach SE‘ gewählt wurde. Bei Verrechnung mit Gewichtung nach SE wird hier formal ‚1‘ als Konstantfaktor für die hinterlegten MW-spezifischen SE^2 ausgewiesen. Unterschiedliche Schätzgenauigkeiten der Mittelwerte (durch unterschiedliche wdh oder s%) werden nur bei ‚Gewichtung nach SE‘ optimal berücksichtigt. Das Verfahren ‚VK‘ wird künftig bei Gewichtung nach SE zur Information den mittleren SE^2 zusätzlich ausweisen, um auch für (11) eine informative Größenordnung zu erhalten.

Folgende Effekte werden optimiert (sachlich relevante Beschreibung):

(0) **O*J*T** ist hier formal fix (Piepho und Michel, 2001) und daher bei den VK nicht aufgeführt (nur zufällige Effekte haben eine VK). **O*J*T** gleicht das differenzierte Versuchsniveau ab. Unterschiedliches Ertragsniveau zwischen den Umwelten führt dadurch auch bei unbalancierten Daten nicht zu Sorten-Verzerrungen.

In Abhängigkeit von der Relation der Varianzkomponenten der zufälligen Effekte gibt es folgende Auswirkung auf die Wichtung eines Sorten-Mittelwertes aus einem Versuch:

(2) und (4) **S*J**: Ein Ergebnis aus einem zusätzlichen Jahr ist \pm nützlicher, als aus einem bereits gut besetzten Jahr und wird stärker gewichtet (aber unterproportional).

Grund: Die Ergebnisse aus dem gleichen Jahr sind \pm korreliert.

(3) **S*O**: Ein Ergebnis von einem zusätzlichen Ort ist \pm nützlicher, als von einem bereits gut besetzten Ort und wird stärker gewichtet (aber unterproportional).

Grund: Die Ergebnisse vom gleichen Ort sind \pm korreliert.

(5) **S*O*J**: Jedes Ergebnis einer **O*J** - Kombination beeinflusst das Gesamtergebnis. Sorten mit vielen Versuchen (an unterschiedlichen **O*J**) werden stärker gewichtet, allerdings unterproportional zur Versuchsanzahl.

(6) **S*O*J*T**: Bei Mehrfachprüfung einer Sorte an einem J*O (z.B. WP2, WP3 und LSV Prenzlau 2004) wird jedes dieser Einzelergebnisse untergewichtet, das über diese Typen verdichtete S*O*J - Ergebnis insgesamt aber übergewichtet.

Grund: Die Ergebnisse vom gleichen Ort*Jahr sind \pm korreliert.

(7) **S*R**: \rightarrow optimal abgestufte Gewichtung der Ziel- und Nachbaranbaugebiete

(11) (**1 / SE** ²): Ein Ergebnis mit höherer Präzision ist \pm nützlicher für die insgesamt zu schätzende Ertragsrelation einer Sorte, als ein weniger präzises. In SE fließt der versuchsspezifische Fehler, die Wiederholungsanzahl des Versuchs bzw. des einzelnen Prüfglieds sowie bei Gitteranlagen die Parzellenverteilung ein. Da in der Regel die Summe der Sorte*Umwelt-Interaktionen deutlich relevanter als der Einzelversuchs-Fehler ist, werden Unterschiede im SE erfahrungsgemäß im Allgemeinen nur sehr schwach berücksichtigt – auch dies wird im verwendeten gemischten Modell automatisch optimiert.

NEU: optimale **Transformation**, z.B. bei Abweichung des Datenverhaltens von Additivität in Richtung Multiplikatивität

Zur Gewichtung der Anbaugebiete

Insbesondere die Relation der Varianzkomponenten Sorte (**1**) und Sorte*Region (**7 bis 10**) bestimmen diese Gewichtung.

- Je größer $S^*R_{(\text{Zielgebiet})}$, desto stärker wird das Zielgebiet eigengewichtet.
- Je größer $S^*R_{(\text{Nachbarregionen})}$ ist, desto geringer ist die genetische Korr. zum Zielgebiet und desto geringer werden sie gewichtet
- Je größer S, desto kleiner die Gewichtung aller S*R-Effekte

Dahinter steht die genetische Korrelation:

$$r = \text{cov}(x,y) / \text{Wurzel}(\text{var}(x) * \text{var}(y))$$

cov(x,y)	= var (Sorte)	(1)
var(x)	= cov(x,y) + UN(x,x)	einer von (7 bis 10) für x
var(y)	= cov(x,y) + UN(y,y)	einer von (7 bis 10) für y

Die Wichtung eines Nachbar-Anbaugebietes resultiert aber nicht ausschließlich aus der genetischen Korrelation. Sie lässt sich gedanklich aus 2 Komponenten herleiten:

- genetische Korrelation zum Zielgebiet: je größer, desto stärker gewichtet
für alle Sorten gleich
bei gleicher Besetzung der Sorten in den AG wäre nur a) relevant
 - Prüfumfang im Anbaugebiet: je größer, desto stärker gewichtet
für die Sorten/ Jahrgänge differenziert !!!
 - o relatives Verhältnis von $N_{(\text{Nachbargebiet})}$ zu $N_{(\text{Zielgebiet})}$:
sind z.B. in einem Nachbargebiet deutlich mehr Versuche als im Zielgebiet, so steigt die Wichtung des Nachbargebietes und es gibt eine konkurrierende Wirkung von a) und b);
zu beachten ist, dass z.B. der Präzisionsschub z.B. von N=1 auf N=4 ungleich höher ist als z.B. von 4 auf 7 (degressive Zunahme der Präzision mit steigender Versuchsanzahl)
Dies führt dazu, dass ein Nachbargebiet mit z.B. nur einem Ort/Jahr insgesamt zwar gering, je Ort aber relativ hoch gewichtet wird.
 - o absolutes N:
bei steigender absoluter Versuchs-Anzahl im Zielgebiet ist die Schätzung für das Zielgebiet zunehmend aus „eigener Kraft“ möglich und sinnvoll. Daher wird die Eigengewichtung bei zunehmender Anzahl Versuche je Sorte (z.B. bei langjährig geprüften Sorten) automatisch steigen, unabhängig davon, ob die Datenbasis der Nachbargebiete ebenso steigt.
- \rightarrow eine ausgewogene Besetzung der Anbaugebiete (d.h. nicht zu stark abweichende Versuchsanzahl je Anbaugebiet) mit jeweils möglichst ≈ 3 Orten ist sehr wichtig! Der Ansatz, z.B. von einem Nachbargebiet nur den nächstliegenden Ort zu verwenden würde zu einer z.T. sehr hohen Gewichtung dieses Ortes führen, weil an ihn die Anforderung gestellt ist, ein

ganzes Anbaugelände zu repräsentieren. Das erscheint dann im Ergebnis z.T. nicht ganz nachvollziehbar, liegt aber an extremen Vorgaben des Anwenders.

Da in jedem LSV-Jahrgang die Wichtungsanteile anders sind (je länger geprüft, desto höhere Eigen gewichtung des Zielgebietes ist optimal), ist die häufig zu beobachtende Erwartung, dass für alle Sorten die Wichtung proportional ist, nicht zutreffend. Es erfolgt für jede Sorte in Abhängigkeit von ihren konkreten Prüfungsumfängen in Regionen/Jahren etc. eine optimale Wichtungsverteilung.

Die S*R-Varianzen sollten also möglichst sicher geschätzt werden. Dabei kommt es zuallererst darauf an, auch aus den Nachbargeländen viele Jahre (Jahre sind immer Mangelfaktor!) sowie alle Typen einzubeziehen und die Regionen nicht zu klein zu definieren. Wenn dies gesichert ist, könnte bei den Orten u.U. eine gewisse Einschränkung auf die für das Zielgebiet relevanteren erwogen werden (Faustzahl: = 3 je Jahr absichern).

Eine irrtümliche Unterschätzung ist insbesondere bei $S^*R_{(\text{Zielgebiet})}$ kritisch – bei ungenügender Schätzgüte dieser VK ist der konservative Ansatz oder das Modell VC zu erwägen.

Allgemeine Anmerkungen zum Modell

Es gibt nach meinen Erfahrungen wenige biologische Fragestellungen, bei denen sich die Realität derart gut durch ein mathematisches Modell abbilden lässt, wie die Ertragsauswertung von Sortenversuchen durch das gemischte Modell. Entsprechend optimal geht das gewählte Modell mit gegebenen Datenstrukturen um und man erhält optimale Schätzwerte.

Der o.g. Effekt **(0)** hat die gravierendste Wirkung. Er ermöglicht überhaupt erst die Verrechnung unbalancierter Daten, also z.B. die gemeinsame Verrechnung von LSV, WP, EU etc., die Verrechnung langjähriger Daten und die gemeinsame Auswertung mehrerer Regionen. Dieser Effekt ist in der LFA MV seit 1998 fester Bestandteil der Serienauswertungen mit der SAS proc glm.

Der o.g. Effekt **(1)** und **(7 - 10)** bringt voraussichtlich auch erhebliche Veränderungen. Er, sowie die mögliche stufenlose Box-Cox-Transformation, ist Ergebnis der sog. Piepho-Studie und damit ein Novum in der Hohenheim-Gülzower-Serienauswertung (erster Praxiseinsatz: LFA MV; 2005; Winterweizen).

Die anderen Effekte **(2)-(6)** und **(11)** wurden von Piepho und Michel (2001) analysiert und daraufhin in einem gemischten Modell mit der SAS proc mixed eingebunden, dass in der LFA MV seit 2000 eingesetzt wird. Sie sind jeder für sich bezüglich der Optimierung der Mittelwertsschätzung eher kleine ‚Hebel‘. In ihrer Summe und insbesondere bei dünner Datendecke und komplizierten Datenstrukturen werden sie aber doch relevant. Da das Gesamtmodell diese Effekte ohne Mehraufwand automatisch optimiert, gibt es keinen Grund, auf sie zu verzichten.

Im Gegensatz zu herkömmlichen Verrechnungen mit Methoden der Tabellenkalkulation, bei der diverse Rechen- und Entscheidungsregeln zu beachten waren, vereinen diese Modelle eine sehr einfache, elegante Abarbeitung mit Optimalität.

Sorten-Gruppen und Sorten-Varianz (1)

Die Sorten-Gruppen sind für die adäquate Schätzung bei einigen Pflanzenarten von großer Bedeutung. Beispiel: Die Erträge zwischen den Weizen-Qualitätsgruppen von C-Hybriden bis E-Weizen differieren zwischen den Gruppen stärker als innerhalb von Gruppen. Dies täuscht eine überhöhte Sortenvarianz vor, die bei der Mittelwertschätzung zu einer Untergewichtung der Regionalspezifika, also des Zielgebietes führen würde. Die reine Ertrags-Differenz einer C-Hybride zu einer E-Sorte ist aber hier nicht relevant, da beide Sorten unterschiedliche Märkte und Preise haben und die Ertragsunterschiede nicht unmittelbar die Sortenwahl bestimmen. Relevanter ist in solchen Fällen die Sortenvarianz innerhalb einer wirtschaftlichen Vergleichsgruppe.

Die Sortenvarianz sollte also innerhalb von wirtschaftlichen Vergleichs-Gruppen geschätzt werden (Qualität bei WW, Hybriden bei Raps und Roggen, Reifezahl Mais, mz/zz WG, Stärke/Speise Kartoffeln etc.). Sorten, die keiner Gruppe zuzuordnen sind, werden bei der Bestimmung der VK automatisch eliminiert, können aber bei der MW-Schätzung einbezogen werden. Wenn die Sortenvarianz mit UN(1) nicht schätzbar ist (kein Vertrauensintervall ausgewiesen), kann die Modellwahl VC erfolgreich sein oder die Ausschaltung der Wichtung nach SE könnte erfolgreich sein.

Grundgesamtheit Sorten:

hypothetische Menge aller (potentiell) vertriebsfähigen Sorten, die aus einem derartigen Selektionsprozess hervorgegangen sein könnten.

konservativer Ansatz

Eine verringerte genetische Korrelation senkt das Gewicht des entsprechenden Nachbaranbaugesbietes, hat also einen konservativen Effekt bezüglich der Eigengewichtung des Zielgebietes. Im Extremfall ($r=0$) würde nur das Zielgebiet die Mittelwertschätzung bewirken und die formal einbezogenen Daten der Nachbargebiete wären unwirksam.

Vorgehen:

Die genetische Korrelation selbst hängt von den Varianzkomponenten Sorte und Sorte*Region ab. Für beide existieren obere und untere Vertrauensgrenzen. Ein konservatives Vorgehen wäre zum Beispiel die Nutzung der unteren Vertrauensgrenze für die Sortenvarianz. Die Differenz zum eigentlichen Schätzwert müsste dann jeder der Sorte*Region-Varianzen zugeschlagen werden, damit die Summe $\text{var}(S) + \text{var}(S \cdot R_i)$ für jede Region unverändert bleibt. Dadurch verringert sich die genetische Korrelation zwischen den betrachteten Anbaugesbieten und das Gewicht des Zielanbaugesbietes erhöht sich. Es muss aber aus biometrischer Sicht angemerkt werden, dass dieses Vorgehen willkürlich, subjektiv und abhängig vom gewählten alpha ist. In jedem Fall wird der mittlere Vorhersagefehler verschlechtert. Aus rein ergebnisbezogener Sicht ist dieses Vorgehen relativ unproblematisch, da die Ergebnisse auch dann immer innerhalb der Spanne zwischen den akzeptablen Extrema a) und b) verbleiben, sich dabei aber der traditionellen Methode b) annähern:

- a) gleiche Gewichtung aller Orte des einbezogenen Großraumes um das Zielgebiet bei $r=1$
- b) ausschließliche Einbeziehung der Orte des Zielgebietes bei $r=0$ (traditionelle Methode).

Solche Eingriffe in die Varianzkomponenten erfolgen durch Editieren in der Parameterdatei `varianzk.sas7bdat`, auf die das Verfahren 'MW' zugreift.

Mögliche Gründe/Argumente für die Verwendung des konservativen Ansatzes:

1. Bei Unterstellung absolut exakt geschätzter Varianzkomponenten wird die Mittelwertschätzung für die Gesamtheit / den Durchschnitt der einbezogenen Sorten optimiert. Für eine einzelne Sorte mit sehr überdurchschnittlicher Regionalspezifik wäre eine schwächere Einbeziehung benachbarter Anbaugesbiete besser, für eine Sorte mit sehr geringer Regionalspezifik wäre dagegen eine noch gleichmäßigere Gewichtung aller Anbaugesbiete optimal gewesen. Mit dem konservativen Ansatz sinkt die Wahrscheinlichkeit, Regionalspezifik einzelner Sorten zu stark wegzuglätten. Dabei nimmt man aber in Kauf, dass bei der Mehrzahl der Sorten und im Durchschnitt aller Sorten die Schätzgenauigkeit sinkt und der mittlere Vorhersagefehler steigt.
2. Bei sehr ungenau geschätzten Varianzkomponenten (sehr breite oder fehlende Vertrauensintervalle) ist das Risiko erhöht, dass die genetischen Korrelationen unterschätzt (oder überschätzt) werden, was zu einer Abschwächung (oder Überhöhung) der Regionalspezifik führen würde. Hier ist aber zu sagen, dass die großen Intervalle ja ursächlich in einer zu schwachen Datengrundlage oder sehr großen Sorte*Umwelt-Interaktionen oder zu kleinen Anbaugesbieten begründet sein müssen, so dass es nicht zu empfehlen ist, den mittleren Vorhersagefehler weiter zu erhöhen, um Regionalspezifik zu betonen. Sinnvoller ist es hier, sich mit den Ursachen auseinander zusetzen und Lösungen zu suchen.
3. Wenn die Sortenvarianz mit $UN(1)$ nicht schätzbar ist (kein Vertrauensintervall ausgewiesen), kann die Modellwahl VC erfolgreich sein. VC führt aber erfahrungsgemäß tendenziell eher zu höheren Sortenvarianzen, also zu geringeren genetischen Korrelationen. Dem kann mit dem konservativen Ansatz entgegengewirkt werden.

Evaluierung und Anpassung der Anbaugesbiete

Die jetzigen Anbaugesbiete bzw. Boden-Klima-Räume wurden entwickelt, bevor das Überlappungsprinzip entwickelt wurde. Die Anbaugesbiete und die Überlappungsgebiete sind zwar im Grundsatz, aber nicht in ihrer konkreten Größe und Begrenzung abschließend getestet und bewährt. Über diese Anbaugesbiete war durchaus bekannt, dass sie in sich noch heterogen sind und weitere Unterteilungen oder Zusammenfassungen sinnvoll sein könnten. Um dies zu evaluieren, bieten die Verfahren der Hohenheim-Gülzower-Serienauswertung ein ideales Werkzeug. Die Verwendung der Anbaugesbiete braucht nicht starr und undynamisch sein. Wenn in der Zuordnung Orte-Anbaugesbiete Änderungen erfolgen, muss dies zwingend für den gesamten Auswertungszeitraum einheitlich erfolgen.

Die Sorte*Anbaugesbiet-Interaktionen sollten möglichst sicher geschätzt werden. Dabei kommt es zuallererst darauf an, auch aus den Nachbargebieten viele Jahre (Jahre sind immer Mangelfaktor!) sowie alle Typen einzubeziehen. Wenn dies gesichert ist, kann bei den Orten der Nachbargebiete u.U.

eine gewisse Einschränkung auf die für das Zielgebiet relevanteren erwogen werden (Faustzahl möglichst = 3).

Zum Datenumfang / zur Versuchsauswahl:

Es wird davon ausgegangen, dass nur die zur Auswertung benötigten Daten in geeigneter Form vorliegen. Das Zusammenstellen des Datensatzes, im Speziellen das Entfernen oder Hinzufügen einzelner Versuche obliegt also dem Anwender. Besonders das Entfernen von Versuchen sollte die Ausnahme sein, da ein solches Vorgehen bedeutet, dass der Anwender erwartet, dass die Verzerrung durch diesen Versuch größer ist, als der Gewinn durch die größere Datengrundlage. Dies ist nach unseren Erfahrungen (Uni Hohenheim) nur in Ausnahmen der Fall. Außerdem wird dies im Modell bereits berücksichtigt. Versuche mit großem Verzerrungspotential korrelieren mit dem Ziellanbauggebiet schwächer und reduzieren somit die Korrelation des Nachbaranbauggebietes zum Ziellanbauggebiet und letztlich auch das Gewicht des entsprechenden Nachbaranbauggebietes. Des Weiteren steigt bei kleinerer Zahl an Versuchen die Unsicherheit bei der verwendeten, geschätzten Korrelation zwischen Ziellanbauggebiet und Nachbaranbauggebiet. Aus diesen Gründen gehen wir (Uni Hohenheim) davon aus, dass in der Regel alle Versuche eines Anbauggebietes hinzugenommen werden. Aber (Michel): Die jetzigen 23 Anbaugebiete wurden entwickelt, bevor das Überlappungsprinzip entwickelt wurde. Die Anbaugebiete und die Überlappungsgebiete sind zwar im Grundsatz, aber nicht in ihrer konkreten Größe und Begrenzung abschließend getestet und bewährt. Über diese Anbaugebiete war durchaus bekannt, dass sie in sich noch heterogen sind und weitere Unterteilungen oder Zusammenfassungen sinnvoll sein könnten. Um dies zu evaluieren, bieten die Verfahren der Hohenheim-Gülzower-Serienauswertung ein ideales Werkzeug. Die Verwendung der Anbaugebiete braucht nicht starr und undynamisch sein. Wenn in der Zuordnung Orte-Anbaugebiete Änderungen erfolgen, muss dies zwingend für den gesamten Auswertungszeitraum einheitlich erfolgen, also auch rückwirkend.

Die Sorte*Anbaugebiet-Interaktionen sollten möglichst sicher geschätzt werden. Dabei kommt es zuallererst darauf an, auch aus den Nachbargebieten viele Jahre (Jahre sind immer Mangelfaktor!) sowie alle Typen einzubeziehen. Wenn dies gesichert ist, kann bei den Orten der Nachbargebiete u.U. eine gewisse Einschränkung auf die für das Zielgebiet relevanteren erwogen werden (Mindestzahl möglichst = 3).

Typ und Ort

Da **Typ**-Bezeichnungen wie LSV, WP1, EUSV, OV nicht länderübergreifend einheitlich und PIAF-konform vorliegen und um die Bildung von vieler Typen zu vermeiden, wird in dem Verfahren für ‚Typ‘ eine fortlaufende Nummerierung der Versuche, die in einem Jahr an einem Ort stattgefunden haben, vorgenommen. Damit ist ‚Typ‘ nur biostatistisch zur Blockung verwendbar, aber ungeeignet zur Identifikation eines Versuches.

Der im Model verwendete Faktor ‚**Ort**‘ muss im standortkundlichen Sinne definiert sein, andere logistische Zielstellungen (wie Adresse, Betrieb, Schlag etc.) müssen anderweitig verwaltet werden. Sonst werden die Varianzkomponenten nicht sachlich korrekt geschätzt und in Folge sind auch die Mittelwerte verzerrt.

Literatur

- Atkinson, A.C. 1985. Plots, Transformations and Regression. Oxford University Press, New York
- Beese, G., G. Barthelmes, G. Hartmann, U. Jentsch, V. Michel. 2005. Sortenprüfung jetzt effizienter. Bauernzeitung 46/21, 27-28
- Gilmour, A.R., B.R. Cullis, S.J. Welham, R. Thomson. 1999. ASREML Reference Manual. NSW Agriculture Biometrie Bulletin No.3. NSW Agriculture, Locked Bag 21, NSW, 2800, Australia, 210ff.
- Piepho, H.-P., V. Michel. 2001. Überlegungen zur regionalen Auswertung von Landessortenversuchen. Informatik, Biometrie und Epidemiologie in Medizin und Biologie 31/4, 123-139
- Michel, V., H.-P. Piepho. 2001. Ertragsauswertung der Sortenversuche in Mecklenburg-Vorpommern. Sommertagung der AG Landwirtschaftliches Versuchswesen der Biometrischen Gesellschaft
- Michel, V., 2003. Neuster methodischer Stand bei der Versuchsauswertung in Mecklenburg-Vorpommern. VII. Rapskolloquium, Schleswig-Holstein/Mecklenburg-Vorpommern
- Möhring, J., A. Büchse, H. Piepho, V. Michel, J. Rath, F. Laidig. 2004. Gesundsparen ohne Nachteile. DLG-Mitteilungen 6(2004)

- Möhring, J., A. BÜchse, H. Piepho. . 2005. Auswertung von landwirtschaftlichen Sortenversuchen mit PROC MIXED – Spagat zwischen Theorie und Praxis. SAS: Verbindung von Theorie und Praxis, Proceedings der 9. Konferenz der SAS-Anwender in Forschung und Entwicklung. 279-288
- Press W.H. 1989. Numerical recipes in Pascal. Cambridge University Press
- Roßber, D., Michel, V.,Graf, R.,Neukampf, R. 2006. Definition von Boden-Klima-Räumen für die Bundesrepublik Deutschland,. Nachrichtenblatt des Deutschen Pflanzenschutzdienstes. zur Zeit im Druck
- SAS Institute, Inc., *SAS/STAT User´s Guide, version 8*, Cary, NC, USA
- Zenk, A., J. Möhring,V. Michel. 2005. Einbindung neuer Methoden zur Routineauswertung von landwirtschaftlichen Versuchen mit Hilfe von SAS-Macros. SAS: Verbindung von Theorie und Praxis, Proceedings der 9. Konferenz der SAS-Anwender in Forschung und Entwicklung. 407-417

Berichte

- Bericht Prüfsystem Winterweizen 24.12.2003. doc
- Prüfsystem Winterweizen 19.03.04. doc
- Prüfsystem Winterweizen 24.08.04.doc
- Prüfsystem WW 24.08.04_Michel.doc